



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 2025/026**

**Région des Maritimes**

### **Étalonnage des navires de relevé au chalut de fond : réanalyse de l'expérience de pêche comparative menée entre le NGCC *Alfred Needler* et le NGCC *Teleost* sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy en 2005**

Yihao Yin<sup>1</sup>, Hugues Benoît<sup>2</sup> et Ryan Martin<sup>3</sup>

Pêches et Océans Canada

<sup>1</sup>Institut océanographique de Bedford

Pêches et Océans Canada

1, promenade Challenger

Dartmouth (Nouvelle-Écosse) B2Y 4A2

<sup>2</sup>Institut Maurice-Lamontagne

Pêches et Océans Canada

850, route de la Mer

Mont-Joli (Québec) G5H 3Z4

<sup>3</sup>Station biologique de St. Andrews Station biologique de St. Andrews

Pêches et Océans Canada

125, promenade Marine Science

St. Andrews (Nouveau-Brunswick) E5B 0E4

---

## 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  
<https://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs>  
[DFO.CSAS-SCAS.MPO@dfo-mpo.gc.ca](mailto:DFO.CSAS-SCAS.MPO@dfo-mpo.gc.ca)



© Sa Majesté le Roi du chef du Canada, représenté par le ministre du  
ministère des Pêches et des Océans, 2025

Ce rapport est publié sous la [Licence du gouvernement ouvert – Canada](#)

ISSN 2292-4272

ISBN 978-0-660-76844-1 N° de cat. Fs70-5/2025-026F-PDF

## La présente publication doit être citée comme suit :

Yin, Y., Benoît, H. et Martin, R. 2025. Étalonnage des navires de relevé au chalut de fond : réanalyse de l'expérience de pêche comparative menée entre le NGCC *Alfred Needler* et le NGCC *Teleost* sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy en 2005. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/026. iv + 171 p.

## Also available in English:

Yin, Y., Benoît, H., and Martin, R. 2025. Calibration of Bottom Trawl Survey Vessels: Re-analysis of Comparative Fishing Experiment Between the CCGS *Alfred Needler* and CCGS *Teleost* on the Scotian Shelf and Bay of Fundy in 2005. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2025/026. iv + 171 p.

---

---

## TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
1. INTRODUCTION .....	1
2. MÉTHODES.....	2
2.1. PÊCHE COMPARATIVE.....	2
1.1. Correction et validation des données.....	2
2.2. MODÈLES D'ANALYSE DE LA PÊCHE COMPARATIVE.....	3
2.1. Modèles binomiaux .....	3
2.2. Modèles bêta-binomiaux .....	5
2.3. Modèle de Tweedie pour les données sur la biomasse .....	6
2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles.....	7
2.5. Traitement des données avant l'analyse.....	9
2.6. Interprétation des résultats des analyses et application des facteurs de conversion.....	9
3. RÉSULTATS.....	11
3.1. VALIDATION DES CALÉES JUMELÉES .....	11
3.2. SOMMAIRE DES RÉSULTATS .....	11
3.3. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS.....	12
3.4. RÉSULTATS ET INTERPRÉTATIONS PAR TAXON .....	14
4.1. <i>Gadus morhua</i> .....	14
4.2. <i>Sebastes</i> sp. ....	14
4.3. <i>Leucoraja erinacea</i> , <i>Leucoraja ocellata</i> .....	14
4.4. <i>Chionoecetes opilio</i> .....	14
4.5. <i>Placopecten magellanicus</i> , <i>Chlamys islandica</i> .....	14
4. DISCUSSION.....	14
5. REMERCIEMENTS .....	15
6. REFERENCES CITED.....	15
7. TABLEAUX .....	18
8. FIGURES .....	38

---

## RÉSUMÉ

Les relevés au chalut de fond fournissent des données essentielles pour l'évaluation des stocks de poissons de fond et d'autres taxons, pour la surveillance des écosystèmes et l'établissement de rapports, ainsi que pour la recherche. Ils peuvent permettre de produire des indices annuels de l'abondance qui sont proportionnels à la taille du stock, à condition que la constante de proportionnalité, généralement appelée « capturabilité », ne change pas au fil du temps. Ce résultat est normalement obtenu en utilisant un plan et des procédures de relevé normalisés. Dans la région des Maritimes, Pêches et Océans Canada (MPO) a réalisé un relevé de l'écosystème au chalut de fond par navire de recherche sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy à l'aide du navire de la Garde côtière canadienne (NGCC) *Alfred Needler* de 1982 à 2023, mais le Ministère a dû recourir au NGCC *Teleost* en 2007, 2018, 2022 et 2023 en raison des réparations effectuées sur le NGCC *Alfred Needler*. Les deux navires suivaient le même protocole, mais certaines de leurs caractéristiques étaient différentes. Afin de tester les différences potentielles entre les capturabilités des navires pour un grand nombre de taxons d'intérêt, une expérience de pêche comparative a été menée à l'été 2005 entre les deux navires. Les données ont été analysées en 2009, mais les chercheurs et les évaluateurs de la région les ont finalement jugées non fiables pour la plupart des espèces. Après le remplacement du navire par les nouveaux NGCC *Captain Jacques Cartier* et NGCC *John Cabot*, une deuxième expérience de pêche comparative a été menée entre le NGCC *Teleost* et les nouveaux navires. On souhaitait de plus en plus examiner les deux expériences et réanalyser la première, afin de pouvoir maintenir et intégrer uniformément les séries chronologiques de données sur les prises des relevés réalisés au cours des quatre dernières décennies à l'aide de quatre navires différents. Dans ce document, nous décrivons brièvement l'expérience de 2005 et les données ainsi obtenues, suivies des analyses détaillées de 60 taxons de poissons et d'invertébrés échantillonnés régulièrement pendant le relevé pour lesquels l'expérience avait produit suffisamment de données. Des recommandations pour l'étalonnage des nombres de prises par les navires reposant sur les résultats des analyses ont été fournies pour ces taxons : huit taxons avaient des facteurs de conversion dépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur, cinq taxons avaient des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur, quatre taxons avaient des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse avec regroupement par longueur, et l'étalonnage de 36 taxons n'a pas été jugé nécessaire. Les résultats ont également produit les résultats de l'analyse avec regroupement par longueur des poids des prises pour compléter l'analyse avec regroupement par longueur des nombres de prises pour 19 taxons.



---

## 1. INTRODUCTION

Dans le monde entier, les relevés au chalut de fond fournissent des données clés pour l'évaluation des stocks de poissons de fond et de certains stocks de mollusques et crustacés. Ils peuvent permettre de produire des indices annuels de l'abondance qui sont proportionnels à la taille du stock, à condition que la constante de proportionnalité, souvent appelée « capturabilité », ne change pas au fil du temps. Si cette cohérence n'est pas assurée par un plan et une normalisation adéquats de l'échantillonnage, on risque de confondre les changements de l'abondance avec les variations de la capturabilité. Il est essentiel de maintenir la cohérence des protocoles de relevé, ainsi que des navires hydrographiques et des engins, pour préserver une capturabilité constante. Périodiquement, il devient cependant nécessaire ou souhaitable de modifier un ou plusieurs de ces aspects, et des expériences d'étalonnage sont requises pour estimer les ajustements à apporter aux variations éventuelles de la capturabilité. La forme la plus courante et la plus efficace de ces expériences est la pêche comparative, qui comporte habituellement le chalutage jumelé par les anciens navires/engins/protocoles et les nouveaux, aussi près l'un de l'autre que la sécurité le permet. Ce plan minimise la différence entre les densités des populations de poissons échantillonnées par les chaluts, de sorte que les différences entre les prises sur les répétitions de l'échantillonnage par les chaluts jumelés reflètent la différence de capturabilité.

De 1982 à 2003, le relevé estival de l'écosystème par navire de recherche de la région des Maritimes (le « relevé estival par navire de recherche » dans le reste du document) sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy (figure 1) a été réalisé uniquement à l'aide du navire de la Garde côtière canadienne (NGCC) *Alfred Needler* (« le *Needler* » dans le reste du document). En 2003, le *Needler* a été gravement endommagé par un incendie en mer et les réparations n'ont pas été terminées à temps pour le relevé estival par navire de recherche de 2004. Le relevé de 2004 a donc été effectué par le NGCC *Teleost* (« le *Teleost* » dans le reste du document), un autre chalutier à pêche arrière qui utilisait les mêmes engins et protocoles que le *Needler*. Le *Teleost* a dû effectuer le relevé estival par navire de recherche en 2007, 2018, 2022 et 2023 en raison de l'indisponibilité du *Needler*. Comparativement au *Needler*, le *Teleost* était plus grand (longueur : 63 m contre 50 m; largeur : 14,2 m contre 11 m; tirant d'eau : 7,2 m contre 4,9 m; jauge brute : 2 405 t contre 960 t) et était équipé d'un système de chalut automatique dans lequel la géométrie du chalut est ajustée dynamiquement pendant un trait pour maintenir le chalut à angle droit par rapport à la trajectoire de remorquage. Une expérience de pêche comparative entre le *Needler* et le *Teleost* a été menée à l'été 2005 afin de quantifier les capturabilités relatives des espèces entre les deux navires et ainsi de tester la différence d'efficacité de capture entre les deux navires et de maintenir l'uniformité des indices annuels de l'abondance des stocks de poissons de fond et autres taxons importants. Les résultats de ces analyses sont présentés dans Fowler et Showell (2009), et des analyses similaires ont été menées par Benoît (2006) pour des expériences de pêche comparative entre les mêmes navires dans le sud du golfe du Saint-Laurent. La comparaison des résultats des deux études a révélé plusieurs incohérences et des résultats divergents. Dans ces circonstances et compte tenu du fait qu'aucun changement permanent de navire principal n'était prévu à l'époque, les facteurs de conversion estimés par Fowler et Showell (2009) ont été largement ignorés par les chercheurs et les évaluateurs de la région. On a alors décidé d'utiliser les données non converties jusqu'à ce qu'une analyse et un examen plus approfondis soient effectués (surtout compte tenu des protocoles similaires et des mêmes engins utilisés). Les données de relevé recueillies par le *Teleost* ont ainsi été considérées comme comparables aux séries chronologiques historiques du *Needler* lorsqu'elles sont incluses dans les évaluations et les analyses des stocks.

---

En 2019, le NGCC *Captain Jacques Cartier* (« le *Cartier* » dans le reste du document ») et le NGCC *John Cabot* (« le *Cabot* » dans le reste du document »), de nouveaux navires hauturiers de sciences halieutiques (NHS) et des navires jumeaux de conception égale, ont été mis en service dans la flotte de la Garde côtière canadienne. Comme le *Needler* devait être mis hors service, une expérience de pêche comparative entre le *Needler* et le *Cartier* était prévue à l'été 2021 sur le plateau néo-écossais. Cependant, le *Needler* a connu des problèmes mécaniques au début du relevé et n'était pas disponible pour la pêche comparative, de sorte que le relevé estival par navire de recherche de 2021 n'a été effectué que partiellement par le *Cartier* seul. À l'été 2022, le *Needler* et le *Cartier* n'étaient pas disponibles pour la pêche comparative, et en février 2023, le *Needler* a été officiellement mis hors service. En l'absence du *Needler*, c'est le *Teleost* qui a effectué le relevé estival par navire de recherche en 2022 et 2023, tout en procédant à des pêches comparatives avec le *Cabot* (2022) et le *Cartier* (2023). Afin de maintenir la continuité de la série chronologique du relevé estival par navire de recherche, on a analysé les données de la pêche comparative de 2022 et 2023 (Yin *et al.* 2023). Cependant, afin de relier de manière appropriée les données de relevé historiques recueillies par le *Needler* aux étalonnages estimés entre le *Teleost* et les navires hauturiers de sciences halieutiques, Yin et ses collaborateurs (2023) ont réexaminé et analysé les données de la pêche comparative de 2005 selon les mêmes méthodes.

Dans ce document, nous décrivons brièvement les méthodes utilisées pour le traitement, la validation et, par la suite, l'analyse des données de la pêche comparative. Les régions du Golfe, du Québec, de Terre-Neuve et des Maritimes ont appliqué ces méthodes pour analyser les expériences de pêche comparative actuelles de 2021 à 2023 (Benoît *et al.* 2024 pour la région du Québec dans le nord du golfe du Saint-Laurent, Benoît et Yin 2023 pour la région du Golfe dans le sud du golfe du Saint-Laurent, et Trueman *et al.* 2025 pour la région de Terre-Neuve). Les méthodes de validation des calées de pêche comparative jumelées sont détaillées dans Ricard *et al.* 2023. Les méthodes employées pour analyser les calées jumelées comprennent des modèles statistiques contemporains utilisés précédemment dans des analyses approfondies de pêche comparative dans l'est des États-Unis (Miller *et al.* 2010; Miller 2013) et appliqués récemment à des analyses de données sur la pêche comparative passée pour certains stocks du golfe du Saint-Laurent (Yin et Benoît 2022a; Benoît *et al.* 2022). Ces modèles ont été largement testés dans une étude de simulation et ont été confirmés comme adaptés aux analyses (Yin et Benoît 2022b). Étant donné que les navires suivaient les mêmes protocoles, à l'exception de l'utilisation d'un chalut automatique par le *Teleost*, et utilisaient les mêmes engins de pêche, cette expérience de pêche comparative ne devrait pas produire de différence importante de capturabilité. Néanmoins, la nouvelle analyse peut donner confiance dans la cohérence des indices de relevé, puisque les séries chronologiques ont combiné plusieurs navires au cours des quatre dernières décennies.

## 2. MÉTHODES

### 2.1. PÊCHE COMPARATIVE

#### 2.1.1. Correction et validation des données

La pêche comparative entre le *Teleost* et le *Needler* a eu lieu entre le 1<sup>er</sup> et le 26 juillet 2005. En tout, 170 calées de pêche comparative ont été effectuées, couvrant les divisions 4VWX5Y de l'Organisation des pêches de l'Atlantique Nord-Ouest (OPANO; tableaux 1 et 2, figure 2). De plus amples détails sur les données de la pêche comparative figurent dans le rapport d'analyse précédent (Fowler et Showell 2009).

Après avoir examiné les données de la pêche comparative de 2005, il a été déterminé, et confirmé depuis par le scientifique en chef de l'époque, que le *Teleost* utilisait des planches de mesure sans décalage, ce qui a donné des mesures de longueur d'environ 1 cm plus grandes que prévu. La raison réside dans la façon dont la longueur est enregistrée. Selon les protocoles normaux, les spécimens sont mesurés sur une planche décalée de 0,5 cm par rapport au haut de la planche et la longueur enregistrée est le premier centimètre entier visible après la queue. Ainsi, une longueur de 30 cm comprend, autant que l'on peut en juger visuellement, tous les poissons mesurant entre 29,5 et 30,5 cm. On pense que des planches de mesure sans décalage étaient utilisées sur le *Teleost* et que la pratique d'enregistrer le premier centimètre entier visible après la queue était suivie. Cette pratique ajouterait environ 1 cm à la longueur d'un spécimen par rapport aux protocoles normaux; c'est pourquoi on a décidé d'ajuster de 1 cm les longueurs de toutes les espèces qui auraient été mesurées sur une planche sans décalage (c.-à-d. toutes les espèces de poissons et de calamars) pendant les missions du *Teleost* de l'été 2005.

Afin de déterminer la validité des calées de pêche comparative, un examen plus approfondi des données sur cette pêche a été effectué en fonction d'un certain nombre de critères énumérés ci-après (voir plus de détails sur les méthodes et les critères de validation des calées dans Ricard *et al.* 2023) :

1. Différence de synchronisation entre les calées d'une paire : la différence de synchronisation a été calculée comme la différence entre les heures de début des deux traits jumelés.
2. Distance entre les navires : les emplacements de départ et d'arrivée ont été enregistrés pour chaque trait; en supposant que les navires suivaient une ligne droite pour chaque trait, la distance minimale et maximale a été calculée comme la distance minimale ou maximale entre les deux trajectoires.
3. Différences de profondeur entre les calées : les profondeurs ont été enregistrées au début et à la fin de chaque trait et les différences entre les profondeurs de départ et de fin ont été calculées; la profondeur moyenne a été calculée et supposée être la profondeur du trait et la différence entre les calées d'une paire a été calculée.
4. Côté du navire : le côté sur lequel le *Teleost* pêchait dans chaque paire de calées a été déterminé selon la méthode décrite dans Ricard *et al.* 2023 et validé avec les notes des capitaines; la séquence des côtés a été déterminée en fonction des dates et son caractère statistiquement aléatoire a été vérifié à l'aide d'un test de Wald-Wolfowitz (Wald et Wolfowitz 1940, Wu et Zhao 2013).
5. Durée des traits : la durée des traits a été examinée et un écart important par rapport aux protocoles propres au navire a été relevé.

## 2.2. MODÈLES D'ANALYSE DE LA PÊCHE COMPARATIVE

### 2.2.1. Modèles binomiaux

Dans l'analyse des données de chaque expérience de pêche comparative, l'objectif est d'estimer l'efficacité de capture relative entre une paire de combinaisons navire-engin (appelées « navire » dans cette section pour plus de simplicité). La prise prévue du navire  $v$  ( $v \in \{A, B\}$ ) pour la longueur  $l$  et à la station  $i$  est présumée comme suit :

$$E[C_{vi}(l)] = q_{vi}(l)D_{vi}(l)f_{vi}$$

où  $q_{vi}(l)$  est la capturabilité du navire  $v$  à la station,  $D_{vi}$  est la densité de population sous-jacente échantillonnée par le navire  $v$ , et  $f_{vi}$  est un terme de normalisation qui inclut

généralement la superficie balayée par un trait et, le cas échéant, la proportion de sous-échantillonnage pour la mesure de la taille à bord. Dans un modèle binomial (p. ex. Miller 2013), les prises par le navire  $A$  à la station  $i$ , conditionnées par les prises combinées des deux navires à cette station,  $C_i(I) = C_{Ai}(I) + C_{Bi}(I)$ , ont une distribution binomiale :

$$C_{Ai}(I) \sim BI(C_i(I), p_{Ai}(I))$$

où  $p_{Ai}(I)$  est la proportion attendue des prises par le navire  $A$ . Les traits d'une paire sont généralement supposés pêcher les mêmes densités sous-jacentes à la station, étant donné que les navires de la paire pêchent normalement à une faible distance l'un de l'autre :  $D_{Ai}(I) = D_{Bi}(I) = D_i(I)$ . La probabilité logit des prises par le navire  $A$  est alors

$$\text{logit}(p_{Ai}(I)) = \log\left(\frac{E[C_{Ai}(I)]}{E[C_{Bi}(I)]}\right) = \log(\rho_i(I)) + o_i$$

où  $\rho_i(I)$  est le rapport des capturabilités entre les navires  $A$  et  $B$  à la longueur  $l$  et à la station  $i$ , ou le facteur de conversion, la quantité d'intérêt :

$$\rho_i(I) = q_{Ai}(I)/q_{Bi}(I)$$

et  $o_i = \log(f_{Ai}/f_{Bi})$  est une variable dérivée des termes de normalisation connus pour la longueur du trait par rapport aux longueurs de trait standard et pour le sous-échantillonnage.

Pour un facteur de conversion fondé sur la longueur, nous présumons un effet de longueur de lissage d'après une fonction de lissage additif généralisé :

$$\log(\rho(I)) = \sum_{k=0}^K \beta_k X_k(I) = \mathbf{X}^T \boldsymbol{\beta},$$

où les valeurs  $\boldsymbol{\beta}$  sont les paramètres des coefficients et sont estimées,  $\mathbf{X}$  ou  $\{X_k(I) \mid k = 0, 1, \dots, K\}$ , est un ensemble de fonctions de base de lissage, et  $K$  est la dimension de la base qui contrôle le nombre de paramètres des coefficients et est généralement prédéfinie. Ici, un lissage par spline cubique a été utilisé (Hastie *et al.* 2009), avec les fonctions de base et les matrices de pénalité générées par le progiciel mgcv for R en R (Wood 2011; R core team 2021).

L'estimation d'un lissage par spline cubique est basée sur l'objectif de lissage de la somme pénalisée des carrés, mais en pratique, celui-ci est généralement remplacé par un objectif de vraisemblance pénalisée (Green et Silverman 1993) :

$$\mathcal{L}(\boldsymbol{\beta}, \lambda) = f(\mathbf{Y}|\mathbf{X}, \boldsymbol{\beta}) e^{-\frac{\lambda}{2} \boldsymbol{\beta}^T \mathbf{S} \boldsymbol{\beta}}$$

$\mathcal{L}$  désigne la fonction d'objectif de vraisemblance.  $f(\mathbf{Y}|\mathbf{X}, \boldsymbol{\beta})$  est la fonction de probabilité conjointe des données des relevés  $\mathbf{Y}$  conditionnée par les fonctions de base et les paramètres des coefficients.  $\mathbf{S}$  est la matrice de pénalité définie par le lissage et la dimension de la base, et  $\lambda$  est le paramètre de lissage. Ce dernier est estimé par le maximum de vraisemblance avec d'autres paramètres du modèle, mais il peut être sensible aux données. Dans ce cas, il peut être déterminé par d'autres critères tels que la validation croisée généralisée (Wood 2000).

On peut aussi reparamétriser le lissage du maximum de vraisemblance pénalisée en un modèle à effets mixtes (Verbyla *et al.* 1999; Wood 2017) pour faciliter la mise en œuvre et l'incorporation d'effets aléatoires supplémentaires :

$$\log(\rho_i(I)) = \mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b}$$

où  $\boldsymbol{\beta}_f$  sont des effets fixes et  $\mathbf{b}$ , des effets aléatoires.  $\mathbf{X}_f$  et  $\mathbf{X}_r$  sont des transformées des fonctions de base  $\mathbf{X}$  et d'une décomposition propre de la matrice de pénalité  $\mathbf{S}$ ,  $\mathbf{X}_f = \mathbf{U}_f^T \mathbf{X}$  et

$\mathbf{X}_r = \mathbf{U}_r^T \mathbf{X}$ , où  $\mathbf{U}_f$  et  $\mathbf{U}_r$  sont les vecteurs propres qui correspondent aux valeurs propres nulle et positive de  $\mathbf{S}$ . Les effets aléatoires sont  $b \sim N(0 \mathbf{D}_+^{-1}/\lambda)$ , où  $\mathbf{D}_+$  est la matrice diagonale des valeurs propres positives de  $\mathbf{S}$ . Dans la représentation par le modèle à effets mixtes du lissage par spline cubique, le nombre d'effets fixes est de 2 et le nombre d'effets aléatoires est limité par  $K - 2$ . Les effets du lissage sont transformés en réduction des effets aléatoires dans l'ajustement des écarts aléatoires et peuvent être intégrés dans des modèles complexes à effets mixtes couramment utilisés en sciences halieutiques (Thorson et Minto 2015).

Des effets aléatoires supplémentaires peuvent être incorporés dans le modèle à effets mixtes pour tenir compte des variations de l'efficacité de capture relative pour chaque station,

$$\log(\rho_i(I)) = \mathbf{X}_f^T(\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T(\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i)$$

où  $\boldsymbol{\delta}_i \sim N(\mathbf{0} \boldsymbol{\Sigma})$  et  $\boldsymbol{\epsilon}_i \sim N(\mathbf{0} \mathbf{D}_+^{-1}/\xi)$ . À partir d'un nouveau paramétrage analogue de la fonction spline cubique lisse, ces effets aléatoires permettent des déviations de la conversion basée sur la longueur à chaque station.  $\boldsymbol{\Sigma}$  représente la matrice de covariance des effets aléatoires correspondant aux déviations aléatoires et contient trois paramètres.  $\xi$  contrôle le degré de lissage des lissages aléatoires et le lissage de chaque station peut différer.

Voici un résumé du modèle mixte binomial ci-dessus :

$$\begin{aligned} C_i(I) &= C_{Ai}(I) + C_{Bi}(I) \\ C_{Ai}(I) &\sim BI(C_i(I), p_{Ai}(I)) \\ \text{logit}(p_{Ai}(I)) &= \log(\rho_i(I)) + o_i \\ \log(\rho_i(I)) &= \mathbf{X}_f^T(\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T(\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i) \end{aligned}$$

Le modèle est estimé par le maximum de vraisemblance et la vraisemblance marginale intégrant les effets aléatoires est exprimée comme suit :

$$\mathcal{L}(\boldsymbol{\beta}_f, \boldsymbol{\Sigma}, \lambda, \xi) = \int \left( \prod_{I=1}^m \int \int f(\mathbf{Y}_i | \mathbf{X}_f, \mathbf{X}_r, \boldsymbol{\beta}_f, \mathbf{b}, \boldsymbol{\delta}_i, \boldsymbol{\epsilon}_i) f(\boldsymbol{\delta}_i | \boldsymbol{\Sigma}) f(\boldsymbol{\epsilon}_i | \xi) d\boldsymbol{\delta}_i d\boldsymbol{\epsilon}_i \right) f(\mathbf{b} | \lambda) d\mathbf{b}$$

Le modèle mixte binomial peut être adapté pour diverses hypothèses sur le lissage et la variation potentielle de la station afin de tenir compte de la densité sous-jacente différente d'une espèce et des limitations des données, en particulier pour les mesures de longueur. Un ensemble de modèles binomiaux considérés dans les présentes analyses est fourni dans le tableau 3.

## 2.2.2. Modèles bêta-binomiaux

L'hypothèse binomiale concernant les prises peut être étendue à une distribution bêta-binomiale pour expliquer la surdispersion aux stations (Miller 2013) :

$$C_{A,i}(I) \sim BB(C_i(I), p_{A,i}(I), \phi_i(I))$$

La distribution bêta-binomiale est un composé de la distribution binomiale et d'une distribution bêta. Plus précisément, elle suppose un effet aléatoire à distribution bêta dans la proportion attendue de prises par le navire  $A$  entre les stations. Par conséquent, la variance des prises prévues par le navire  $A$  est de

$$\text{var}(C_{A,i}) = C_i p_i (1 - p_i) \frac{\phi_i + C_i}{\phi_i + 1}$$

où  $\phi$  est le paramètre de surdispersion qui représente la variation extra-binomiale.

On peut appliquer le même effet de longueur de lissage au paramètre de surdispersion,

$$\log(\phi_i(I)) = \mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}_r^T \mathbf{g}$$

où  $\boldsymbol{\gamma}$  sont des effets fixes et  $\mathbf{g}$ , des effets aléatoires,  $\mathbf{g} \sim N(0 \mathbf{D}_+^{-1}/\tau)$ . Cet effet de longueur modélise l'hétérogénéité de la variance et est particulièrement utile pour projeter l'incertitude sur des longueurs mal échantillonnées. Cependant, l'estimation d'un paramètre de variance fondé sur la longueur nécessite généralement des données suffisantes sur les prises selon la longueur, qui ne sont habituellement pas disponibles pour les espèces moins abondantes.

Voici un résumé du modèle mixte bêta-binomial :

$$\begin{aligned} C_i(I) &= C_{Ai}(I) + C_{Bi}(I) \\ C_{Ai}(I) &\sim BB(C_i(I), p_{Ai}(I), \phi_i(I)) \\ \text{logit}(p_{Ai}(I)) &= \log(\rho_i(I)) + o_i \\ \log(\rho_i(I)) &= \mathbf{X}_f^T (\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T (\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i) \\ \log(\phi_i(I)) &= \mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}_r^T \mathbf{g} \end{aligned}$$

La vraisemblance marginale est exprimée par

$$\begin{aligned} &\mathcal{L}(\boldsymbol{\beta}_f, \boldsymbol{\gamma}, \boldsymbol{\Sigma}, \lambda, \xi, \tau) \\ &= \int \int \left( \prod_{I=1}^m \int \int f(\mathbf{Y}_i | \mathbf{X}_f, \mathbf{X}_r, \boldsymbol{\beta}_f, \mathbf{b}, \boldsymbol{\gamma}, \mathbf{g}, \boldsymbol{\delta}_i, \boldsymbol{\epsilon}_i) f(\boldsymbol{\delta}_i | \boldsymbol{\Sigma}) f(\boldsymbol{\epsilon}_i | \xi) d\boldsymbol{\delta}_i d\boldsymbol{\epsilon}_i \right) f(\mathbf{b} | \lambda) f(\mathbf{g} | \tau) d\mathbf{b} d\mathbf{g} \end{aligned}$$

De même, on peut appliquer diverses hypothèses de lissage au paramètre de variance. Le tableau 4 présente un ensemble de modèles mixtes bêta-binomiaux.

### 2.2.3. Modèle de Tweedie pour les données sur la biomasse

Les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sont appropriés pour les données constituées de nombres de prises, mais pas pour le poids ou la biomasse des prises. Les indices de la biomasse sont régulièrement dérivés des données de relevé pour surveiller les tendances de la population. Pour les taxons mesurés, la manière la plus fiable pour obtenir les valeurs de la biomasse ajustées en fonction de la variation de la capturabilité relative consiste à appliquer les résultats des analyses décrites ci-dessus aux nombres de prises propres à la longueur et à utiliser une conversion longueur-poids. Cependant, les mesures individuelles ne sont pas prises pour de nombreux taxons d'invertébrés et n'ont pas été effectuées certaines années ou pour certains traits de relevé pour un grand nombre des taxons restants. Il a donc fallu estimer les capturabilités relatives pour les poids des prises avec regroupement par taille pour tous les taxons.

L'analyse des poids des prises nécessitait une distribution de probabilité avec une masse à zéro, mais qui est par ailleurs continue et peut prendre en compte une certaine surdispersion dans les poids des prises. Contrairement aux modèles pour les nombres de prises, il n'a pas été possible de conditionner les estimations du modèle à la prise totale. Nous avons utilisé le modèle suivant, qui présumait une erreur à distribution de Tweedie (TW) :

$$\begin{aligned} W_{i,v} &\sim TW(\mu_{i,v}, \varphi, \rho) \\ E[W_{i,v}] &= \mu_{i,v} = \exp(v + S_i + o_{i,v}) \\ \varepsilon_{i,v} &\sim TW(0, \text{Var}[W_{i,v}]) \end{aligned}$$

$$Var[Y_{i,v}] = \varphi(\mu_{i,v})^\tau$$

où  $W_{i,v}$  est le poids des prises à la station  $i$  par le navire  $v$ ,  $\mu_{i,v}$  est le poids attendu des prises à la station  $i$  pour le navire  $v$ ,  $\varphi$  est le paramètre de dispersion de la distribution de Tweedie,  $\tau$  est un paramètre de puissance, limité à l'intervalle  $1 < \tau < 2$  (Dunn et Smyth 2005),  $v$  est l'effet fixe du navire, où  $\exp(v) = \rho$ ,  $S_i$  est un effet aléatoire qui tient compte de la biomasse à la station  $i$  et  $o_{i,v}$  est la variable. Contrairement au modèle des nombres de prises dans lequel la variable était le logarithme du rapport des efforts d'échantillonnage (distance de remorquage et fraction de l'échantillonnage des captures), la variable dans le modèle de Tweedie est le logarithme de l'effort d'échantillonnage à la station  $i$  pour le navire  $v$ , par rapport à l'effort standard pour ce navire.

Nous avons d'abord étudié une version du modèle dans laquelle l'effet de la station était traité comme un effet aléatoire de la forme suivante :

$$E[W_{i,v}] = \mu_{i,v} = \exp(v + \delta_i + o_{i,v})$$

$$\delta_i \sim N(0, \sigma^2)$$

Cependant, la distribution normale présumée pour l'effet aléatoire dans le prédicteur linéaire s'est avérée inappropriée.

#### 2.2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles

Les modèles binomiaux et bêta-binomiaux des tableaux 3 et 4 pour les analyses des prises sans regroupement par longueur ont été mis en œuvre à l'aide du progiciel Template Model Builder (TMB) (Kristensen *et al.* 2016). TMB utilise l'approximation de Laplace pour intégrer la log-vraisemblance négative commune (nll) sur les effets aléatoires afin de calculer la log-vraisemblance négative marginale (mnl). L'optimisation de la log-vraisemblance négative marginale est ensuite entreprise dans R à l'aide de la fonction *nllminb()*. Les fonctions de base pour la spline de lissage cubique et les matrices de pénalité correspondantes ont été générées à l'aide du progiciel mgcv en R (Wood 2011) sur la base de 10 nœuds équidistants ( $K = 9$ ) dans la gamme de longueurs spécifiée au préalable en fonction de la gamme de longueurs observée propre à chaque taxon. TMB calcule automatiquement une erreur type pour l'estimation du maximum de vraisemblance du facteur de conversion par la méthode delta (Kristensen *et al.* 2016).

Des analyses ont également été effectuées pour les nombres de prises avec regroupement par longueur, pour les taxons ou les cas où des facteurs de conversion avec regroupement par longueur sont nécessaires. Contrairement aux analyses décrites ci-dessus qui considèrent les prises d'un taxon à une station et dans une classe de longueur comme les données de base, ces analyses avec regroupement par longueur modélisent les nombres totaux de prises à chaque station. Dans un souci de simplicité, ces analyses ont été mises en œuvre à l'aide de la fonction *glmmTMB* du progiciel homonyme en R (Brooks *et al.* 2017). Les modèles B10, B11, BB0 et BB1 (tableaux 2 et 3) ont été ajustés en spécifiant *family = binomial(link = "logit")* ou *family = betabinomial(link = "logit")*, selon le cas. Il convient de noter que les estimations du facteur de conversion pour ces quatre modèles, obtenues à partir des analyses sans regroupement par longueur, diffèrent probablement de celles obtenues à partir des analyses avec regroupement par longueur lorsqu'il existe des effets dépendants de la longueur sous-jacents sur la capturabilité relative entre les deux navires.

Des analyses des poids des prises ont également été réalisées à l'aide de la fonction *glmmTMB*. L'option *family = tweedie* a été spécifiée.

---

Les modèles sans regroupement par longueur n'ont été ajustés que pour les taxons pour lesquels il existait des données pour : (1) au moins 10 paires de calées pertinentes (c.-à-d. lorsque chaque navire de la paire avait au moins une prise), (2) au moins 30 prises par chaque navire et (3) une gamme de longueurs observée d'au moins 10 cm (ou mm selon l'unité de mesure utilisée dans le dossier). Des modèles avec regroupement par longueur ont été ajustés pour les taxons pour lesquels on disposait de données pour (1) au moins 5 paires de calées pertinentes et (2) au moins 15 prises par chaque navire. Ces critères ont été utilisés comme exigences minimales pour établir une liste de taxons à analyser et un examen plus approfondi des résultats n'a pas débouché sur des recommandations scientifiques pour certains taxons. Il convient de noter que ces critères ont été mis à jour pour cette étude et sont donc légèrement différents des analyses dans d'autres régions (Benoît *et al.* 2024 pour la région du Québec dans le nord du golfe du Saint-Laurent, Benoît et Yin 2023 pour la région du Golfe dans le sud du golfe du Saint-Laurent et Trueman *et al.* 2023 pour la région de Terre-Neuve). Le tableau 5 énumère tous les taxons pris en compte pour les analyses fondées sur des modèles.

De plus, un estimateur de ratio (c.-à-d. le ratio d'échantillons entre les prises totales de navires jumelés) a été calculé et présenté pour les taxons pour lesquels il y avait des données pour au moins 5 paires de calées pertinentes. L'estimateur de ratio peut servir de référence pour la comparaison avec les facteurs de conversion estimés par le modèle. Cependant, ce ratio d'échantillons n'a pas été recommandé pour l'étalonnage des navires et, de ce fait, son intervalle de confiance (IC) n'a pas été fourni. Bien que ces seuils soient quelque peu arbitraires, ils sont raisonnables compte tenu de la complexité des modèles (nombre de paramètres fixes et aléatoires estimés) et du nombre total de taxons, et sont conformes aux exigences de taille minimale de l'échantillon qui ressortent de l'étude de simulation de Yin et Benoît (2022b). Le tableau 5 récapitule les données pour illustrer la taille des échantillons disponibles pour chaque taxon. Le tableau 6 présente un résumé des répartitions spatiales et des niveaux de population de tous les taxons rencontrés durant l'expérience de pêche comparative.

Il y avait au total 13 modèles possibles de prises sans regroupement par longueur pour estimer les facteurs de conversion, bien que la convergence n'ait pu être atteinte pour aucun des taxons pour le modèle le plus complexe, BB7. Il y avait quatre modèles possibles pour les nombres de prises avec regroupement par longueur. Le meilleur modèle pour chaque ensemble d'analyses a été sélectionné selon le critère d'information de Bayes (CIB) afin de maximiser l'ajustement du modèle, tout en évitant l'ajustement excessif de modèles plus compliqués, en particulier dans les cas sans données adéquates. Nous avons également examiné les valeurs pour le critère d'information d'Akaike (CIA), qui tend à sélectionner des modèles légèrement plus complexes que le CIB. Dans les présentes applications, le critère d'information d'Akaike a largement confirmé les décisions fondées sur le CIB.

Dans chaque analyse sans regroupement par longueur, on a comparé les estimations de la fonction  $\mu$  (proportion attendue dépendante de la longueur des prises par le navire  $A$ ) par tous les modèles convergents aux proportions de l'échantillon (regroupées par station et moyennées pour chaque longueur) afin de fournir une interprétation plus rigoureuse des résultats. L'estimation  $\rho(l)$  (efficacité de capture relative attendue ou fonction de facteur de conversion) et l'intervalle de confiance à 95 % (IC à 95 %) approximatif correspondant du meilleur modèle sont ensuite indiqués pour la gamme de longueurs contenue dans les données d'entrée. Les quantiles des résidus normalisés du modèle (Dunn et Smyth 1996) ont été produits et tracés à l'aide de diagrammes en boîte en fonction de la longueur et de la station de relevé afin d'évaluer visuellement l'adéquation de l'ajustement du modèle. Enfin, nous avons tracé les résidus du modèle en fonction de la profondeur et de l'heure à laquelle une station a été



---

pêchée, deux facteurs connus pour influencer la capturabilité (p. ex. Benoît et Swain 2003), afin d'évaluer si ces effets pouvaient interagir avec l'effet du navire étudié.

L'ajustement des analyses avec regroupement des prises pour les nombres et les poids a été évalué en traçant le facteur de conversion et l'intervalle de confiance à 95 % approximatif correspondant dans les diagrammes de double projection de la prise d'un navire par rapport à l'autre. En outre, nous avons examiné les quantiles des résidus mis à l'échelle obtenus à l'aide du progiciel DHARMA en R (Hartig 2021). Contrairement aux quantiles des résidus normalisés utilisés dans les analyses sans regroupement par longueur ci-dessus, qui ont une distribution gaussienne attendue lorsque l'ajustement du modèle est adéquat, les quantiles des résidus dans DHARMA ont une distribution uniforme attendue. Ce choix a été dicté en partie par le fait qu'il était plus facile d'examiner les résidus à l'aide de diagrammes en boîte dans le premier cas, qui comporte davantage de valeurs résiduelles. Les résidus des analyses avec regroupement par prise ont été examinés pour vérifier l'uniformité et une éventuelle surdispersion, et ont été tracés en fonction des valeurs ajustées, de la profondeur de la station et de l'heure. L'évaluation des résidus dans les analyses avec regroupement par taille s'est limitée à une inspection visuelle.

### **2.2.5. Traitement des données avant l'analyse**

Les données relatives à certains taxons ont été regroupées avant l'analyse en raison d'incohérences perçues dans l'identification pendant les relevés ou de la petite taille des échantillons parmi les taxons apparentés et morphologiquement similaires. Les individus de *Gadus sp.* (code 251) mesurant 20 cm ou moins sont traités séparément pendant l'échantillonnage de la prise du fait des difficultés à différencier *G. morhua* et *G. ogac* à ces tailles sur le terrain. Normalement, les échantillons sont ramenés au laboratoire pour être identifiés; toutefois, cette identification en laboratoire n'était pas disponible à temps pour les analyses des données sur la pêche comparative. Compte tenu de la prévalence relative de la morue franche dans l'écosystème, du fait que les prises confirmées de *G. ogac* n'étaient pas suffisamment fréquentes pour être incluses dans les analyses et de l'hypothèse selon laquelle la capturabilité des petites espèces *Gadus sp* devrait être la même que celle des individus de même taille de l'espèce en question, nous avons combiné ces données avec les prises de *G. morhua*. Ce regroupement taxonomique et les autres sont décrits dans le tableau 7.

Dans un très petit nombre de cas, la capture d'un ou deux individus aux longueurs les plus petites ou les plus grandes a eu une influence excessive sur la forme de la fonction du facteur de conversion dépendant de la longueur à ces longueurs et autour de celles-ci. Cela résulte de la flexibilité inhérente aux fonctions splines cubiques et constitue un problème connu pour ces modèles (Cadigan *et al.* 2022). Bien que Cadigan et ses collaborateurs (2022) présentent une approche de rechange et probablement plus solide, elle n'est applicable qu'aux fonctions monotones de la capturabilité relative dépendante de la longueur et ne convenait pas pour les résultats de cette pêche comparative où des fonctions plus complexes, non monotones, étaient prédominantes. Nous avons plutôt exclu de l'analyse les prises pour ces longueurs extrêmes. Ces cas sont résumés dans le tableau 8.

### **2.2.6. Interprétation des résultats des analyses et application des facteurs de conversion**

Bien que nous ayons recouru à la sélection automatique du modèle par le critère d'information de Bayes dans les analyses, les résultats ont été examinés complètement et scrupuleusement. Pour un petit nombre de taxons, le meilleur modèle choisi par le CIB a été rejeté et les analyses ont été déclassées de modèles sans regroupement par longueur à des modèles avec regroupement par longueur (c.-à-d. qu'on a recommencé les analyses à l'aide de modèles plus

---

simples). Les données ou les résultats pour ces taxons n'étaient pas suffisants pour appuyer la dépendance à la longueur dans les facteurs de conversion, même s'il était possible d'ajuster les modèles. De même, pour un petit nombre de taxons dont les facteurs de conversion estimés sont irréalistes ( $<0,05$  ou  $>20$ , c.-à-d. une différence de plus de 20 fois entre les navires), les modèles sans regroupement par longueur ont été rejetés et aucun facteur de conversion n'a pu être estimé ou recommandé de manière fiable. Ces cas résultent généralement d'un manque de données efficaces pour les analyses, en particulier lorsqu'un navire a enregistré des prises principalement nulles par rapport à l'autre navire. Pour ces taxons, l'expérience n'a tout simplement pas produit des données significatives pour en dériver une efficacité de capture relative crédible entre les navires. Les taxons pour lesquels les résultats des analyses ont été rejetés pour les raisons ci-dessus sont résumés dans le tableau 8. De plus, pour les deux analyses fondées sur des modèles, l'échec de la convergence du modèle ou de l'estimation des paramètres indique que les données sont insuffisantes et les résultats n'ont pas été inclus dans le présent document. Cependant, pour les taxons pour lesquels les facteurs de conversion estimés n'ont pas affiché de différence significative entre les navires jumelés (c.-à-d. que l'intervalle de confiance à 95 % englobe un facteur de conversion de 1), les chiffres des résultats ont été inclus à titre de référence.

Deux tendances générales observées dans la sélection et les résultats du modèle ont motivé l'adoption de critères de sélection supplémentaires pour déterminer s'il fallait appliquer un facteur de conversion (fonction) et lequel il fallait choisir pour l'appliquer dans les analyses futures des données de relevé. Pour commencer, les intervalles de confiance à 95 % de quelques taxons pour une fonction du facteur de conversion dépendant de la longueur chevauchaient une valeur de 1 pour toutes les longueurs, ce qui indique que la dépendance à la longueur ou la différence de capturabilité entre les navires n'est pas statistiquement significative, bien qu'un modèle dépendant de la longueur ait été sélectionné. Cela est probablement dû à l'utilisation de valeurs marginales du CIA et du CIB, pour lesquelles il n'est pas possible de calculer correctement le nombre réel de paramètres pour les effets aléatoires du modèle, ce qui favorise les modèles plus complexes avec des effets de longueur de lissage. Nous ne recommandons donc pas d'adopter les fonctions du facteur de conversion lorsque l'intervalle de confiance chevauche l'unité sur la fourchette de longueurs. Dans ces cas, nous avons examiné les résultats des analyses ne dépendant pas de la longueur, mais nous avons constaté qu'ils n'étaient pas statistiquement significatifs non plus.

Comme indiqué ci-dessus, l'estimation des fonctions du facteur de conversion propre à la longueur peut être sensible à la rareté des données dans les queues des fréquences de longueur. Malgré l'élimination de certaines longueurs extrêmes, il restait des cas où les valeurs du facteur de conversion s'écartaient considérablement de la tendance générale dépendante de la longueur, les longueurs tendant vers les plus petites et les plus grandes. Nous avons donc adopté la procédure suivante. Nous avons d'abord déterminé les longueurs qui constituaient les 0,5<sup>e</sup> et 99,5<sup>e</sup> centiles de la distribution des fréquences de longueur totale propre au taxon pour l'expérience de 2005 pour les taxons ayant au moins 20 classes de longueur, et nous avons utilisé les 2,5<sup>e</sup> et 97,5<sup>e</sup> centiles pour les taxons ayant moins de classes. Nous avons ensuite calculé les valeurs de la fonction du facteur de conversion à ces centiles pour chaque taxon et nous avons présumé que ces valeurs étaient constantes pour les longueurs inférieures et supérieures à ces centiles, respectivement. Ces valeurs constantes ont été projetées respectivement sur les plus petites et les plus grandes longueurs propres au taxon observées depuis 1984 dans le relevé [Relevés de l'écosystème par navire de recherche](#))

---

## 3. RÉSULTATS

### 3.1. VALIDATION DES CALÉES JUMELÉES

Toutes les calées réussies et jumelées dans l'expérience de pêche comparative de 2005 (170 paires au total; tableau 2) ont été validées après le prétraitement appliqué afin de corriger les erreurs évidentes dans les données, y compris la correction des mesures de longueur de certains taxons. Toutes les paires avaient un décalage temporel de 10 minutes au plus (figure 3). La différence de profondeur était supérieure à 20 mètres pour 10 paires mais, en pourcentage, elle n'était supérieure à 20 % que pour une paire (station numéro 109; figure 3; pourcentage calculé à partir des profondeurs moyennes des deux navires et des emplacements de début et de fin). L'examen de la différence de profondeur au début et à la fin a montré que cette paire a été chalutée à environ 100 mètres, et que les prises jumelées ne semblaient pas avoir d'incidence sur les résultats de l'estimation pour la plupart des taxons; nous l'avons donc conservée (figure 4). La distance entre les navires pour toutes les paires, sauf une (pour laquelle la distance était inférieure à 3 NM [milles marins]), était de moins de 1 NM, ce qui indique une proximité étroite entre les traits d'une paire (figure 3). Le *Teleost* était à bâbord pour 82 paires et à tribord pour 88 paires (figure 4). La séquence des côtés a été vérifiée à l'aide d'un test de Wald-Wolfowitz et les résultats ont révélé un caractère aléatoire statistiquement significatif (valeur  $p < 0,001$ ). La durée des traits des deux navires n'a pas dénoté d'écarts significatifs (moins de 20 minutes), même si un petit nombre de traits ont été plus courts de quelques minutes que la norme de 30 minutes, quoique respectant largement le protocole (figure 4). Dans l'ensemble, aucune préoccupation sérieuse n'a été relevée et, par conséquent, toutes les calées ont été retenues pour les analyses.

### 3.2. SOMMAIRE DES RÉSULTATS

En tout, l'expérience de pêche comparative a enregistré 178 taxons rencontrés (bien que certains codes de taxons aient été attribués dans les situations où l'identification était difficile). Après le nettoyage des données et le regroupement des taxons (tableau 7), il restait 166 taxons, mais seuls 60 ont satisfait aux exigences minimales en matière de données (plus de 5 calées jumelées efficaces; section 2.2.4) pour les analyses. Le tableau 5 récapitule la disponibilité des données, la taille des échantillons et les conversions d'échantillons (calculées comme le ratio d'échantillons entre le nombre total des prises et la biomasse des prises) pour chaque taxon.

Quarante-trois taxons satisfaisaient aux exigences minimales en matière de données (section 2.2.4) pour les modèles sans regroupement par longueur (MSRL; voir plus de détails à la section 2.2). Huit cas ont été rejetés en raison d'un manque de confiance dans la dépendance estimée à la longueur (tableau 8) et les résultats pour les 35 taxons restants ont été inclus dans le présent document. Des facteurs de conversion dépendants de la longueur ont été estimés pour huit taxons (codes 23, 40, 41, 220, 304, 340, 623, 2526) et des facteurs de conversion indépendants de la longueur pour cinq taxons (codes 320, 350, 622, 640, 2520). Les 22 taxons restants ne présentaient aucune différence significative de capturabilité entre les navires. En tout, la visualisation détaillée des données et la présentation des résultats pour les 35 taxons ont été incluses dans les figures 11 à 46. La sélection du modèle et les données probantes relatives fondées sur les valeurs du CIA et du CIB ont été incluses dans le tableau 10. Le modèle BB7 n'a convergé pour aucun taxon et n'a donc pas été inclus. Le tableau 5 fournit une référence aux figures obtenues pour ces taxons et la recommandation finale des facteurs de conversion à appliquer à l'étalonnage des navires. Les tableaux 8 et 9 récapitulent ces résultats et les recommandations.

---

Il y avait 59 taxons qui satisfaisaient aux exigences minimales en matière de données (section 2.2.4) pour les modèles avec regroupement par longueur (MRL). Les taxons pour lesquels les ajustements du modèle avaient réussi ont été examinés et cinq cas posant des problèmes de données ou dont les résultats étaient irréalistes ont été rejetés (tableau 9; y compris les taxons pour lesquels les modèles avec et sans regroupement par longueur ont été rejetés) pour le MRL pour le nombre de prises (voir les précisions sur le rejet dans le tableau 9). Les modèles avec regroupement par longueur pour les poids des prises ont également été appliqués à ces taxons afin de compléter le MRL pour le nombre de prises. Les résultats pour le MRL pour le nombre et les poids des prises, de même que pour les 60 taxons, sont présentés dans le tableau 11. À l'exclusion des 35 taxons dont les résultats du modèle sans regroupement par longueur ont été acceptés et des six taxons dont les résultats du modèle avec regroupement par longueur ont été rejetés, les résultats détaillés des modèles avec regroupement par longueur pour les 18 autres taxons sont présentés sur les figures 46 à 64. Le tableau 5 fournit une référence à ces figures pour chaque taxon. Les résultats ont indiqué que parmi eux, 14 taxons n'avaient pas besoin d'un étalonnage pour le nombre de prises.

Dans l'ensemble, les facteurs de conversion estimés montraient que les deux navires avaient des capturabilités similaires pour la plupart des taxons d'intérêt, y compris la majorité des poissons de fond. Étant donné que les navires suivaient les mêmes protocoles, à l'exception de l'utilisation d'un chalut automatique par le *Teleost*, et les mêmes engins de pêche, ce résultat était à prévoir. Cependant, le *Teleost* avait tendance à capturer davantage d'individus des taxons codés dans les séries 2000, 4000 et 6000 (les séries 2000 représentent principalement des crabes, des homards, des crevettes et des crustacés, les séries 4000, principalement des mollusques, des bivalves et des céphalopodes, et les séries 6000 comprennent les échinodermes tels que les étoiles de mer, les clypéastres, les oursins et les holothuries) (figure 5). Les facteurs de conversion estimés dépendants de la longueur (figure 6) ont également démontré que pour certains taxons de petite taille (ou de petites aires de répartition pour d'autres taxons), la capturabilité relative avait une dépendance forte et croissante à la taille.

### 3.3. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS

Les résultats des différentes analyses pour les nombreux taxons couverts dans ce document sont tout simplement trop volumineux pour être interprétés en détail. Les résultats détaillés ont plutôt été présentés sur les figures et dans les tableaux pour soutenir les décisions relatives à l'application des facteurs de conversion, ainsi que fournir une interprétation des résultats uniquement pour les principales espèces exploitées et celles dont la conservation est préoccupante. Ce sont les espèces pour lesquelles les rapports sur les résultats des relevés sont probablement les plus conséquents et les plus fréquents, et donc pour lesquelles un examen et une interprétation minutieux des résultats de la pêche comparative sont sans doute les plus nécessaires. Nous incluons ci-après un aperçu de la façon dont les résultats sont résumés et présentés, suivi des résultats pour les espèces clés, ainsi que quelques autres cas.

Les tableaux et figures suivants présentent les sommaires des résultats.

- Le tableau 8 comprend un résumé des considérations particulières pour certains taxons, y compris les raisons de rejeter ou de déclasser les méthodes d'analyse.
- Le tableau 9 récapitule les résultats des analyses de la pêche comparative et donne un aperçu des approches recommandées pour les analyses.
- La figure 5 donne un aperçu des facteurs de conversion estimés à partir de modèles sans regroupement par longueur pour le nombre de prises et la biomasse des prises.

- 
- La figure 6 donne un aperçu des facteurs de conversion estimés à partir de modèles avec regroupement par longueur pour le nombre de prises.

Les tableaux et figures suivants présentent les résultats propres à chaque taxon.

- Le tableau 5 présente une liste des taxons qui satisfont aux exigences minimales d'analyse, un résumé des données disponibles, y compris la taille des échantillons (dont le nombre de stations où un taxon a été rencontré par l'un ou l'autre navire, le nombre de stations où un taxon a été rencontré par le *Teleost* et par le *Needler*, respectivement, le nombre de calées efficaces où les deux navires de la calée ont capturé au moins une prise, le nombre total de mesures de longueur) et les conversions d'échantillons (pour les nombres et la biomasse des prises) pour ces taxons, et enfin, une indexation des figures pour les références aux données détaillées et aux figures des résultats pour chaque taxon. Ce tableau met également en évidence la méthode recommandée pour le facteur de conversion pour chaque taxon.
- Le tableau 10 donne des détails sur la sélection du modèle (valeurs de  $\Delta CIA$  et  $\Delta CIB$ ) pour les analyses sans regroupement par longueur.
- Le tableau 11 donne des détails sur la preuve et la sélection du modèle (valeurs du CIA et du CIB) pour les analyses des nombres de prises et de la biomasse des prises avec regroupement par longueur, ainsi que les facteurs de conversion estimés et les intervalles de confiance à 95 % pour les analyses des taxons qui satisfont aux exigences minimales en matière de données. Il convient de noter que l'approche recommandée pour ces taxons n'est pas nécessairement l'analyse avec regroupement par longueur.
- Les figures 7 à 9 fournissent une explication du contenu de chaque figure pour se référer aux données propres aux taxons et aux chiffres des résultats des figures 11 à 45. Les graphiques des résultats des analyses sans regroupement par longueur sont présentés dans plusieurs panneaux sur trois pages pour chaque taxon. En bref, la première page (étiquetée a.) présente un résumé des données d'un point de vue spatial, avec regroupement par taille et propre à la longueur (détails à la figure 7). Les résultats des analyses avec regroupement par taille sont présentés dans l'un des panneaux afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. La deuxième page (étiquetée b.) présente un graphique de l'ajustement de tous les modèles convergents et un graphique de la fonction du facteur de conversion sélectionné et de l'intervalle de confiance à 95 %, ainsi que les valeurs constantes projetées que nous proposons pour les plus petites et les plus grandes longueurs (détails à la figure 8). Enfin, la troisième page (étiquetée c.) fournit divers diagrammes en boîte pour les valeurs des quantiles des résidus normalisés pour le modèle sélectionné (détails à la figure 9).
- La figure 10 fournit une explication du contenu de chaque figure pour se référer aux données propres aux taxons et aux chiffres des résultats des figures 46 à 64. Les graphiques des résultats des analyses avec regroupement par longueur, y compris le modèle ajusté et les quantiles des résidus du modèle, sont présentés sur une seule page pour chaque taxon pour les analyses des nombres de prises (colonne de gauche) et des poids des prises (colonne de droite) pour les taxons mesurés, et les nombres ou les poids des prises uniquement (colonne unique) pour les taxons pour lesquels l'analyse de l'autre paramètre a échoué. Les figures ne sont présentées que pour les taxons qui n'ont pas fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. Néanmoins, les ajustements du modèle avec regroupement par longueur sélectionné pour les captures des taxons restants sont présentés dans les graphiques des analyses sans regroupement par longueur et les valeurs estimées du facteur de conversion figurent dans le tableau 11.

---

### 3.4. RÉSULTATS ET INTERPRÉTATIONS PAR TAXON

#### 3.4.1. *Gadus morhua*

Il y a eu en particulier une paire dans laquelle le *Teleost* a capturé un grand nombre de morues franches (*Gadus morhua*) et où le *Needler* n'en a pas remonté autant, dominant ainsi la conversion d'échantillons (le ratio entre les nombres totaux de prises était de 0,4; tableau 5). Cependant, les modèles ayant un effet de la station aléatoire ont été en mesure de réduire les contributions de cette paire et ont produit des facteurs de conversion estimés proches de 1, indiquant qu'il n'y a pas de différence significative entre les capturabilités des navires (figure 11). Les résultats du modèle sans regroupement par longueur ont été acceptés.

#### 3.4.2. *Sebastes* sp.

Les prises de sébaste (*Sebastes* sp.) dans le relevé estival par navire de recherche ne faisaient pas la distinction entre les différentes espèces de sébastes (*Sebastes mentella* et *Sebastes fasciatus*) occupant des profondeurs différentes, et le facteur de conversion obtenu pourrait être biaisé lorsqu'il est appliqué séparément aux différentes espèces.

#### 3.4.3. *Leucoraja erinacea*, *Leucoraja ocellata*

L'identification des espèces était difficile historiquement dans le relevé estival par navire de recherche pour la raie tachetée et la raie hérisson (*Leucoraja erinacea*, *Leucoraja ocellata*) et elles ont été regroupées pour les analyses sur la recommandation de la réunion d'examen par les paires.

#### 3.4.4. *Chionoecetes opilio*

Les résultats du facteur de conversion estimé pour le crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*) étaient solides après la mise à l'essai d'un regroupement de longueurs de 4 à 5 mm pour réduire le bruit dans les données. Les résultats du modèle sans regroupement par longueur ont été acceptés. Cependant, le résultat donne à penser qu'il pourrait être important d'étudier de manière plus approfondie l'hétérogénéité potentielle liée à des facteurs tels que le regroupement spatial.

#### 3.4.5. *Placopecten magellanicus*, *Chlamys islandica*

Des analyses ont été tentées pour le pétoncle géant de l'Atlantique et le pétoncle d'Islande (*Placopecten magellanicus* et *Chlamys islandica*). Cependant, les résultats ont été rejetés en raison de préoccupations entourant la pertinence des données et des modèles : la capturabilité des pétoncles par un chalut peut être très variable et dans l'expérience de pêche comparative, le chalut W IIA a principalement capturé la plupart des pétoncles, ce qui a donné des facteurs de conversion non significatifs. Compte tenu de ces préoccupations et du fait que l'évaluation du pétoncle a généralement une utilisation limitée des données du relevé au chalut de fond, aucune recommandation scientifique n'a été formulée pour les pétoncles.

## 4. DISCUSSION

Dans l'ensemble, l'expérience de pêche comparative menée entre le *Needler* et le *Teleost* en 2005 pour le relevé estival par navire de recherche dans la région des Maritimes a été couronnée de succès. Les données de l'expérience étaient suffisantes pour la plupart des taxons d'intérêt pour que l'on puisse estimer la différence d'efficacité de capture relative entre les anciens navires et les navires de remplacement. Les résultats étaient également conformes

---

aux attentes pour la plupart des taxons et indiquaient que les deux navires pêchant selon les mêmes protocoles avaient une capturabilité similaire. Les résultats ont été fournis pour 35 taxons à l'aide de l'analyse sans regroupement par longueur et pour 18 taxons à l'aide de l'analyse avec regroupement par longueur du nombre de prises. À la suite des analyses, des estimations et des recommandations de facteurs de conversion dépendants de la longueur ont été fournies pour huit taxons, avec des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur recommandés pour cinq taxons, des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse avec regroupement par longueur recommandés pour quatre taxons; l'étalonnage de 36 taxons a été jugé inutile. Des résultats supplémentaires ont également été fournis pour 19 taxons à l'aide de l'analyse avec regroupement par longueur des poids des prises, en plus de leur analyse avec regroupement par longueur du nombre de prises.

En pratique, pour appliquer correctement ces facteurs de conversion, les analystes devraient examiner attentivement les taxons qui les intéressent afin d'éviter les mauvaises interprétations. Par exemple, la répartition spatiale du relevé estival par navire de recherche a été élargie avec l'ajout de nouvelles strates au cours des dernières années (c.-à-d. en 2011, 2014 et 2016) qui n'étaient pas incluses dans l'expérience de pêche comparative de l'été 2005, et bien que la plupart des types d'habitats et des espèces couramment rencontrés dans un relevé standard aient été échantillonnés en 2005, toute différence dans l'efficacité de capture dans ces nouvelles zones ne serait pas prise en compte dans les résultats. Une analyse plus approfondie a été recommandée, s'il y a lieu pour les taxons d'intérêt, afin d'explorer l'hétérogénéité spatiale potentielle qui pourrait expliquer davantage la variabilité de l'efficacité de capture relative et, ainsi, améliorer la précision des estimations. L'incertitude dans l'estimation du modèle a également été calculée dans cette étude pour chaque facteur de conversion accepté, et les analystes sont encouragés à tenir compte de cette incertitude dans leurs analyses ultérieures.

## 5. REMERCIEMENTS

Nous tenons à remercier Jordan Ouellette-Plante de nous avoir fourni le code Markdown en R pour compiler les nombreuses figures du document, Paul Regular et Andrea Perreault, qui ont relevé et corrigé une erreur dans le calcul des valeurs du CIA et du CIB dans des analyses antérieures, Jamie Emberley, Mike McMahon et Ryan Martin qui ont effectué le contrôle de la qualité et nous ont fourni des conseils pour l'interprétation des données, et tous ceux qui ont participé et contribué aux discussions sur les analyses.

## 6. REFERENCES CITED

- Benoît, H.P., and Swain, D.P. 2003. Accounting for length and depth-dependent diel variation in catchability of fish and invertebrates in an annual bottom-trawl survey. *ICES J. Mar. Sci.* 60: 1297-1316.
- Benoît, H.P. 2006. [Standardizing the southern Gulf of St. Lawrence bottom-trawl survey time series: results of the 2004-2005 comparative fishing experiments and other recommendations for the analysis of the survey data](#). DFO Can. Sci. Adv. Sec. Res. Doc. 2006/008.
- Benoît, H.P., Ouellette-Plante, J., Yin, Y., et Brassard, C. 2022. [Revue du cadre d'évaluation de la morue franche de la division OPANO 3Pn4RS : relevés indépendants de la pêche](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/049. xv + 135 p.

- 
- Benoît, H.P., et Yin, Y. 2023. [Résultats des pêches comparatives entre le NGCC Teleost pêchant le chalut Western IIA et le NGCC Capt. Jacques Cartier pêchant le chalut NEST dans le sud du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/083. xiv + 187 p.
- Benoît, H.P., Yin, Y., et Bourdages, H. 2024. [Résultats de la pêche comparative entre le NGCC Teleost et le NGCC John Cabot dans l'estuaire et le nord du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO, Doc. de rech. 2024/007. xix + 233 p.
- Brooks, M.E., Kristensen, K., van Benthem, K.J., Magnusson, A., Berg, C.W., Nielsen, A., Skaug, H.J., Mächler, M., Bolker, B.M. (2017). glmmTMB balances speed and flexibility among packages for zero-inflated generalized linear mixed modeling. *R Journal*, 9(2):378-400.
- Cadigan, N.G., Yin, Y., Benoît, H.P., and Walsh, S.J. 2022. A nonparametric-monotone regression model and robust estimation for paired-tow bottom-trawl survey comparative fishing data. *Fish. Res.* 254: 106422.
- Dunn, P.K. and Smyth, G.K. 1996. Randomized quantile residuals. *J. Comput. Graph. Stat* 5: 236-244.
- Dunn, P.K., and Smyth, G.K. 2005. Series evaluation of Tweedie exponential dispersion model densities. *Statis. Comput.* 15:267-280.
- Fowler, G.M. and Showell, M.A. 2009. [Calibration of bottom trawl survey vessels: comparative fishing between the Alfred Needler and Teleost on the Scotian Shelf during the summer of 2005](#). Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 2824: iv + 25 p.
- Green, P.J., and Silverman, B.W. 1993. Nonparametric regression and generalized linear models. Chapman and Hall/CRC, 184 p.
- Hartig, F. 2021. DHARMs: Residual diagnostics for hierarchical (multi-level,mixed) regression models. R package version 0.4.1
- Hastie, T., Tibshirani, R. and Friedman, J., 2009. The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction. Springer Science and Business Media.
- Kristensen, K., Nielsen, A., Berg, C.W., Skaug, H., and Bell, B.M. 2016. TMB: Automatic differentiation and Laplace approximation. *J. Stat. Softw.* 70: 1-21.
- Miller, T.J. 2013. A comparison of hierarchical models for relative catch efficiency based on paired-gear data for US Northwest Atlantic fish stocks. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 70: 1306-1316.
- Miller, T.J., Das, C., Politis, P.J., Miller, A.S., Lucey, S.M., Legault, C.M., Brown, R.W., and Rago, P.J. 2010. Estimation of Albatross IV to Henry B. Bigelow calibration factors. *Fish. Sci. Cent. Ref. Doc.* 10-05; 233 p.
- R Core Team. 2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Ricard, D., Fishman, D., Rolland, N., Sylvain, F.-É., Turcotte, F. and Vergara, P. 2023. Validation of the paired sets from the comparative fishing experiments conducted between CCGS Teleost and CCGS Capt. Jacques Cartier in the southern Gulf of St. Lawrence, September 2021 and 2022. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3547: v + 274 p.
- Thorson, J.T. and Minto, C. 2015. Mixed effects: a unifying framework for statistical modelling in fisheries biology. *ICES J. Mar. Sci.* 72:1245-1256.
-



- 
- Trueman, S., Wheeland, L., Benoît, H., Munro, H., Nguyen, T., Novaczek, E., Skanes, K. et Yin, Y. 2025. [Résultats de la pêche comparative du NGCC \*Teleost\* et du NGCC \*Alfred Needler\* par rapport au NGCC \*John Cabot\* et au NGCC \*Capt Jacques Cartier\* dans la région de Terre-Neuve-et-Labrador en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/021. v + 241 p.
- Verbyla, A.P., Cullis, B.R., Kenward, M.G, and Welham, S.J. 1999. The analysis of designed experiments and longitudinal data by using smoothing splines. J. Royal Stat. Soc. Ser. C 48: 269-311.
- Wald, A. and Wolfowitz, J. 1940. On a test whether two samples are from the same population. Ann. Math Statist. 11:147-162.
- Wood, S.N. 2000. Modelling and smoothing parameter estimation with multiple quadratic penalties. J. Royal Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol. 62: 413–428.
- Wood, S.N. 2011. Fast stable restricted maximum likelihood and marginal likelihood estimation of semiparametric generalized linear models. J. Royal Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol. 73: 3– 36.
- Wood, S.N. 2017. Generalized additive models: An introduction with R, 2nd ed. Chapman and Hall/CRC Press, 496 p.
- Wu, X. and Zhao, B. 2013. Nonparametric Statistics (Fourth Edition ed). China Statistics Press. pp. 40-42.
- Yin, Y. et Benoît, H.P. 2022. [Réanalyse d'expériences de pêche comparative dans le golfe du Saint-Laurent et autres analyses visant à déterminer les indices de relevés au chalut de fond menés à l'échelle du stock de flétan du Groenland \(\*Reinhardtius hippoglossoides\*\) des divisions 4RST depuis 1971](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/002. viii + 48 p.
- Yin, Y. and Benoît, H.P. 2022b. A Comprehensive Simulation Study of a Class of Analysis Methods for Paired-Tow Comparative Fishing Experiments. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 3466: vi + 99 p.
- Yin, Y., H. Benoît. et R. Martin. 2025. [Étalonnage des navires de relevé au chalut de fond : résultats de la pêche comparative entre le NGCC \*Teleost\* et le NGCC \*John Cabot\* ou le NGCC \*Captain Jacques Cartier\* sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy en 2022 et 2023](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/025. iv + 237 p.

## 7. TABLEAUX

Tableau 1. Nombre de calées de pêche comparative en 2005, par sous-division de l'OPANO.

Année	4X	4W	4V	5Y	Total
2005	62	45	62	1	170

Tableau 2. Détails sur les paires de calées dans la pêche comparative en 2005; les colonnes indiquées par TEL représentent les valeurs pour le NGCC Teleost et celles indiquées par NED représentent les valeurs pour le NGCC Alfred Needler. La date est celle du début du trait par le NGCC Alfred Needler, les heures de début du trait (Heure) sont exprimées en heures décimales, les profondeurs des traits (Profondeur) sont exprimées en mètres et ont été calculées comme la moyenne entre les profondeurs de début et de fin, les valeurs Distance représentent la distance de chalutage pour chaque navire en milles marins, les longitudes et les latitudes sont exprimées en degrés décimaux et ont été enregistrées par le Needler dans chaque paire.

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-01	1	01:07	01:07	139,5	136	1,8	1,65	-62,94	43,75
2005-07-01	2	06:07	06:07	62	64	1,76	1,7	-63,41	43,64
2005-07-01	3	09:07	09:07	88	86	1,76	1,71	-63,64	43,18
2005-07-01	4	12:07	11:07	80,5	80,5	1,75	1,76	-63,44	43,15
2005-07-01	5	14:07	14:07	91	90,5	1,75	1,78	-63,56	42,9
2005-07-01	6	16:07	16:07	259	230	1,76	1,75	-63,57	42,78
2005-07-01	7	19:07	18:07	115,5	105,5	1,8	1,7	-63,75	42,83
2005-07-01	8	21:07	21:07	262	236	1,8	1,71	-63,91	42,75
2005-07-01	9	23:07	23:07	54	54,5	1,81	1,8	-64,05	42,94
2005-07-02	10	02:07	02:07	46	47	1,77	1,8	-64,15	43,2
2005-07-02	11	04:07	04:07	45,5	45,5	1,7	1,77	-64,19	43,24
2005-07-03	12	16:07	16:07	67,5	64	1,75	1,7	-64,86	43,19
2005-07-03	14	22:07	22:07	49	49	1,75	1,71	-65,88	42,81
2005-07-04	15	00:07	00:07	38,5	40,5	1,78	1,76	-66,01	42,8
2005-07-04	16	04:07	04:07	80,5	77	1,78	1,77	-66,46	42,67
2005-07-04	17	06:07	06:07	109,5	108	1,78	1,82	-66,68	42,94

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-04	18	09:07	09:07	91,5	96	1,54	1,7	-66,69	42,78
2005-07-04	19	14:07	14:07	168,5	168,5	1,71	1,77	-66,84	42,34
2005-07-04	20	17:07	17:07	163,5	162,5	1,75	1,65	-67,08	42,59
2005-07-04	21	19:07	19:07	150,5	148	1,75	1,75	-67,16	42,64
2005-07-04	22	21:07	21:07	154,5	149,5	1,75	1,65	-67,28	42,59
2005-07-05	23	03:07	03:07	105	106,5	1,75	1,8	-67,5	43,22
2005-07-05	24	06:07	06:07	113,5	110	1,75	1,78	-67,23	43,45
2005-07-05	25	09:07	09:07	80,5	86	1,75	1,71	-66,91	43,7
2005-07-05	26	13:07	13:07	88,5	84,5	1,59	1,73	-67,03	43,73
2005-07-05	27	16:07	16:07	114	113,5	1,77	1,81	-67,34	43,67
2005-07-05	28	19:07	19:07	89	87,5	1,37	1,54	-67,22	44,03
2005-07-05	29	23:07	23:07	101,5	101,5	1,72	1,76	-66,74	44,26
2005-07-06	30	05:07	05:07	42	39,5	1,23	1,15	-65,89	44,68
2005-07-06	31	09:07	09:07	49	49	1,74	1,71	-65,85	44,94
2005-07-06	32	13:07	13:07	39,5	39,5	1,75	1,79	-65,52	45,17
2005-07-06	33	15:07	15:07	36,5	38,5	1,74	1,76	-65,8	45,16
2005-07-06	34	19:07	19:07	43,5	43,5	1,75	1,7	-66,1	45,08
2005-07-06	35	20:07	20:07	37,5	39,5	1,74	1,71	-66,15	45,11
2005-07-06	36	22:07	22:07	51	50	1,77	1,76	-66,28	45,03
2005-07-07	37	00:07	00:07	64	61	1,73	1,65	-66,06	44,94
2005-07-07	38	03:07	03:07	69,5	69	1,74	1,78	-66,3	44,83
2005-07-07	39	05:07	05:07	70,5	70,5	1,81	1,78	-66,31	44,78
2005-07-07	40	07:07	07:07	72	73,5	1,72	1,73	-66,27	44,63
2005-07-07	41	16:07	16:07	39	38	1,15	1,1	-66,4	44,15
2005-07-09	43	00:07	00:07	70,5	65	1,75	1,64	-65,38	43,03
2005-07-09	44	05:07	05:07	71,5	72,5	1,6	1,6	-65,48	42,9
2005-07-09	45	14:07	14:07	59,5	65,5	1,75	1,86	-66,01	42,57

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-09	46	20:07	20:07	119	119,5	1,8	1,6	-65,83	42,26
2005-07-09	47	23:07	23:07	61,5	61	1,75	1,7	-65,47	42,23
2005-07-10	59	23:07	00:07	70,5	71,5	1,75	1,74	-64,77	42,52
2005-07-10	48	01:07	01:07	61,5	62	1,75	1,76	-65,37	42,3
2005-07-10	49	04:07	03:07	53	53	1,75	1,77	-65,44	42,52
2005-07-10	50	05:07	05:07	49	50	1,7	1,77	-65,41	42,66
2005-07-10	51	08:07	08:07	50,5	50,5	1,75	1,8	-65,28	42,66
2005-07-10	52	10:07	10:07	68,5	69,5	1,8	1,77	-65,34	42,83
2005-07-10	53	11:07	12:07	67	68	1,75	1,87	-65,24	42,81
2005-07-10	54	14:07	14:07	56,5	56	1,75	1,78	-64,96	42,77
2005-07-10	55	16:07	16:07	50	50,5	1,75	1,71	-64,98	42,89
2005-07-10	56	17:07	17:07	53	52,5	1,75	1,76	-64,97	42,94
2005-07-10	57	18:07	18:07	47	47,5	1,8	1,76	-64,79	42,93
2005-07-10	58	20:07	20:07	59	60,5	1,72	1,65	-64,84	42,74
2005-07-11	60	02:07	02:07	152,5	125	1,75	1,78	-64,49	42,56
2005-07-11	61	05:07	05:07	60,5	63	1,77	1,75	-64,38	42,76
2005-07-11	62	07:07	07:07	56,5	57	1,8	1,8	-64,21	42,93
2005-07-11	63	12:07	12:07	46	47,5	1,75	1,77	-64,78	43,45
2005-07-11	64	21:07	21:07	86	87	1,8	1,72	-64,06	43,97
2005-07-12	65	00:07	00:07	127,5	125	1,75	1,67	-63,89	43,77
2005-07-12	66	02:07	02:07	107,5	105,5	1,75	1,77	-63,72	43,93
2005-07-13	100	18:07	18:07	59	61	1,4	1,32	-62,81	44,52
2005-07-13	101	23:07	23:07	63	63	1,75	1,67	-62,09	44,74
2005-07-14	105	21:07	21:07	81,5	82	1,78	1,75	-60,12	45,6
2005-07-14	106	23:07	23:07	86	88,5	1,75	1,77	-59,94	45,63
2005-07-14	102	14:07	14:07	80,5	91	1,75	1,71	-60,35	45,34
2005-07-14	103	16:07	16:07	73,5	74,5	1,79	1,79	-59,79	45,32

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-14	104	19:07	19:07	88,5	85,5	1,79	1,77	-60,02	45,45
2005-07-15	107	01:07	01:07	52,5	53,5	1,75	1,77	-59,81	45,77
2005-07-15	109	07:07	07:07	106	62	1,75	1,72	-59,47	45,8
2005-07-15	110	12:07	12:07	40	40,5	1,75	1,73	-59,38	46,22
2005-07-15	111	14:07	14:07	60	56	1,75	1,71	-59,47	46,35
2005-07-15	112	16:07	16:07	38,5	40,5	1,82	1,78	-59,72	46,3
2005-07-15	113	18:07	18:07	34	33	1,8	1,77	-59,76	46,5
2005-07-15	114	20:07	20:07	42,5	44,5	1,75	1,82	-59,66	46,55
2005-07-15	115	23:07	23:07	68,5	68,5	1,75	1,73	-59,93	46,78
2005-07-16	116	01:07	01:07	64	63,5	1,75	1,71	-59,98	46,72
2005-07-16	117	03:07	03:07	61	59	1,75	1,52	-60,19	46,56
2005-07-16	118	05:07	05:07	44	47,5	1,77	1,75	-60,29	46,47
2005-07-16	119	07:07	07:07	64	59	1,76	1,81	-60,33	46,55
2005-07-16	120	11:07	11:07	39	42,5	1,75	1,8	-60,17	46,94
2005-07-16	121	12:07	13:07	86,5	79	1,75	1,56	-60,14	47,01
2005-07-16	122	15:07	15:07	122,5	132,5	1,75	1,85	-60,09	47,17
2005-07-16	124	22:07	22:07	174,5	176,5	1,67	1,7	-59,31	46,6
2005-07-17	125	02:07	02:07	50	56,5	1,75	1,76	-59,04	46,13
2005-07-17	126	05:07	05:07	169	162	1,8	1,72	-58,51	46,06
2005-07-17	127	08:07	08:07	155,5	192,5	1,74	1,71	-58,26	45,96
2005-07-17	128	11:07	11:07	162,5	156,5	1,75	1,7	-58,56	45,8
2005-07-17	129	12:07	13:07	152,5	138	1,75	1,53	-58,69	45,75
2005-07-17	130	16:07	17:07	63,5	83,5	1,75	1,5	-58,29	45,43
2005-07-17	131	18:07	18:07	46,5	44	1,75	1,72	-58,17	45,43
2005-07-17	132	21:07	21:07	192	180	1,74	1,75	-57,82	45,51
2005-07-18	133	02:07	02:07	78	76,5	1,75	1,82	-58,33	45,18
2005-07-18	134	04:07	04:07	34,5	35	1,8	1,75	-58,06	45,1

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-18	135	07:07	07:07	55,5	62,5	1,72	1,76	-58,2	45,02
2005-07-18	136	09:07	09:07	57,5	78	1,75	1,71	-58,24	44,94
2005-07-18	137	12:07	12:07	25,5	26	1,75	1,76	-57,72	44,96
2005-07-18	138	14:07	14:07	20	21,5	1,75	1,7	-57,66	44,85
2005-07-18	139	16:07	16:07	18	19,5	1,72	1,71	-57,8	44,64
2005-07-18	140	18:07	18:07	45,5	32,5	1,78	1,71	-57,62	44,58
2005-07-18	141	21:07	21:07	180	166	1,73	1,7	-57,26	44,73
2005-07-19	142	01:07	01:07	66	71,5	1,75	1,71	-57,56	44,38
2005-07-19	143	03:07	03:07	362,5	324,5	1,75	1,7	-57,72	44,31
2005-07-19	144	05:07	05:07	51,5	54,5	1,75	1,77	-57,84	44,38
2005-07-19	145	07:07	07:07	48	47	1,75	1,78	-57,89	44,41
2005-07-19	146	14:07	14:07	76,5	81,5	1,75	1,7	-58,46	44,18
2005-07-19	147	19:07	19:07	31	32	1,8	1,76	-58,52	44,28
2005-07-19	148	21:07	21:07	31,5	33	1,77	1,75	-58,28	44,34
2005-07-19	149	23:07	23:07	34	35	1,75	1,76	-58,3	44,4
2005-07-20	150	00:07	00:07	34	35,5	1,75	1,72	-58,34	44,53
2005-07-20	151	02:07	02:07	31	31,5	1,75	1,84	-58,48	44,6
2005-07-20	152	04:07	04:07	48	48	1,86	1,76	-58,47	44,76
2005-07-20	153	06:07	06:07	116	118	1,72	1,71	-58,7	44,78
2005-07-20	154	10:07	10:07	46,5	48	1,75	1,76	-58,8	44,7
2005-07-20	155	14:07	14:07	70	57,5	1,75	1,77	-59,07	45,18
2005-07-20	156	17:07	17:07	41	42,5	1,81	1,78	-59,2	44,96
2005-07-20	157	20:07	20:07	127	130	1,67	1,65	-59,38	44,86
2005-07-21	158	15:07	15:07	81,5	95,5	1,75	1,67	-60,25	44,92
2005-07-21	159	18:07	19:07	28	31,5	1,75	1,72	-60,76	44,69
2005-07-21	160	20:07	20:07	29	32	1,72	1,67	-60,72	44,58
2005-07-21	161	21:07	21:07	27,5	28	1,74	1,72	-60,67	44,49

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-22	162	00:07	00:07	45,5	45,5	1,83	1,72	-60,92	44,31
2005-07-22	163	02:07	02:07	29	27,5	1,76	1,74	-60,59	44,39
2005-07-22	164	04:07	04:07	35,5	34,5	1,78	1,8	-60,31	44,54
2005-07-22	165	06:07	06:07	23,5	27	1,76	1,73	-60,39	44,44
2005-07-22	166	07:07	07:07	27,5	29	1,8	1,71	-60,34	44,36
2005-07-22	167	08:07	08:07	81,5	79,5	1,75	1,73	-60,37	44,28
2005-07-22	168	11:07	11:07	35	36	1,79	1,79	-60,52	44,14
2005-07-22	169	12:07	12:07	21,5	24,5	1,75	1,73	-60,46	44,06
2005-07-22	170	15:07	15:07	36,5	37	1,74	1,81	-59,91	44,1
2005-07-22	171	18:07	18:07	85	83	1,72	1,67	-59,7	44,2
2005-07-22	172	21:07	21:07	125,5	131	1,77	1,72	-59,3	44,19
2005-07-23	173	00:07	00:07	72,5	87	1,77	1,87	-59,02	44,28
2005-07-23	174	02:07	02:07	112,5	107	1,82	1,72	-59,17	44,32
2005-07-23	175	04:07	04:07	99,5	94,5	1,83	1,78	-59,25	44,37
2005-07-23	176	06:07	06:07	35,5	39	1,75	1,68	-59,28	44,46
2005-07-23	177	08:07	08:07	27,5	28,5	1,75	1,74	-59,02	44,52
2005-07-23	178	10:07	10:07	37	38,5	1,74	1,75	-58,83	44,37
2005-07-23	179	12:07	12:07	33	34	1,79	1,74	-58,81	44,19
2005-07-23	180	15:07	16:07	135,5	154,5	1,74	1,72	-58,47	44,07
2005-07-23	181	18:07	18:07	106,5	101	1,7	1,72	-58,69	43,97
2005-07-24	187	13:07	13:07	129,5	116	1,74	1,76	-60,13	43,46
2005-07-24	188	16:07	16:07	34	36,5	1,81	1,77	-60,46	43,61
2005-07-24	189	18:07	18:07	28,5	29,5	1,82	1,76	-60,64	43,73
2005-07-24	190	20:07	20:07	31	34	1,74	1,74	-60,8	43,62
2005-07-24	191	23:07	23:07	30,5	31	1,77	1,75	-61,37	43,56
2005-07-24	182	02:07	02:07	31,5	33,5	1,76	1,82	-59,28	43,89
2005-07-24	183	04:07	04:07	27,5	27	1,72	1,75	-59,33	43,92

---

Date	Station	Heure NED	Heure TEL	Profondeur NED	Profondeur TEL	Distance NED	Distance TEL	Longitude	Latitude
2005-07-24	184	06:07	06:07	57,5	60	1,72	1,74	-59,27	43,76
2005-07-24	185	08:07	08:07	34,5	35	1,74	1,75	-59,54	43,78
2005-07-24	186	10:07	10:07	26	27,5	1,9	1,73	-59,86	43,82
2005-07-25	192	02:07	02:07	69	62,5	1,76	1,67	-61,21	43,29
2005-07-25	193	04:07	04:07	129,5	113,5	1,76	1,68	-61,08	43,26
2005-07-25	194	07:07	07:07	111	133	1,55	1,74	-61,35	43,2
2005-07-25	195	10:07	10:07	46,5	46	1,75	1,71	-61,75	43,34
2005-07-25	196	11:07	12:07	48	48	1,78	1,59	-61,93	43,43
2005-07-25	197	13:07	13:07	49	49,5	1,78	1,76	-61,92	43,32
2005-07-25	198	17:07	17:07	249	268	1,78	1,71	-61,64	42,98
2005-07-25	199	19:07	19:07	145,5	124	1,76	1,77	-61,83	42,98
2005-07-25	200	21:07	21:07	234	242,5	1,75	1,65	-61,96	42,94
2005-07-26	201	01:07	01:07	51	53	1,75	1,71	-62,34	43,14
2005-07-26	202	04:07	04:07	50,5	50	1,81	1,7	-62,34	43,33
2005-07-26	203	06:07	06:07	44,5	45	1,78	1,76	-62,42	43,41
2005-07-26	204	08:07	08:07	49	49,5	1,75	1,77	-62,52	43,41
2005-07-26	205	11:07	11:07	122	118	1,76	1,77	-62,84	43,71
2005-07-26	206	13:07	13:07	129,5	131,5	1,74	1,76	-62,79	43,88
2005-07-26	207	16:07	16:07	87,5	91	1,75	1,76	-62,6	43,87

---



Tableau 3. Ensemble de modèles binomiaux avec diverses hypothèses pour l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative. Un effet de longueur de lissage peut être pris en compte et l'effet de la station peut être ajouté à l'ordonnée à l'origine, sans interaction avec l'effet de la longueur, ou ajouté à la fois à l'ordonnée à l'origine et au lisseur pour permettre une interaction entre les deux effets.

Modèle	$\log(\rho)$	Effet de la longueur	Effet de la station
BI0	$\beta_0$	Constante	Non pris en compte
BI1	$\beta_0 + \delta_{0,i}$	Constante	Ordonnée à l'origine
BI2	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	Lissage	Non pris en compte
BI3	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	Lissage	Ordonnée à l'origine
BI4	$X_f^T (\beta_f + \delta_i) + X_r^T (b + \epsilon_i)$	Lissage	Ordonnée à l'origine, lissage

Tableau 4. Ensemble de modèles bêta-binomiaux avec diverses hypothèses sur l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative, et l'effet de la longueur sur le paramètre de variance. Un effet de longueur de lissage peut être pris en compte à la fois dans le facteur de conversion et dans le paramètre de variance. Un possible effet de la station peut être ajouté à l'ordonnée à l'origine, sans interaction avec l'effet de la longueur, ou ajouté à la fois à l'ordonnée à l'origine et au lisseur pour permettre une interaction entre les deux effets.

Modèle	$\log(\rho)$	$\log(\phi)$	Effet de la longueur	Effet de la station
BB0	$\beta_0$	$\gamma_0$	Constante/Constante	Non pris en compte
BB1	$\beta_0 + \delta_{0,i}$	$\gamma_0$	Constante/Constante	Ordonnée à l'origine
BB2	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	$\gamma_0$	Lissage/Constante	Non pris en compte
BB3	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Non pris en compte
BB4	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	$\gamma_0$	Lissage/Constante	Ordonnée à l'origine
BB5	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Ordonnée à l'origine
BB6	$X_f^T (\beta_f + \delta_i) + X_r^T (b + \epsilon_i)$	$\gamma_0$	Lissage/Constante	Ordonnée à l'origine, lissage
BB7	$X_f^T (\beta_f + \delta_i) + X_r^T (b + \epsilon_i)$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Ordonnée à l'origine, lissage

Tableau 5 . Détails des données et des résultats des analyses de la pêche comparative pour les taxons pris en compte dans cette étude. Les taxons non inclus dans le tableau ne font l'objet d'aucune recommandation en raison du manque de données pour les analyses. Les noms scientifiques et communs sont indiqués pour les taxons après le regroupement (voir plus de détails sur le regroupement dans le tableau 5). Le sommaire des données comprend le nombre de stations où un taxon a été rencontré (Nbre Stn), le nombre de stations où un taxon a été rencontré par le Teleost (Nbre TEL) et par le Needler (Nbre NED), respectivement, le nombre de calées efficaces où les deux navires de la paire de calées ont eu au moins une prise (Nbre Paires) et le nombre total de mesures de longueur (Nbre Long.). La conversion de l'échantillon (ratio d'échantillons) a été calculée comme le ratio entre les prises totales (normalisé par les distances de remorquage) et a été fournie à la fois pour les nombres de prises (N) et la biomasse des prises (B) à titre de référence. La conversion de l'échantillon n'est pas recommandée pour appliquer l'étalonnage. Les résultats des analyses pour le modèle sans regroupement par longueur (MSRL) et les modèles avec regroupement par longueur (MRL) ont été présentés pour chaque taxon sur les figures où le numéro de la figure (N° fig. MRL, N° fig. MSRL) fournit une référence à la figure dans le document. Les ombrages des cellules de résultat indiquent la recommandation finale pour chaque taxon, où le **vert** signifie qu'aucun étalonnage n'est nécessaire pour les nombres de prises, le **jaune** signifie qu'un modèle avec regroupement par longueur est recommandé et l'**orange** signifie qu'un modèle sans regroupement par longueur est recommandé. Les résultats de l'étalonnage de la biomasse des prises à l'aide du modèle avec regroupement par longueur figurent dans le tableau 11. Un tiret (—) représente les taxons sans résultats (et l'absence d'ombrage) indiquant que des analyses ont été tentées, mais rejetées.

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre NED	Sommaire des données Nbre Paires	Sommaire des données Nbre Long.	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
10	<i>Gadus morhua</i>	Morue franche	105	88	83	66	2206	0,4	0,5	11	—	$\rho = 1$
11	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	Aiglefin	97	88	87	78	11649	1	1	12	—	$\rho = 1$
12	<i>Urophycis tenuis</i>	Merluche blanche	66	57	52	43	1298	1,1	1,3	13	—	$\rho = 1$
13	<i>Urophycis chuss</i>	Merluche rouge	36	26	31	21	380	1,5	1,2	14	—	$\rho = 1$
14	<i>Merluccius bilinearis</i>	Merlu argenté	78	63	70	55	5866	1,1	1	15	—	$\rho = 1$
16	<i>Pollachius virens</i>	Goberge	43	29	34	20	1431	0,8	0,8	16	—	$\rho = 1$
23	<i>Sebastes</i> sp.	Sébaste, non séparé	118	105	101	88	16720	1,5	1,5	17	—	MSRL, $\rho(L)$
30	<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	Flétan atlantique	39	28	26	15	141	1	1,1	18	—	$\rho = 1$
31	<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	Flétan noir, flétan du Groenland	32	27	26	21	1473	1,4	1,4	19	—	$\rho = 1$
40	<i>Hippoglossoides platessoides</i>	Plie canadienne	139	113	126	100	9683	1,2	1	20	—	MSRL, $\rho(L)$
41	<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	Plie grise	97	80	83	66	3094	1,1	1,1	21	—	MSRL, $\rho(L)$
42	<i>Limanda ferruginea</i>	Limande à queue jaune	71	57	65	51	4705	1,2	1,2	22	—	$\rho = 1$
43	<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	Plie rouge	30	25	25	20	798	1,3	1,2	23	—	$\rho = 1$
60	<i>Clupea harengus</i>	Hareng de l'Atlantique	100	89	84	73	5876	1	0,9	24	—	$\rho = 1$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre NED	Sommaire des données Nbre Paires	Sommaire des données Nbre Long.	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
62	<i>Alosa pseudoharengus</i>	Gaspereau	29	23	25	19	353	0,9	0,9	25	—	$\rho = 1$
64	<i>Mallotus villosus</i>	Capelan	28	25	21	18	2040	1,2	0,6	26	—	$\rho = 1$
112	<i>Urophycis chesteri</i>	Merluche à longues nageoires	24	22	15	13	502	1	1,1	27	—	$\rho = 1$
201	<i>Amblyraja radiata</i>	Raie épineuse	77	59	55	37	675	1,1	3,7	28	—	$\rho = 1$
202	<i>Malacoraja senta</i>	Raie à queue de velours	37	24	24	11	135	1,3	1,1	29	—	$\rho = 1$
220	<i>Squalus acanthias</i>	Aiguillat commun	32	24	23	15	1715	1,3	1,2	30	—	MSRL, $\rho(L)$
300	<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	Chaboisseau à dix-huit épines	79	69	65	55	1772	0,9	0,9	31	—	$\rho = 1$
304	<i>Triglops murrayi</i>	Faux-tringle armé	51	38	36	23	645	1	1,2	32	—	MSRL, $\rho(L)$
320	<i>Hemirhamphus americanus</i>	Hémirhamphus atlantique	59	43	48	32	406	0,8	0,6	33	—	MSRL, $\rho \neq 1$
340	<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	Poisson-alligator	53	38	36	21	251	0,8	1	34	—	MSRL, $\rho(L)$
350	<i>Leptagonus decagonus</i>	Agone atlantique	22	19	20	17	214	1,7	2,5	35	—	MSRL, $\rho \neq 1$
400	<i>Lophius americanus</i>	Baudroie commune, baudroie d'Amérique	49	31	34	16	153	1,1	1,1	36	—	$\rho = 1$
622	<i>Lumpenus lumpretaeformis</i>	Lompénie-serpent	23	19	16	12	229	2,3	2,3	37	—	MSRL, $\rho \neq 1$
623	<i>Lumpenus maculatus</i>	Lompénie tachetée	29	27	23	21	1869	1,4	1,5	38	—	MSRL, $\rho(L)$
640	<i>Zoarces americanus</i>	Loquette d'Amérique	28	21	19	12	155	0,6	0,5	39	—	MSRL, $\rho \neq 1$
647	<i>Lycodes vahliei</i>	Lotte à queue courte	28	21	24	17	346	1,8	1,2	40	—	$\rho = 1$
2511	<i>Cancer borealis</i>	Crabe nordique	64	46	44	26	325	1,1	0,5	41	—	$\rho = 1$
2520	<i>Hyas</i> sp.	Crabe-araignée, non identifié	71	57	61	47	1316	1,5	1,4	42	—	MSRL, $\rho \neq 1$
2526	<i>Chionoecetes opilio</i>	Crabe des neiges	87	77	77	67	4894	1,6	1,7	43	—	MSRL, $\rho(L)$
2550	<i>Homarus americanus</i>	Homard d'Amérique	40	33	31	24	434	0,8	0,9	44	—	$\rho = 1$
4511	<i>Illex illecebrosus</i>	Encornet nordique	105	74	88	57	2290	1,3	1,2	45	—	$\rho = 1$
50	<i>Anarhichas lupus</i>	Loup atlantique	44	29	30	15	153	1,1	1,6	—	46	$\rho = 1$
61	<i>Alosa sapidissima</i>	Alose savoureuse	14	11	10	7	58	1,4	1,3	—	47	$\rho = 1$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre NED	Sommaire des données Nbre Paires	Sommaire des données Nbre Long.	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
114	<i>Enchelyopus cimbrius</i>	Motelle à quatre barbillons	24	17	15	8	70	1,6	1,3	—	48	$\rho = 1$
123	<i>Helicolenus dactylopterus</i>	Chèvre impériale	23	19	17	13	700	0,9	0,9	—	49	$\rho = 1$
203	<i>Leucoraja erinacea</i>	Raie hérisson	32	23	24	15	275	1	1,1	—	50	$\rho = 1$
241	<i>Myxine glutinosa</i>	Myxine du nord	30	21	19	10	83	1,4	0,9	—	51	$\rho = 1$
323	<i>Artediellus</i> sp.	Hameçon neigeux (non spécifié)	30	22	20	12	185	0,7	0,7	—	52	$\rho = 1$
410	<i>Nezumia bairdii</i>	Grenadier du Grand Banc	15	9	12	6	81	0,9	1	—	53	$\rho = 1$
502	<i>Eumicrotremus spinosus</i>	Petite poule de mer atlantique	25	20	12	7	66	1,7	1,4	—	54	MRL, $\rho \neq 1$
610	<i>Ammodytes dubius</i>	Langon du nord	43	34	30	22	4330	2,2	2,5	—	55	$\rho = 1$
712	<i>Notolepis rissoi</i>	Lussion blanc	12	10	9	7	547	1,5	1,3	—	56	$\rho = 1$
2211	<i>Pandalus borealis</i>	Crevette nordique	49	33	33	20	0	1	1,2	—	57	$\rho = 1$
2212	<i>Pandalus montagui</i>	Crevette ésope	104	59	70	27	0	2,7	2,4	—	58	$\rho = 1$
2523	<i>Lithodes maja</i>	Crabe épineux	30	25	20	15	95	1,5	1,9	—	60	MRL, $\rho \neq 1$
2559	Paguridae	Bernard-l'hermite	69	54	28	19	0	2,9	3,9	—	61	MRL, $\rho \neq 1$
6100	<i>Asteroidea</i> s.c.	Asteroidea	163	129	116	93	0	0,8	1,7	—	62	$\rho = 1$
6500	<i>Clypeasteroida</i>	Clypéastres	59	47	22	15	4	1,5	1,7	—	63	MRL, $\rho \neq 1$
6600	<i>Holothuroidea</i>	Holothuroïdes	69	44	40	24	0	0,8	1,8	—	64	$\rho = 1$
2416	<i>Crangon</i> sp.	Crevette de sable	54	22	42	10	0	1	0,8	—	59	—
2532	<i>Chaceon quinquedens</i>	Crabe rouge des profondeurs	8	6	8	6	118	0,7	0,7	—	—	—
4321	<i>Placopecten magellanicus</i>	Pétoncle géant	40	34	23	17	313	1,2	1,2	—	—	—
4322	<i>Chlamys islandica</i>	Pétoncle d'Islande	31	24	17	12	385	2,3	2,2	—	—	—
4521	<i>Octopoda</i>	Pieuvre	55	39	15	8	1	2,2	2	—	—	—
6400	<i>Strongylocentrotus</i> sp.	Oursin	78	33	50	20	22	0,9	2,3	—	—	—

Tableau 6. Sommaire des données sur la pêche comparative, c.-à-d. la taille de l'échantillon pour les analyses. Les taxons ont été comptabilisés en fonction du nombre de stations où ils ont été rencontrés (c.-à-d. la répartition spatiale) et du nombre total de prises (c.-à-d. le niveau de la population). Chaque colonne correspond à une gamme de nombres de calées efficaces (par exemple, 29 avaient un nombre de prises compris entre 0 et 1 ET entre 1 et 5 calées efficaces). La plupart des taxons n'ont été rencontrés que sporadiquement dans l'expérience de pêche comparative et il n'y avait pas suffisamment de données pour l'analyse; quelques espèces étaient à la fois abondantes et largement réparties.

<b>Nombre total de prises</b>	<b>1 à 5 calées efficaces</b>	<b>5 à 50 calées efficaces</b>	<b>50 à 100 calées efficaces</b>	<b>&gt;100 calées efficaces</b>
0 à 1	29	11	4	2
1 à 10	51	2	2	0
10 à 100	5	21	1	0
100 à 1 000	1	25	5	0
> 1 000	0	6	8	5

Tableau 7. Regroupements taxonomiques employés pour l'analyse des données sur la pêche comparative. Les codes, couramment appelés codes RVAN, sont ceux utilisés normalement dans la région des Maritimes du MPO.

Taxon	Code du taxon	Codes dans le groupe
<i>Merluccius bilinearis</i>	14	14, 19
<i>Leucoraja erinacea</i>	203	203, 204
<i>Artediellus</i> sp.	323	323, 306, 880
<i>Liparidae</i>	500	500, 505, 512, 520, 868
<i>Cancer borealis</i>	2511	2511, 2513
<i>Hyas</i> sp.	2520	2520, 2521, 2527
<i>Pagurus</i> sp.	2560	2560, 2561, 2562
<i>Polychètes</i>	3000	3000 - 3104
<i>Aphrodita hastata</i>	3200	3200, 3210
<i>Buccinum</i> sp.	4210	4209, 4210, 4211, 4212
<i>Nudibranches</i>	4400	4400. 4410
<i>Pycnogonida</i>	5100	5100, 5101, 5102
Ophiuroidea	6200	6200, 6211, 6213
<i>Euryalida</i>	6300	6300, 6310
<i>Strongylocentrotus</i> sp.	6400	6400, 6411
<i>Holothuroidea</i>	6600	6600, 6601, 6611
Scyphozoa	8500	8500, 8511
Porifères	8600	8600-8612, 8614, 8617-8623, 8628-8632, 8637-8699

Tableau 8. Sommaire du traitement des données et des résultats pour certains taxons, y compris l'exclusion de certaines longueurs des analyses sans regroupement par longueur et le rejet des résultats de la sélection automatique des modèles.

Taxons	Code du taxon	Considérations spéciales
<i>Myctophidae</i> , <i>Placopecten magellanicus</i> , <i>Chlamys islandica</i>	150, 4321, 4322	Les modèles avec et sans regroupement par longueur ont été rejetés en raison de préoccupations entourant les données et la pertinence des modèles; aucune recommandation n'a donc été formulée

<b>Taxons</b>	<b>Code du taxon</b>	<b>Considérations spéciales</b>
<i>Leucoraja erinacea</i>	203	Les modèles sans regroupement par longueur ont été rejetés en raison de la petite gamme de mesures pour la majorité des données sur les prises jumelées efficaces
<i>Arteidiellus</i> sp., <i>Ammodytes dubius</i>	323, 610	MSRL rejeté en raison de l'insuffisance des données
<i>Helicolenus dactylopterus</i> , <i>Notolepis rissoi</i>	123, 712	Les modèles sans regroupement par longueur ont été rejetés en raison du large intervalle de confiance de 95 % indiquant une incertitude dans la dépendance à la longueur
<i>Octopoda</i>	4521	Le modèle avec regroupement par longueur a été rejeté et aucune conversion n'a pu être estimée en raison d'un manque d'information dans les données ou d'un manque de confiance dans les résultats
<i>Strongylocentrotus</i> sp.	6400	Le modèle avec regroupement par longueur a été rejeté en raison de préoccupations entourant les données (probablement des données corrompues)
<i>Crangon</i> sp.	2416	Le modèle avec regroupement par longueur a été rejeté en raison des estimations irréalistes dans lesquelles la conversion indique une différence de plus de 20 fois, mais le modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises a été conservé

Tableau 9. Sommaire des résultats des analyses de la pêche comparative et recommandations pour l'étalonnage des navires.

Type d'analyse	Nombre de taxons	Type de recommandations et commentaires
Sans regroupement par longueur pour le nombre de prises	Les résultats pour 35 taxons ont été présentés en figures	<p>Dans 22 cas, on n'a relevé aucune différence significative de capturabilité</p> <p>Dans 8 cas, des recommandations dépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle sans regroupement par longueur</p> <p>Dans 5 cas, des recommandations indépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle sans regroupement par longueur</p>
Avec regroupement par longueur pour le nombre de prises	Les résultats pour 19 taxons ont été présentés en figures	<p>Dans 14 cas, aucun étalonnage n'était requis, c'est-à-dire que l'intervalle de confiance chevauchait 1</p> <p>Dans 4 cas, des recommandations indépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle avec regroupement par longueur</p> <p>Dans 1 cas, aucune recommandation n'a été formulée</p>
Avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises	19	Les résultats pour la biomasse ont été fournis sous forme de résultats supplémentaires du modèle avec regroupement par longueur pour les nombres
Aucune recommandation	113	Données insuffisantes pour les analyses ou analyses rejetées en raison d'une insuffisance des données
Nombre total de taxons dans les analyses (après regroupement)	166	Voir le regroupement des taxons dans le tableau 5
Nombre total de taxons rencontrés	178	Nombre total d'espèces rencontrées dans les traits de pêche comparative



Tableau 10. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sans regroupement par longueur, d'après les valeurs delta du critère d'information d'Akaike ( $\Delta CIA$ ) et du critère d'information de Bayes ( $CIB$ ). Les entrées avec “—” indiquent les modèles qui n'ont pas convergé. Les modèles BB7 n'ont convergé pour aucun taxon et ne sont pas inclus dans le tableau.

Code du taxon	$\Delta CIA_{BI0}$	$\Delta CIA_{BI1}$	$\Delta CI_{A_{BI2}}$	$\Delta CI_{A_{BI3}}$	$\Delta CI_{A_{BI4}}$	$\Delta CIA_{BB0}$	$\Delta CIA_{BB1}$	$\Delta CIA_{BB2}$	$\Delta CIA_{BB3}$	$\Delta CIA_{BB4}$	$\Delta CIA_{BB5}$	$\Delta CIA_{BB6}$	$\Delta CI_{B_{BI0}}$	$\Delta CI_{B_{BI1}}$	$\Delta CI_{B_{BI2}}$	$\Delta CI_{B_{BI3}}$	$\Delta CI_{B_{BI4}}$	$\Delta CIB_{BB0}$	$\Delta CIB_{BB1}$	$\Delta CIB_{BB2}$	$\Delta CIB_{BB3}$	$\Delta CIB_{BB4}$	$\Delta CIB_{BB5}$	$\Delta CIB_{BB6}$
10	767	0	617	2	—	244	0	234	236	2	5	—	762	0	621	11	—	244	5	243	254	16	28	—
11	619	62	558	63	—	287	8	291	—	11	0	—	600	48	550	60	—	274	0	288	—	13	13	—
12	21	9	19	13	15	6	0	7	8	3	6	—	12	5	19	17	32	2	0	11	21	11	23	—
13	17	0	17	2	—	12	2	14	17	4	—	—	14	0	20	8	—	12	5	20	30	13	—	—
14	278	44	269	27	—	85	9	88	84	0	2	—	261	31	261	23	—	72	0	84	89	0	11	—
16	440	3	412	0	—	221	4	206	206	2	5	—	434	0	413	5	—	218	5	211	218	11	21	—
23	4136	604	3947	480	566	627	35	624	628	13	0	—	4105	579	3927	464	566	601	15	608	623	3	0	—
30	4	0	8	4	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0	11	10	—	—	—	—	—	—	—	—
31	111	14	75	5	—	33	0	37	41	0	4	—	103	11	75	8	—	29	0	41	52	8	19	—
40	734	47	684	32	—	387	14	358	345	0	0	—	712	30	673	26	—	370	3	352	351	0	11	—
41	128	19	104	4	68	73	11	62	64	0	4	—	110	6	95	0	78	59	3	58	70	0	13	—
42	164	13	167	14	—	82	0	86	89	2	2	—	154	9	167	19	—	77	0	90	103	11	20	—
43	28	3	28	5	24	17	0	19	21	3	6	—	21	0	29	9	39	14	1	23	32	10	20	—
60	1710	259	1620	240	—	185	7	185	189	0	4	—	1694	247	1613	237	—	173	0	182	195	2	14	—
62	34	3	35	6	—	13	1	14	12	3	0	—	28	0	34	9	—	10	0	17	20	8	11	—
64	1766	125	1055	92	28	42	0	42	45	4	—	—	1761	122	1055	95	39	40	0	44	53	9	—	—
112	113	2	115	0	—	69	3	72	73	2	—	—	108	0	116	4	—	67	3	76	83	9	—	—
123	123	41	116	6	—	35	9	39	40	0	0	—	111	32	110	3	—	26	3	36	43	0	6	—
150	225	69	206	16	—	37	21	34	—	0	—	—	217	63	202	14	—	31	17	32	—	0	—	—
201	10	0	12	4	—	9	1	11	14	5	—	—	6	0	16	12	—	9	5	20	30	17	—	—
202	1	0	5	3	—	3	—	6	10	—	—	—	0	1	9	9	—	4	—	13	22	—	—	—
203	22	0	26	4	—	—	—	28	—	—	—	—	19	0	30	10	—	—	—	35	—	—	—	—
220	33	14	21	0	—	24	12	16	19	2	4	—	22	6	18	0	—	17	9	16	26	5	15	—
300	70	0	68	2	—	43	0	44	47	3	—	—	66	0	73	11	—	43	4	52	64	15	—	—
304	71	19	63	14	—	18	7	11	15	0	2	—	59	10	57	11	—	9	1	8	18	0	9	—

Code du taxon	$\Delta$ CIA BI0	$\Delta$ CIA BI1	$\Delta$ CI A BI2	$\Delta$ CI A BI3	$\Delta$ CI A BI4	$\Delta$ CIA BB0	$\Delta$ CIA BB1	$\Delta$ CIA BB2	$\Delta$ CIA BB3	$\Delta$ CIA BB4	$\Delta$ CIA BB5	$\Delta$ CIA BB6	$\Delta$ CI B BI0	$\Delta$ CI B BI1	$\Delta$ CI B BI2	$\Delta$ CI B BI3	$\Delta$ CI B BI4	$\Delta$ CIB BB0	$\Delta$ CIB BB1	$\Delta$ CIB BB2	$\Delta$ CIB BB3	$\Delta$ CIB BB4	$\Delta$ CIB BB5	$\Delta$ CIB BB6
320	40	6	30	9	—	13	0	12	16	3	6	—	33	2	30	13	—	10	0	16	27	11	21	—
323	38	2	41	0	—	13	1	16	—	1	—	—	34	0	41	2	—	11	0	18	—	5	—	—
340	21	17	1	0	—	17	17	2	6	—	—	—	15	14	0	2	—	14	16	5	14	—	—	—
350	0	2	4	6	—	—	—	—	—	—	—	—	0	5	9	14	—	—	—	—	—	—	—	—
400	0	2	4	6	12	2	4	6	—	—	—	14	0	5	10	14	29	5	10	14	—	—	—	33
610	2572	277	2121	155	—	356	45	333	336	4	0	—	2553	262	2109	147	—	341	33	325	336	0	4	—
622	5	2	4	2	—	2	0	3	5	1	2	—	1	0	5	6	—	1	1	7	15	8	15	—
623	123	34	88	1	—	37	17	28	30	0	—	—	112	27	84	0	—	30	12	27	35	2	—	—
640	1	0	5	3	—	3	2	6	10	5	—	—	0	1	9	10	—	4	6	13	23	15	—	—
647	20	0	18	4	—	20	—	19	—	—	—	—	17	0	21	10	—	20	—	26	—	—	—	—
712	189	17	171	0	—	50	19	46	46	—	—	—	183	13	169	0	—	46	17	46	50	—	—	—
2511	31	1	34	1	—	23	0	26	29	1	3	—	26	0	37	8	—	22	3	33	42	11	20	—
2520	59	0	63	3	—	52	1	55	44	3	3	—	55	0	68	12	—	52	5	64	62	17	26	—
2526	807	43	772	22	287	271	16	250	244	0	0	—	785	26	760	16	298	253	4	244	249	0	11	—
2550	0	1	0	1	—	—	—	2	—	—	—	—	0	4	7	12	—	—	—	13	—	—	—	—
4321	51	0	41	3	—	50	2	43	—	5	—	—	48	0	44	10	—	50	5	49	—	15	—	—
4322	61	3	59	7	—	47	0	48	52	4	8	—	54	0	60	11	—	44	0	51	62	11	21	—
4511	726	35	693	31	—	108	0	112	107	1	0	—	718	31	692	35	—	104	0	116	119	8	16	—

Tableau 11. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux avec regroupement par longueur pour les nombres de prises d'après les valeurs du critère d'information d'Aikaike (CIA) et du critère d'information de Bayes (CIB), et estimations du facteur de conversion, avec les intervalles de confiance à 95 % approximatifs, pour les prises en nombre et en biomasse. Les résultats présentés comprenaient des taxons pour lesquels des analyses sans regroupement par longueur ont également été entreprises. Les décisions concernant les facteurs de conversion recommandés pour chaque taxon sont présentées dans le tableau 7. Les entrées avec un tiret (—) indiquent que le modèle n'a pas convergé.

Code du taxon	CIA BI0	CIA BI1	CIA BB0	CIA BB1	CIB BI0	CIB BI1	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
10	1404	408	406	408	1407	414	411	416	1,02 (0,81, 1,29)	1048	1410	0,82 (0,64, 1,05)
11	1258	641	638	640	1261	646	643	648	0,89 (0,76, 1,04)	1324	1651	0,94 (0,84, 1,05)
12	262	251	251	253	264	255	255	259	1,12 (0,93, 1,36)	660	858	1,16 (0,94, 1,42)
13	139	121	121	123	140	125	124	128	0,98 (0,68, 1,41)	173	262	1,06 (0,79, 1,44)
14	661	409	406	408	663	414	411	415	0,95 (0,77, 1,16)	437	684	0,92 (0,81, 1,05)
16	696	192	190	192	698	195	194	197	0,74 (0,47, 1,16)	603	716	0,68 (0,48, 0,97)
23	6747	861	853	855	6750	867	859	863	1,13 (0,92, 1,39)	972	1391	1,23 (0,99, 1,52)
30	100	96	95	97	102	99	99	102	1,03 (0,66, 1,63)	453	552	1,04 (0,56, 1,93)
31	258	151	151	153	260	154	154	157	0,99 (0,72, 1,36)	336	412	1,28 (0,99, 1,67)
40	1516	765	764	766	1519	771	770	775	1,01 (0,87, 1,16)	1023	1538	0,98 (0,87, 1,11)
41	531	415	415	417	533	420	420	424	0,96 (0,8, 1,15)	572	899	1,03 (0,89, 1,18)
42	540	389	389	391	542	394	394	398	1,06 (0,88, 1,26)	511	730	1,15 (1,02, 1,29)
43	155	131	130	132	157	133	133	136	1,24 (0,89, 1,73)	230	299	1,18 (0,93, 1,49)
50	118	111	110	112	120	114	113	117	1 (0,64, 1,57)	240	357	1,31 (0,71, 2,43)
60	2337	605	597	599	2340	610	603	607	1,08 (0,85, 1,37)	913	1253	0,99 (0,81, 1,21)
61	48	44	44	46	49	45	45	48	1,22 (0,58, 2,56)	101	124	1,29 (0,68, 2,47)
62	135	105	104	106	137	107	107	110	0,71 (0,47, 1,08)	107	173	0,84 (0,61, 1,15)
64	4850	173	172	174	4851	175	175	178	1,53 (0,94, 2,49)	28	91	1,34 (0,75, 2,4)
112	228	117	115	117	229	119	117	120	1,67 (0,9, 3,3)	118	169	1,29 (0,77, 2,14)
114	57	59	58	60	58	61	61	64	1,56 (0,96, 2,53)	-32	19	1,3 (0,78, 2,15)

Code du taxon	CIA BI0	CIA BI1	CIA BB0	CIA BB1	CIB BI0	CIB BI1	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
123	196	114	113	115	197	116	115	119	1,01 (0,61, 1,68)	90	137	0,89 (0,6, 1,33)
150	267	76	75	77	268	77	76	78	1,21 (0,54, 2,71)	-52	-30	0,65 (0,24, 1,75)
201	232	223	222	224	235	227	227	231	1,12 (0,91, 1,4)	636	879	1,44 (1, 2,08)
202	95	94	93	95	97	97	96	100	1,11 (0,68, 1,8)	222	314	1,09 (0,7, 1,7)
203	134	111	110	112	135	114	113	117	1,06 (0,66, 1,71)	284	360	1,2 (0,8, 1,8)
220	164	120	120	122	166	123	122	126	1,09 (0,88, 1,35)	394	470	1,16 (1,02, 1,31)
241	73	73	72	74	74	76	75	79	1,42 (0,91, 2,19)	10	80	0,98 (0,62, 1,54)
300	404	330	329	331	406	335	334	338	0,86 (0,71, 1,04)	466	717	0,88 (0,75, 1,04)
304	244	192	191	193	246	196	195	199	1,18 (0,82, 1,69)	-173	-32	1,24 (0,95, 1,62)
320	220	185	184	186	222	190	188	192	0,74 (0,54, 1,01)	484	656	0,63 (0,47, 0,85)
323	128	93	91	93	130	95	94	97	0,93 (0,53, 1,6)	-212	-143	0,81 (0,52, 1,24)
340	148	144	144	146	150	148	148	151	0,91 (0,63, 1,33)	-461	-312	1,08 (0,82, 1,43)
350	70	72	72	74	71	74	74	77	1,72 (1,3, 2,27)	-95	-51	2,08 (1,39, 3,13)
400	101	103	103	—	103	107	107	—	1,12 (0,82, 1,54)	436	570	1,08 (0,75, 1,55)
410	48	50	50	52	49	51	51	54	0,87 (0,56, 1,35)	-19	6	0,84 (0,41, 1,75)
502	57	57	57	59	58	60	59	62	1,73 (1,05, 2,86)	-104	-50	1,62 (0,96, 2,75)
610	11685	357	350	352	11687	360	354	357	1,49 (0,93, 2,38)	309	418	2,48 (1,72, 3,57)
622	86	82	82	84	87	85	85	88	2,02 (1,18, 3,49)	-33	15	2,21 (1,59, 3,05)
623	256	165	165	167	258	168	168	171	1,47 (1,07, 2,01)	-119	-53	1,61 (1,34, 1,94)
640	82	81	80	82	84	84	83	86	0,68 (0,41, 1,11)	107	170	0,57 (0,4, 0,81)
647	133	113	113	115	134	115	115	119	1,42 (0,91, 2,24)	79	142	1,49 (0,93, 2,38)
712	239	65	65	67	239	66	66	69	1,16 (0,51, 2,63)	6	23	1,26 (0,7, 2,26)
2211	144329	470	457	454	144330	473	460	460	1,08 (0,33, 3,56)	486	609	1,3 (0,88, 1,93)
2212	87787	621	600	607	87789	626	605	615	0,82 (0,58, 1,16)	526	874	1,54 (1,07, 2,21)

Code du taxon	CIA BI0	CIA BI1	CIA BB0	CIA BB1	CIB BI0	CIB BI1	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
2416	4053	199	208	210	4055	203	212	216	0 (0,0)	36	189	0,71 (0,4, 1,25)
2511	212	182	181	183	215	187	185	189	1,12 (0,78, 1,59)	273	464	0,84 (0,56, 1,25)
2520	329	269	268	269	331	274	272	276	1,39 (1,08, 1,79)	-122	97	1,47 (1,15, 1,87)
2523	68	70	—	—	70	73	—	—	1,53 (1,02, 2,32)	133	202	1,72 (1,13, 2,62)
2526	1273	509	508	509	1275	514	512	516	1,69 (1,39, 2,05)	554	838	1,85 (1,59, 2,16)
2550	121	121	121	123	123	125	125	128	0,85 (0,7, 1,02)	399	501	0,99 (0,79, 1,23)
2559	143	139	138	140	145	143	143	147	2,55 (1,75, 3,72)	-57	130	3,02 (2,06, 4,43)
4321	149	123	121	123	151	127	125	128	1,7 (1,07, 2,72)	147	249	1,47 (1, 2,17)
4322	147	110	110	112	149	113	112	116	1,87 (1,08, 3,22)	79	145	2,2 (1,51, 3,21)
4511	1425	447	440	441	1428	452	445	449	0,9 (0,69, 1,18)	340	701	1,13 (0,9, 1,41)
4521	135	92	94	96	137	96	98	102	746,63 (15,12, 36874,97)	-105	18	2,51 (1,63, 3,86)
6100	2492	816	799	800	2495	822	805	809	1,14 (0,91, 1,43)	281	857	1,46 (1,25, 1,71)
6400	2886	248	238	240	2888	252	243	247	0,55 (0,35, 0,85)	164	351	2,3 (1,9, 2,79)
6500	268	159	156	158	270	163	160	164	2,59 (1,59, 4,21)	4	156	2,28 (1,63, 3,17)
6600	552	235	229	231	554	240	233	237	1,03 (0,69, 1,54)	428	604	1,72 (1,32, 2,25)

## 8. FIGURES

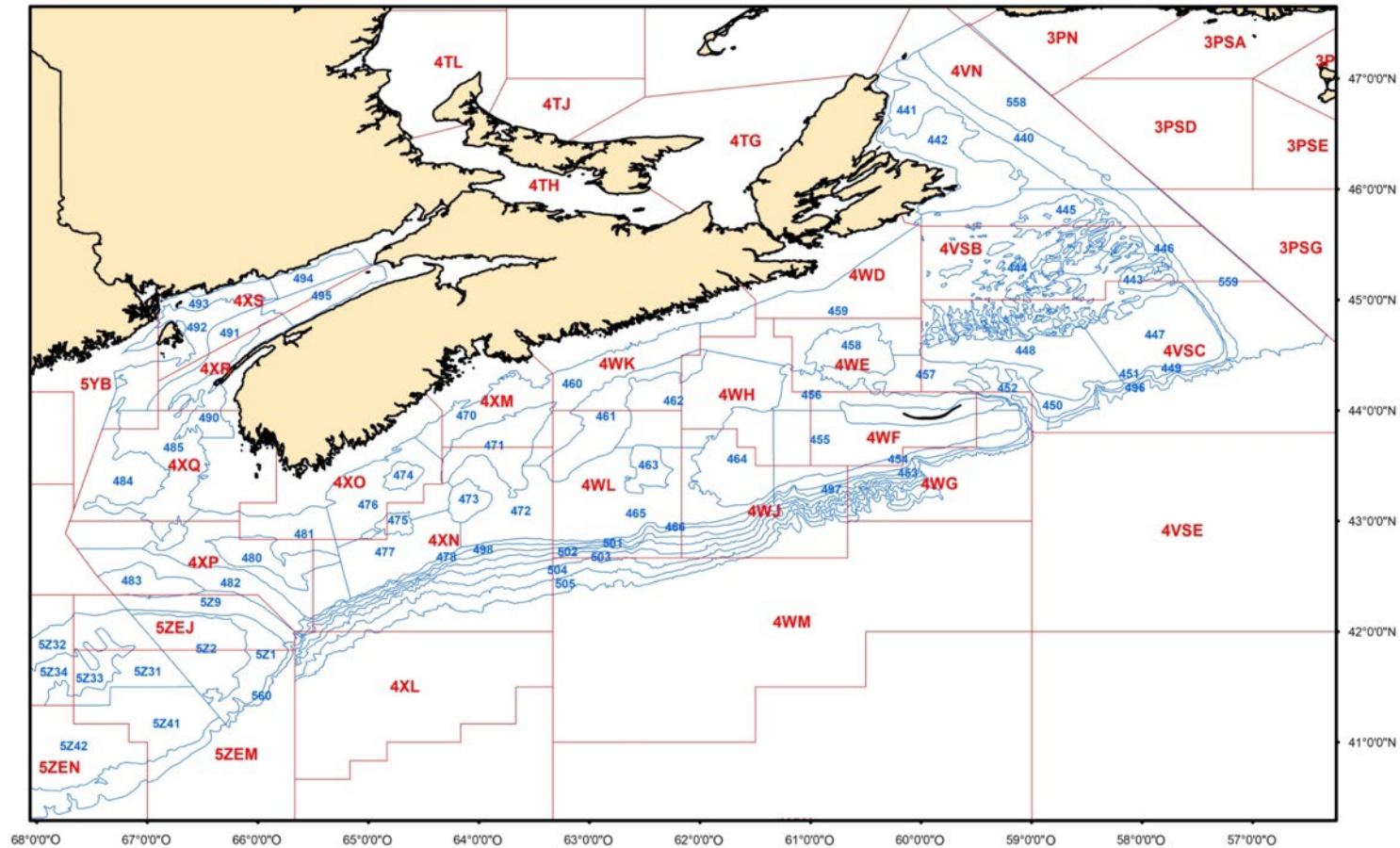


Figure 1. Carte de la stratification pour le relevé d'été par NR (navire de recherche) dans la région des Maritimes. Les strates sont indiquées en bleu et les zones unitaires du MPO, en rouge. Le plan des strates s'est élargi au fil des ans pendant que le Needler était en service. De 1970 à 1995, l'échantillonnage était concentré dans les strates 440 à 495. La couverture spatiale a été étendue au talus du plateau néo-écossais (strates 496 à 498) en 1996 et au chenal de Fundy (strates 5Z1 et 5Z9) en 2011. La zone échantillonnée s'est étendue aux strates 558 et 559 en 2014 et à la strate 5Z2 en 2016.

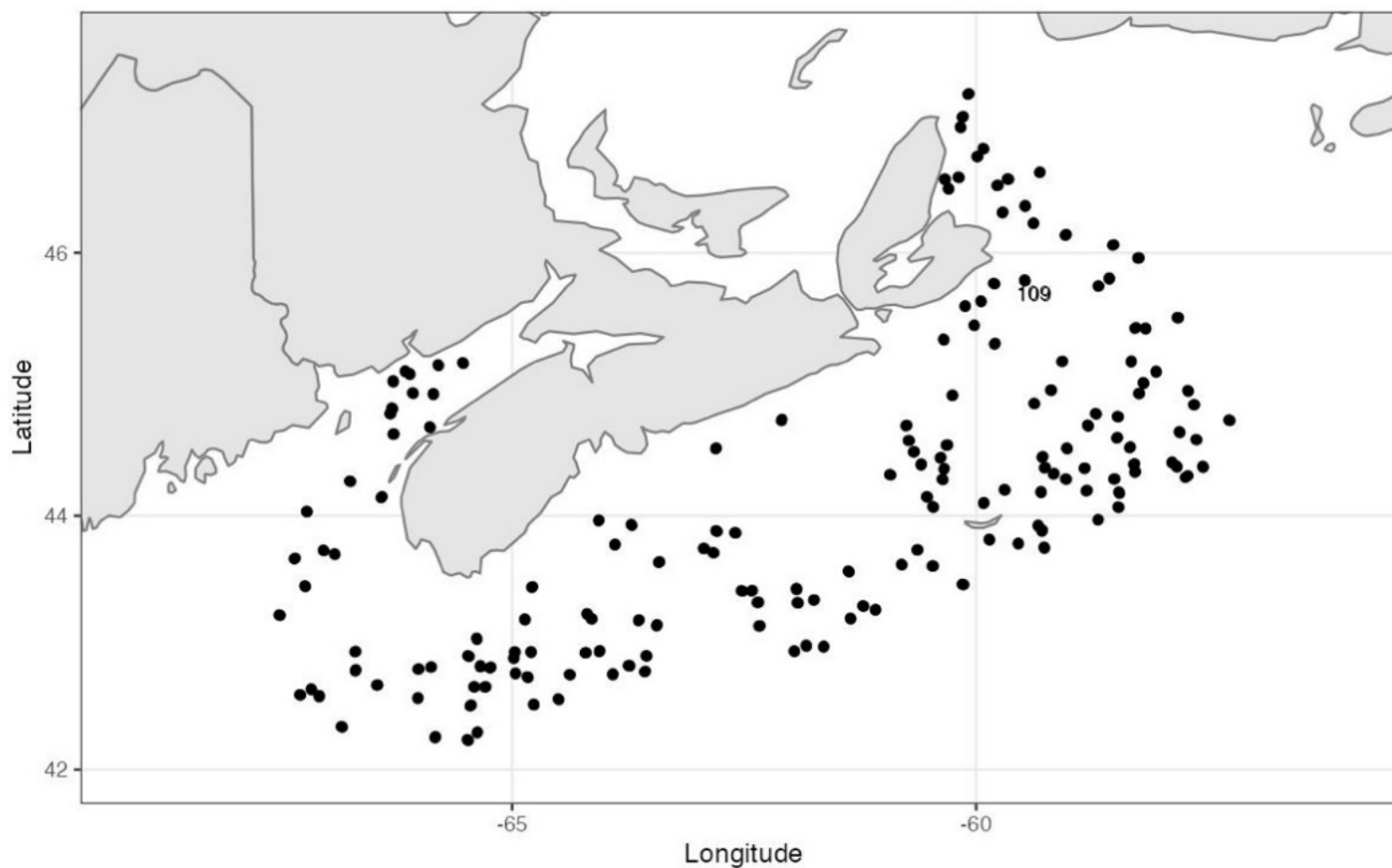


Figure 2. Emplacements des calées de pêche comparative de 2005 de l'expérience de pêche comparative estivale de la région des Maritimes. La station 109 où les calées jumelées présentaient une différence de profondeur supérieure à 25 % est indiquée.

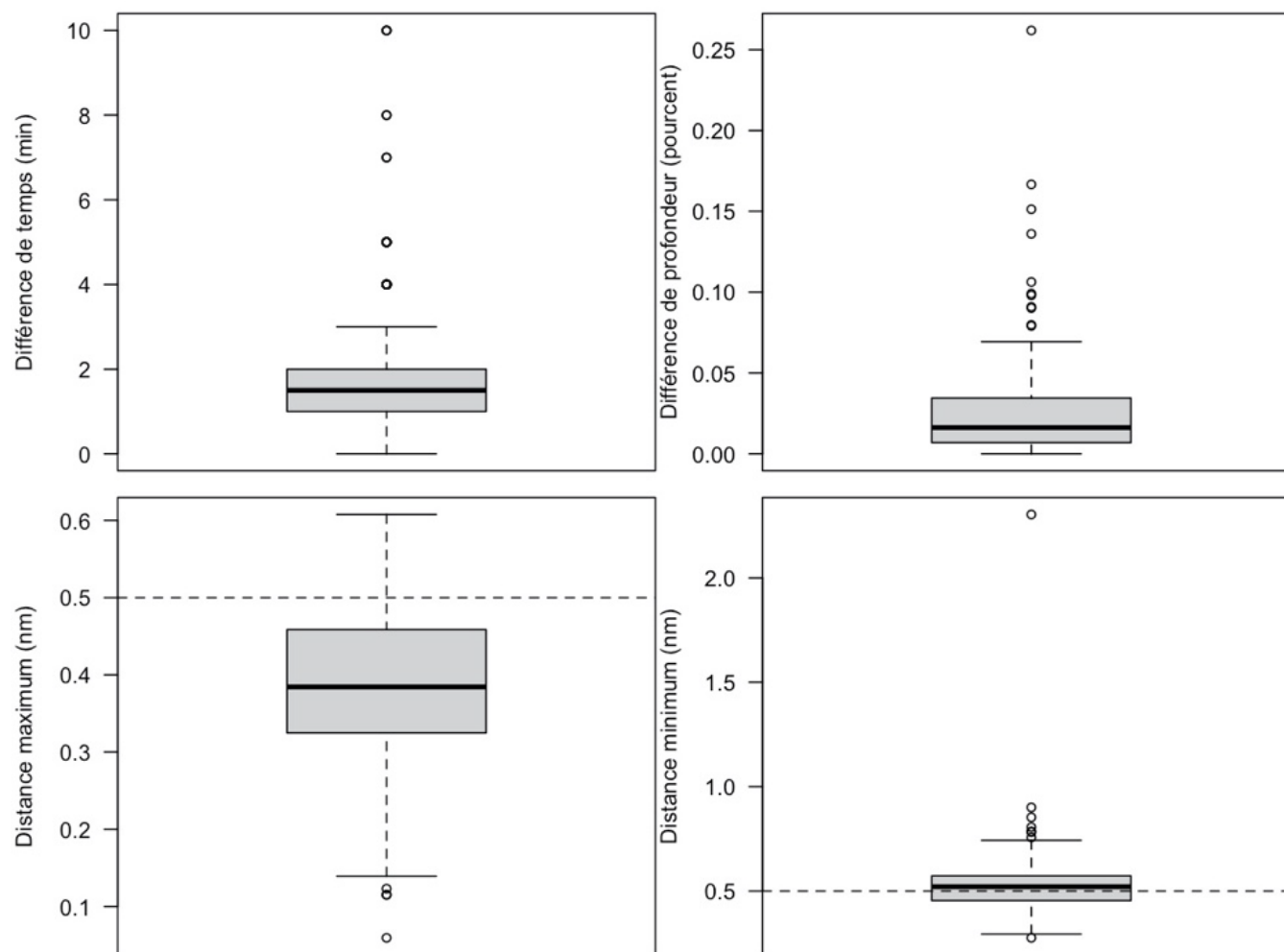


Figure 3. Diagramme de quartiles montrant le temps en minutes entre le début de la pêche entre les navires, la différence de profondeur en mètres entre les navires et les distances minimales et maximales entre les navires, en milles marins (nm).



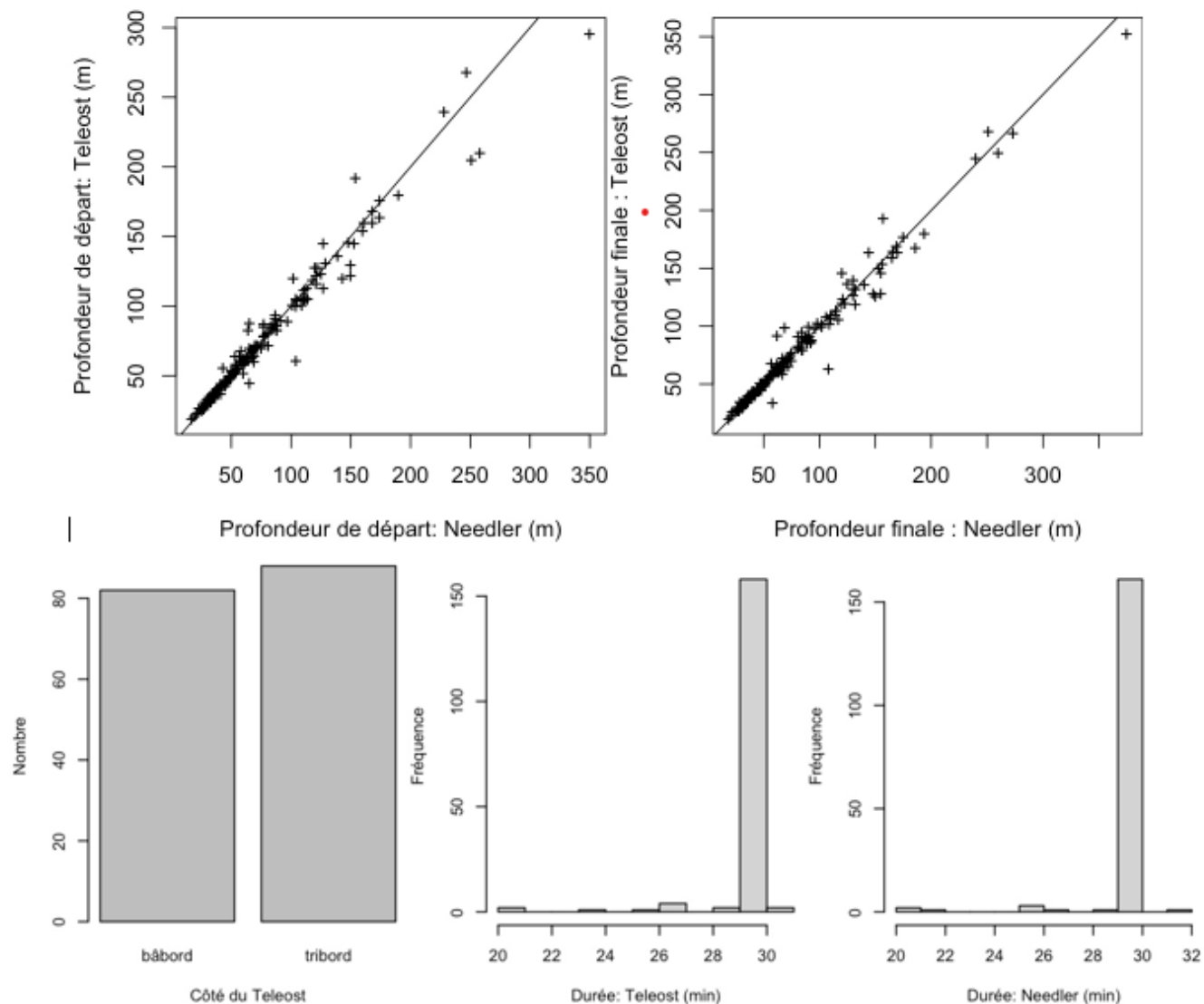


Figure 4. Validation des paires de traits. Les deux graphiques du haut indiquent la profondeur des lieux de départ et d'arrivée de chaque paire de traits, en mètres (m). Le graphique du bas à gauche indique le nombre de paires où le Teleost a pêché de chaque côté. Les deux graphiques du bas à droite résument la durée des traits, en minutes, pour tous les traits des deux navires, respectivement.

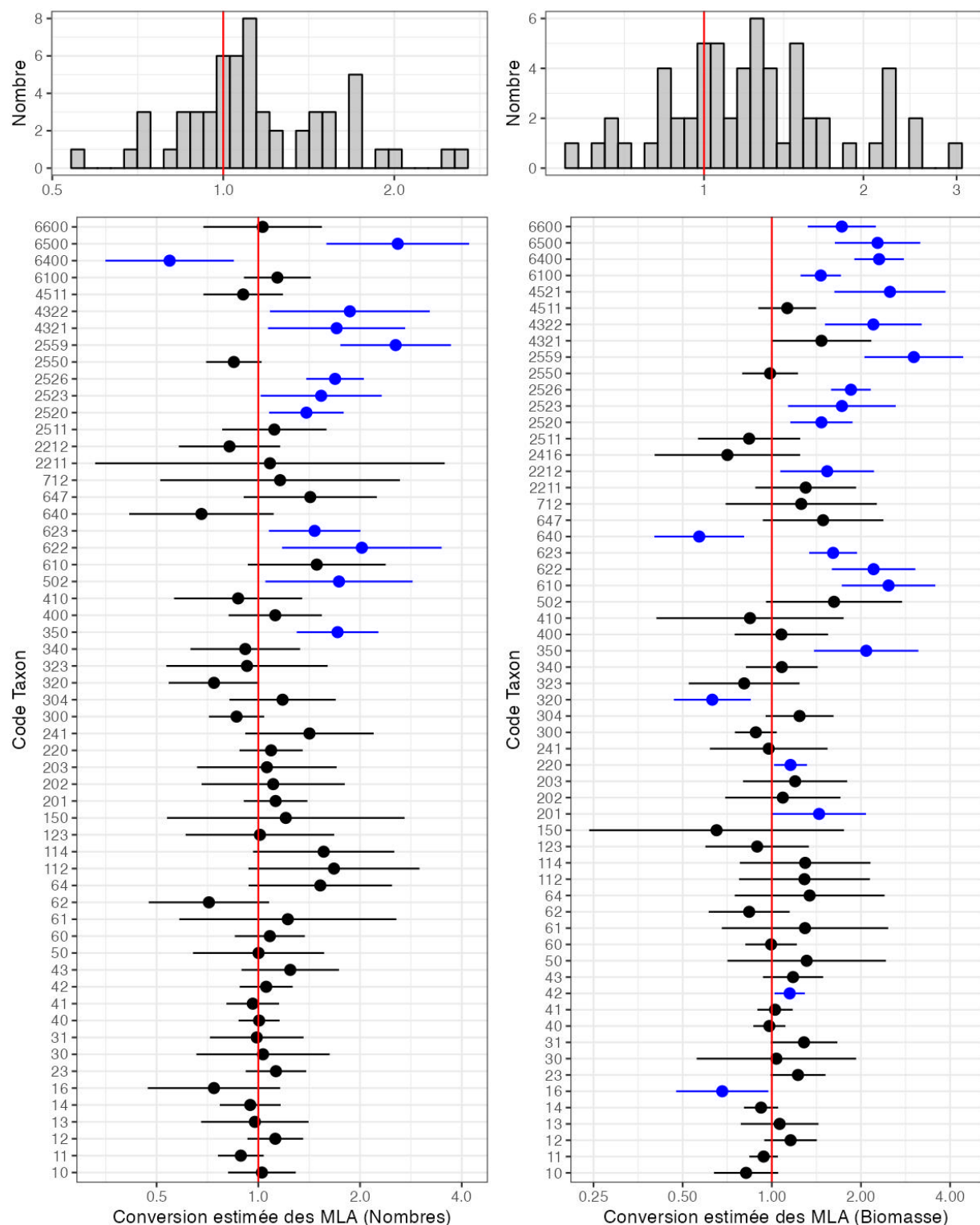


Figure 5. Facteurs de conversion estimés et intervalle de confiance à 95 % pour le nombre de prises et la biomasse des taxons (voir les codes dans le tableau 5) utilisant les modèles avec regroupement par longueur (MRL, voir plus de détails à la section 2.2) et histogrammes sommaires pour les facteurs de conversion estimés (les taxons dont les facteurs de conversion indiquaient une différence significative entre les navires apparaissent en bleu). Les lignes verticales rouges indiquent une conversion égale à 1.

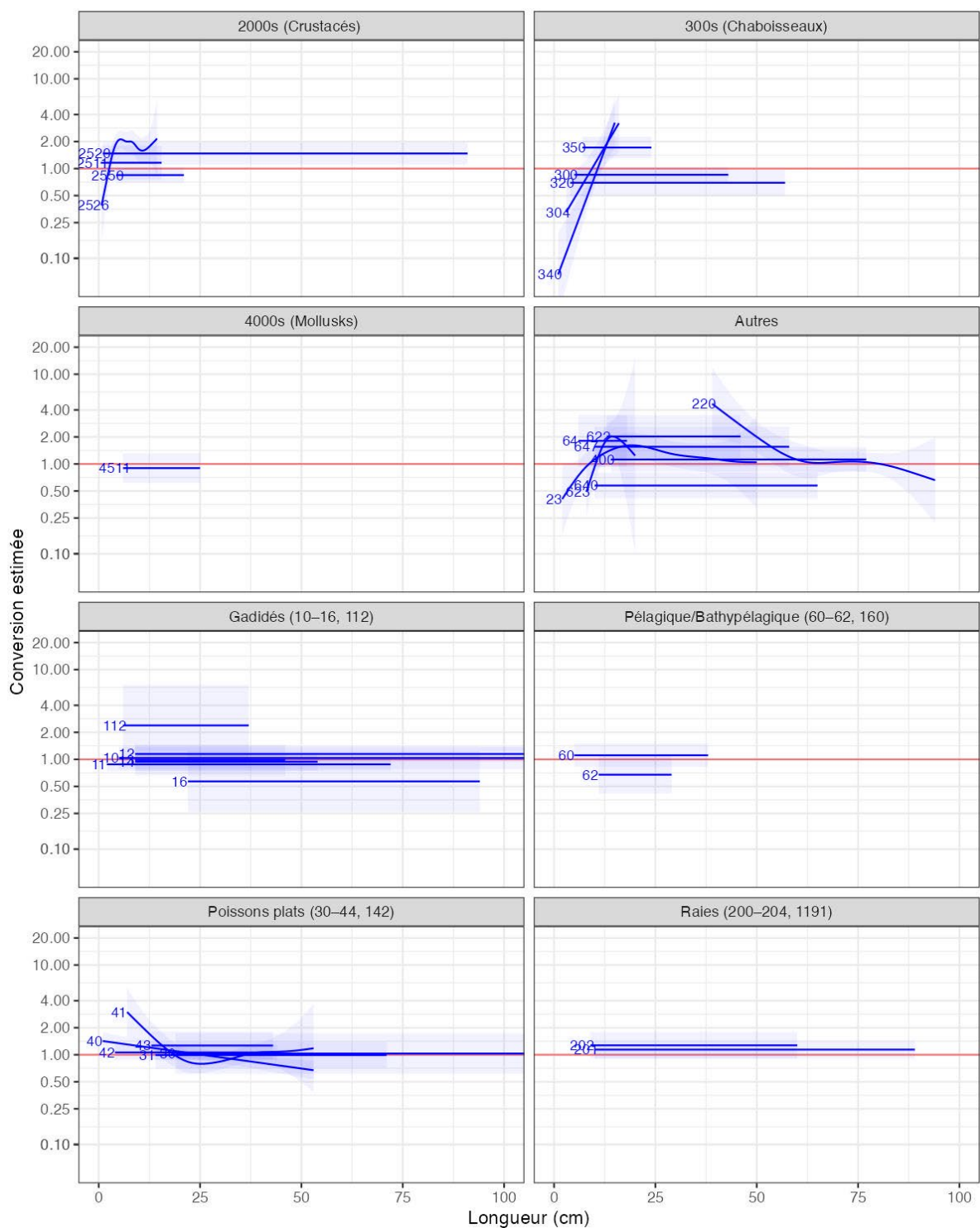


Figure 6. Facteurs de conversion estimés et intervalle de confiance à 95 % pour le nombre de prises et la biomasse des taxons (voir les codes dans le tableau 5) utilisant les modèles sans regroupement par longueur (MSRL, voir plus de détails à la section 2.2). Les lignes horizontales rouges indiquent une conversion égale à 1. Les taxons ont été regroupés approximativement en fonction de la taxonomie (et identifiés à l'aide des codes des taxons) dans chaque graphique.

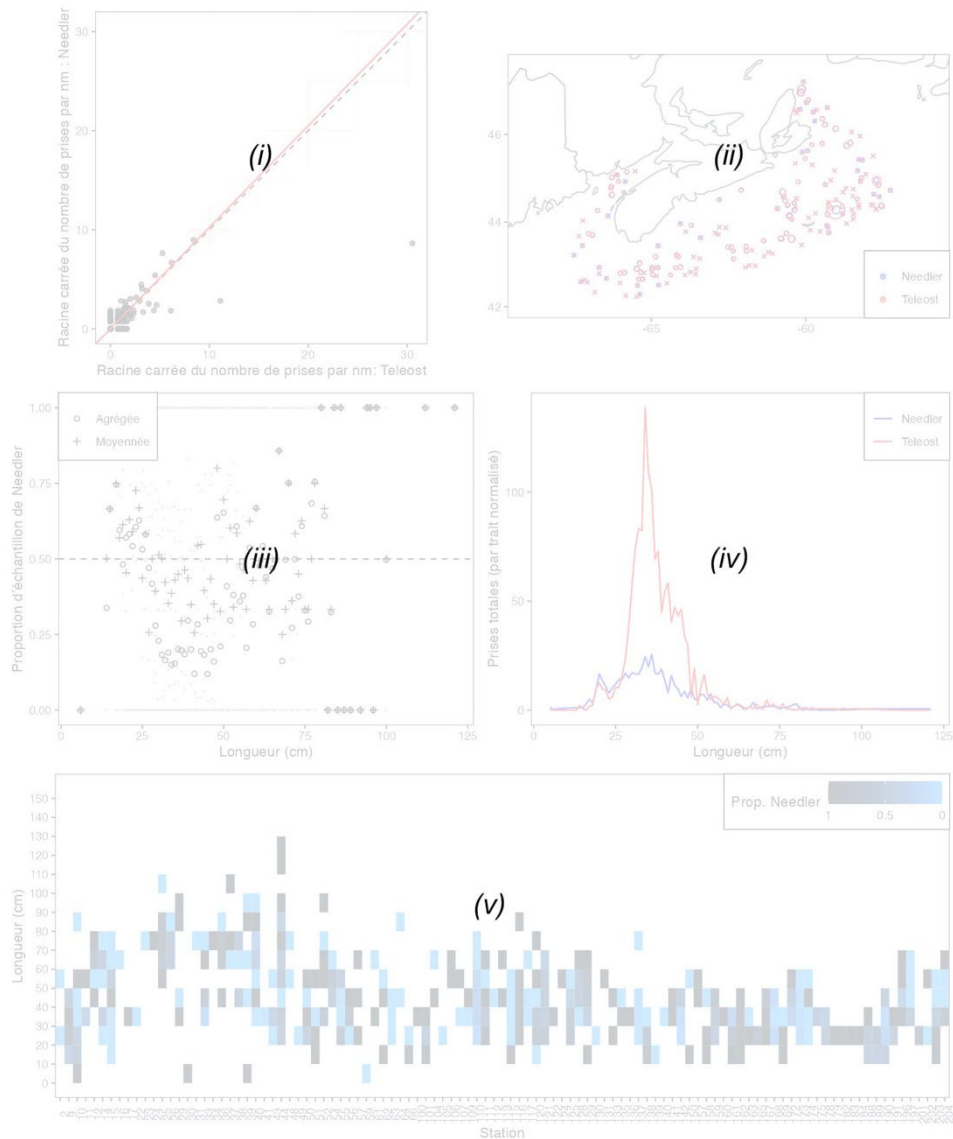


Figure 7. Interprétation du premier des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (i) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises du Needler et par rapport à la racine carrée du nombre de prises du Teleost, où la ligne rouge et l'intervalle ombré indiquent la conversion estimée et l'intervalle de confiance à 95 % approximatif selon le meilleur modèle avec regroupement par longueur. (ii) Présente une carte des prises par le navire de la Garde côtière canadienne (NGCC) Teleost (cercles rouges) et par le NGCC Teleost (cercles bleus) en calées de pêche comparative, où la taille du cercle est proportionnelle au nombre de prises et où les prises nulles sont indiquées par x. (iii) Graphique des proportions empiriques de la prise en paires effectuée par le Needler en fonction de la longueur pour chaque paire de calées (points gris) et moyennée pour les paires de calées dans chaque tranche de longueur (croix noire) et regroupés par paires de calées (cercles noirs). (iv) Fréquences de longueur totale pour les prises effectuées par le Needler (ligne bleue) et par le Teleost (ligne rouge). (v) Compositions des proportions de prises par le Teleost, où les longueurs ont été regroupées par intervalles de 10 cm (ou mm).

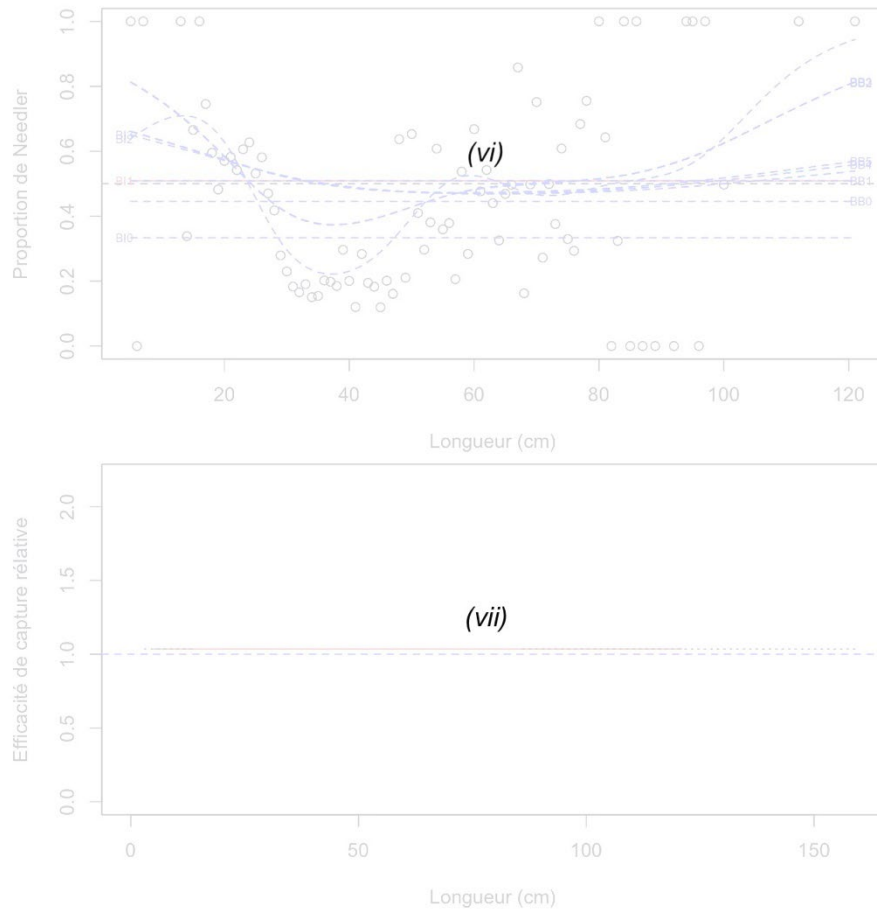


Figure 8. Interprétation du deuxième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (vi) Estimation des fonctions de proportion des prises selon la longueur,  $\text{logit}(p_{Ai}(l))$ , pour chaque modèle convergé; le modèle sélectionné étant représenté par une ligne rouge avec son intervalle de confiance (IC) à 95 % approximatif (zone ombrée), ainsi que la proportion empirique moyenne selon la classe de longueur des prises totales d'une paire effectuée par le NGCC Alfred Needler (cercles noirs). (vii) Estimation de la fonction de l'efficacité de capture relative (facteur de conversion) du meilleur modèle (avec l'IC à 95 %). La ligne rouge horizontale tiretée indique l'efficacité équivalente entre les navires, et la ligne noire pointillée représente la fonction d'efficacité de capture relative qui suppose une efficacité constante pour les petites et les grandes tailles (c. à d. étendues aux mesures de longueur minimale et maximale dans la base de données des relevés historiques).

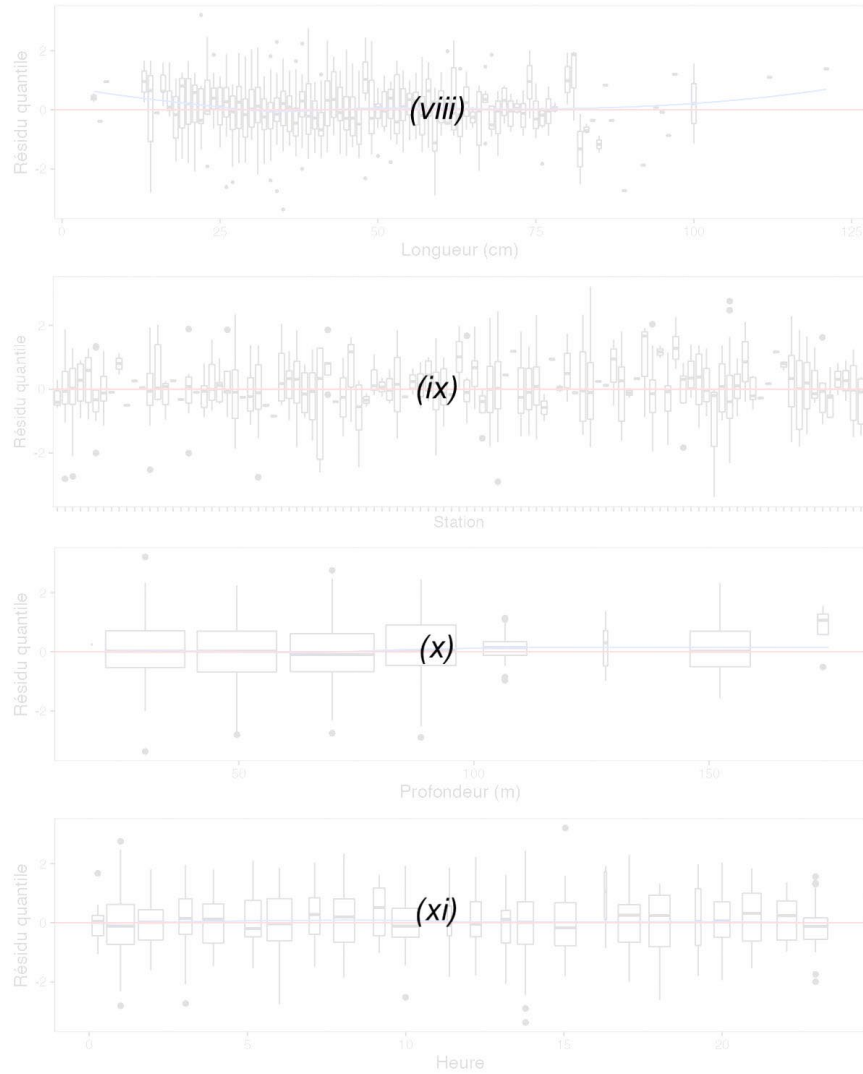


Figure 9. Interprétation du troisième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. Diagramme en boîte des quantiles des résidus normalisés en tant que fonction de : (viii) la longueur, (ix) la station, (x) la classe de profondeur et (xi) l'heure. Les lignes horizontales rouges indiquent les zéros et les lignes bleues sont les lissages sur les résidus avec une intervalle de confiance (IC) à 95 % dans la zone ombrée en bleu.

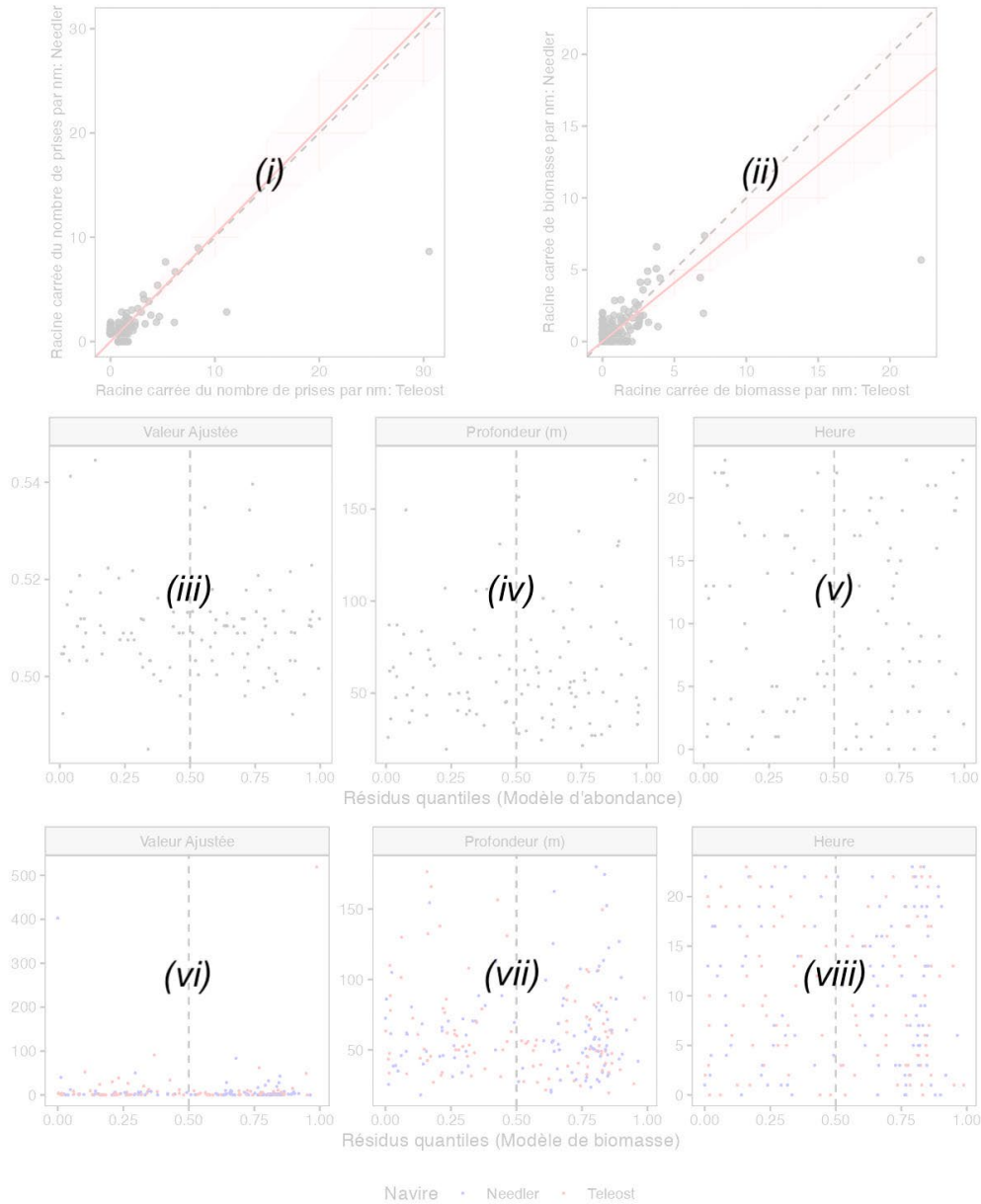


Figure 10. Interprétation des figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses avec regroupement par taille. . Interprétation des figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses avec regroupement par taille. (i) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises par le Needle par rapport à la racine carrée du nombre de prises par le Teleost; la ligne bleue et l'intervalle ombré représentent la conversion estimée et l'intervalle de confiance à 95 % approximatif du meilleur modèle avec regroupement par taille. (ii) Comme en (i), sauf pour les poids des prises. Les quantiles des résidus de l'analyse des nombres de prises sont représentés en tant que fonction (iii) des valeurs ajustées, (v) de l'heure et (vii) de la profondeur de la calée jumelée (i). De même, les quantiles des résidus provenant de l'analyse des poids des prises représentés en tant que fonction (iv) des valeurs ajustées, avec les valeurs pour le Needle indiquées avec des cercles bleus et celles pour le Teleost en rouge, et (vi) du temps et (viii) de la profondeur de la calée jumelée. Il convient de noter que pour les taxons qui ne sont pas mesurés et qui dépendent de la conversion du modèle, seuls les graphiques (ii), (iv), (vi) et (viii) sont présentés.



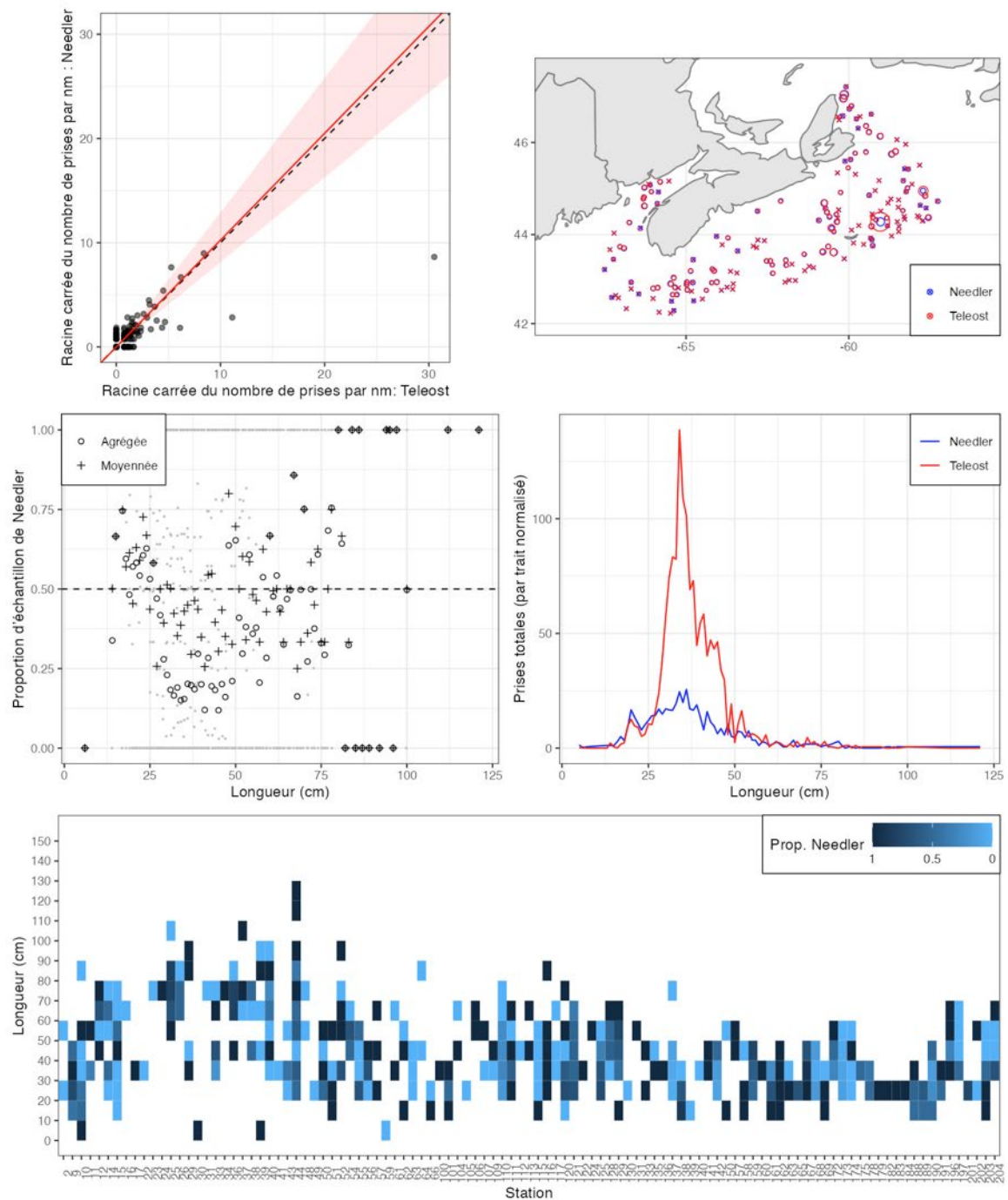


Figure 11a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Gadus morhua* (10).



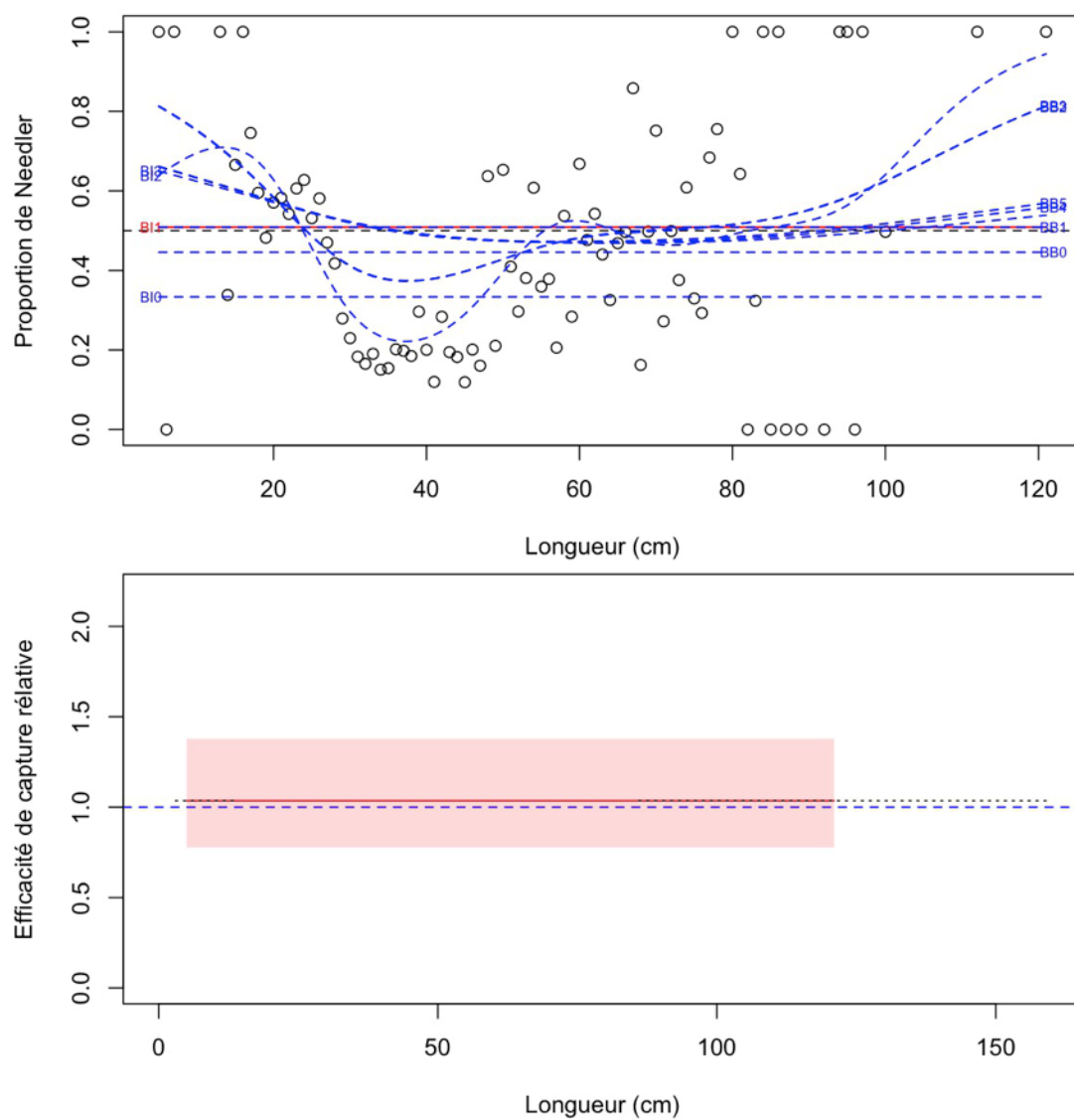


Figure 11b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Gadus morhua* (10).

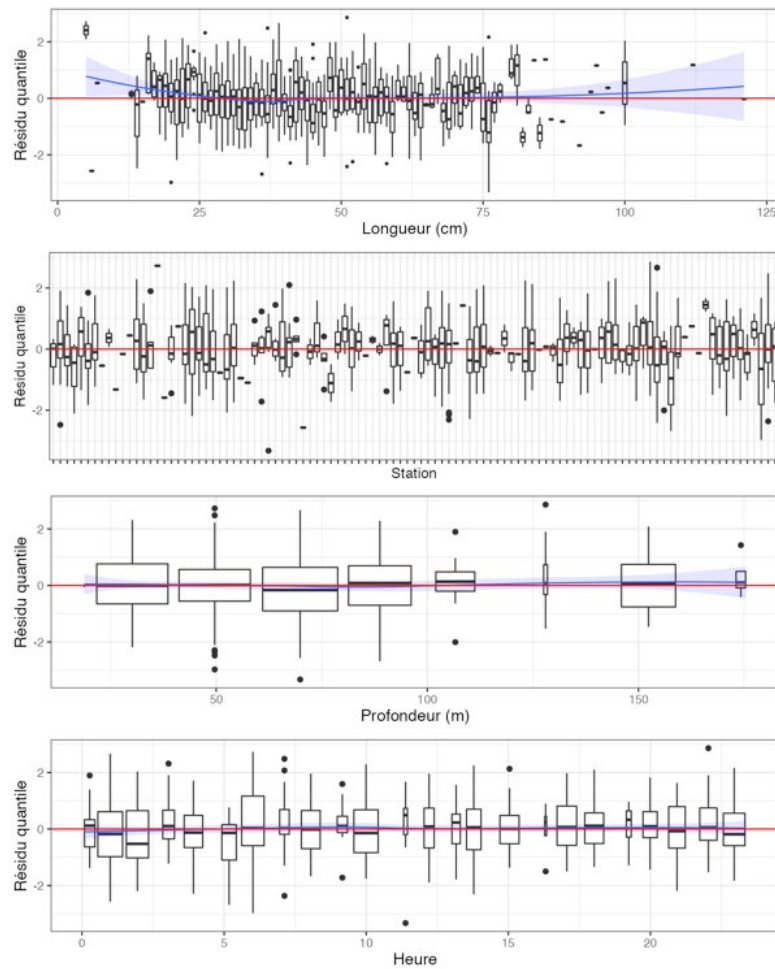


Figure 11c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Gadus morhua* (10).

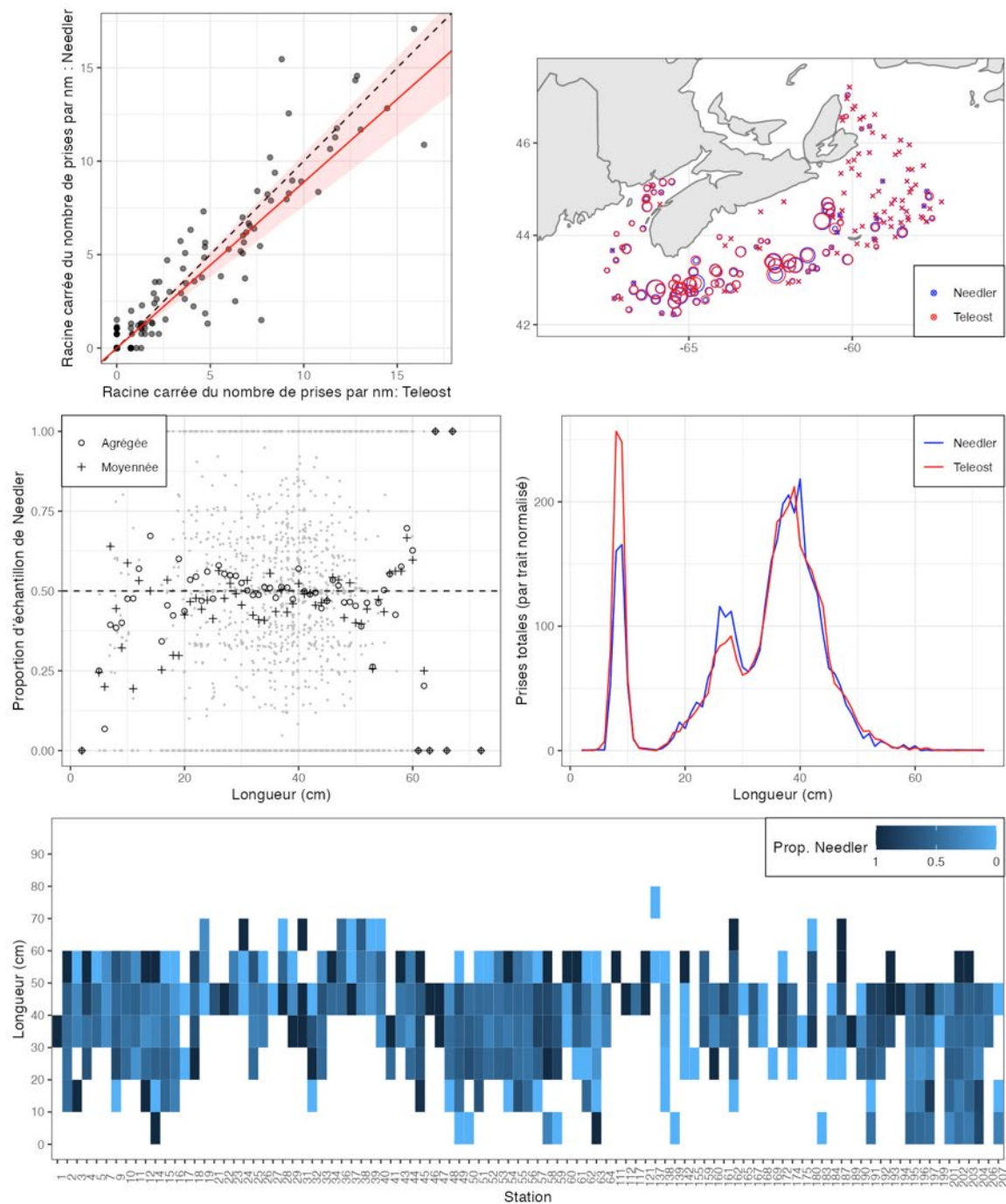


Figure 12a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

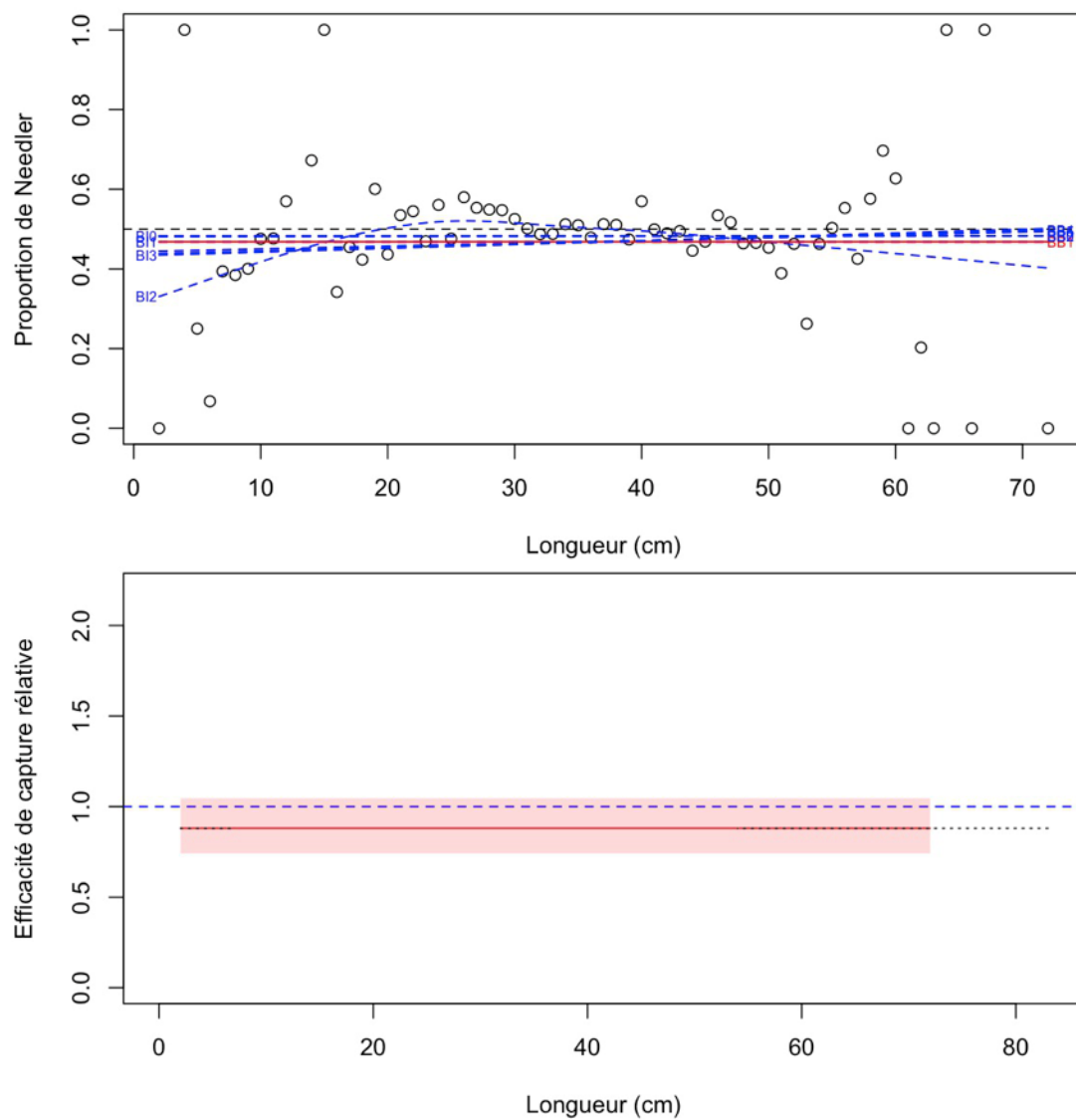


Figure 12b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

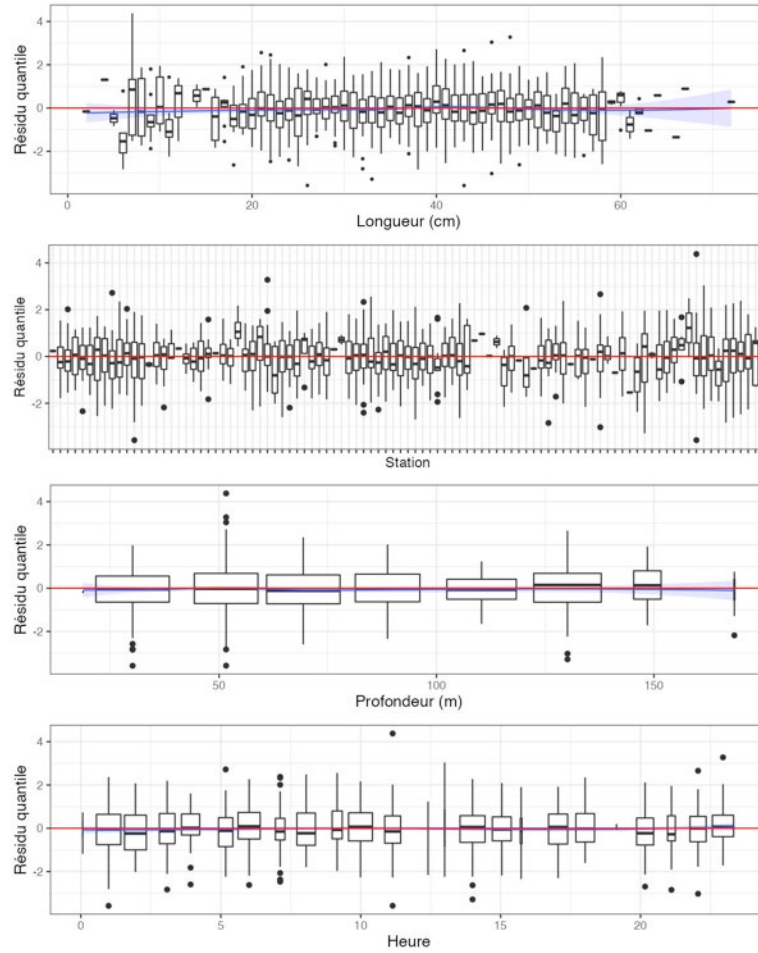


Figure 12c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

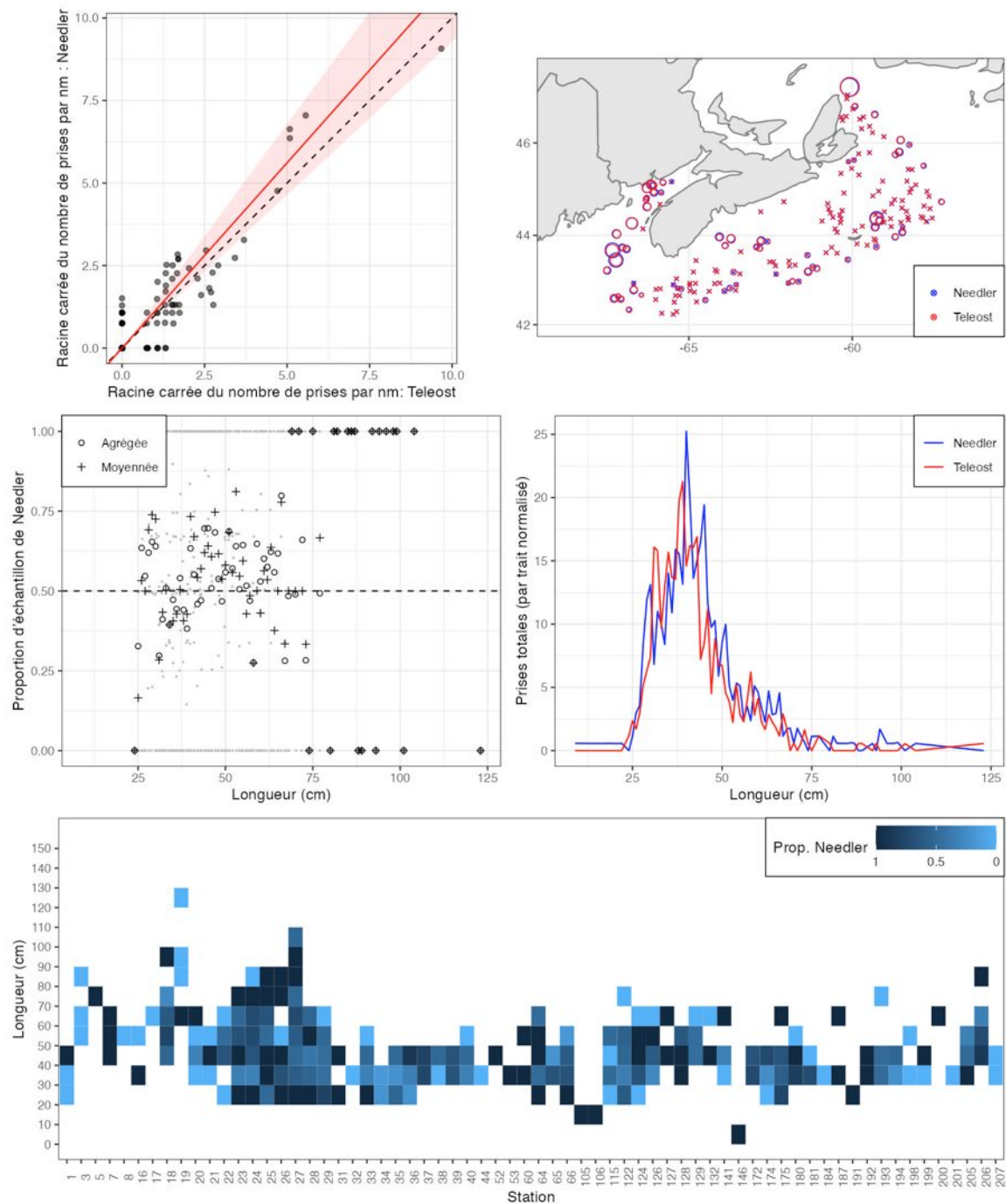


Figure 13a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis tenuis* (12).

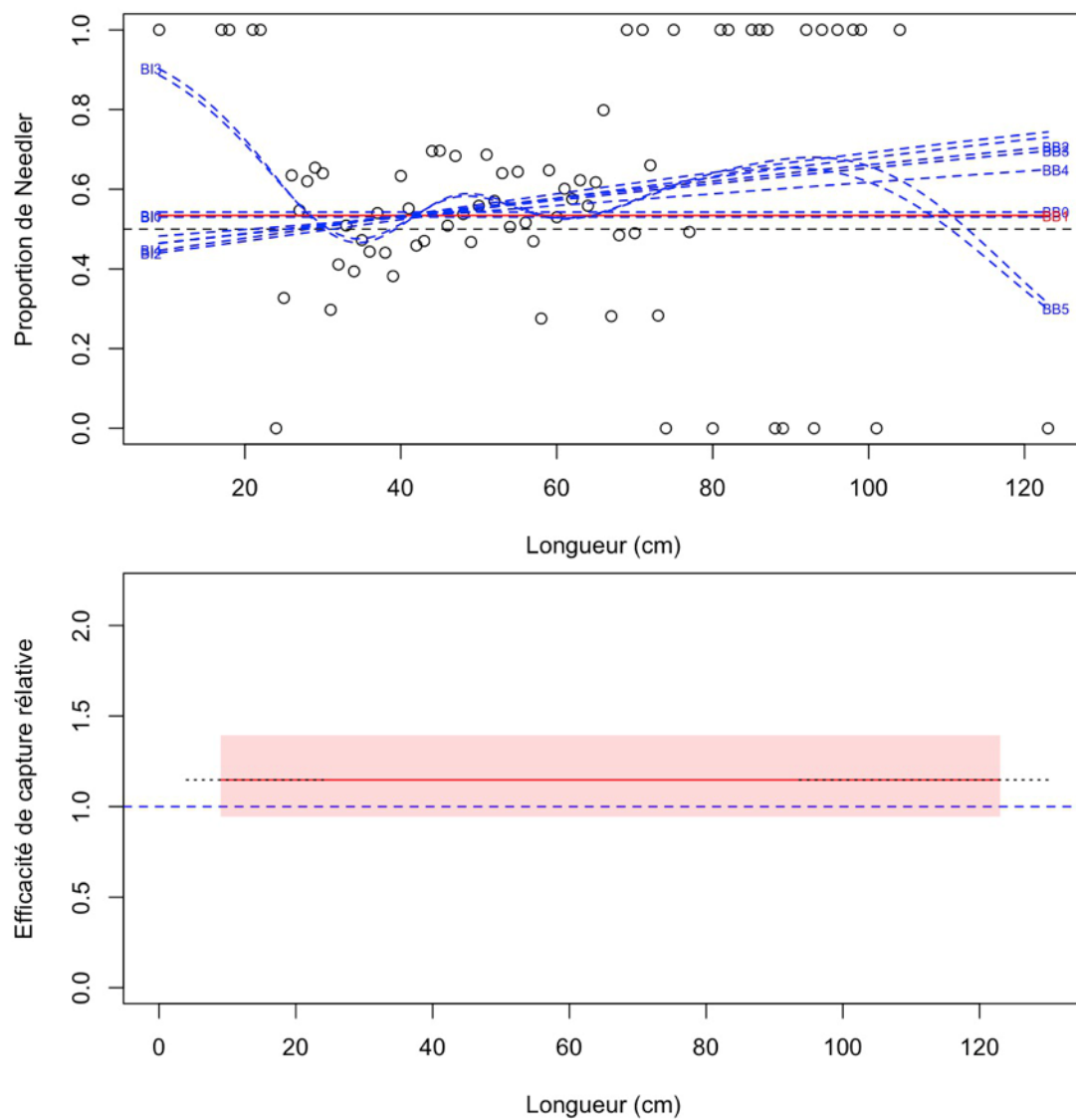


Figure 13b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis tenuis* (12).

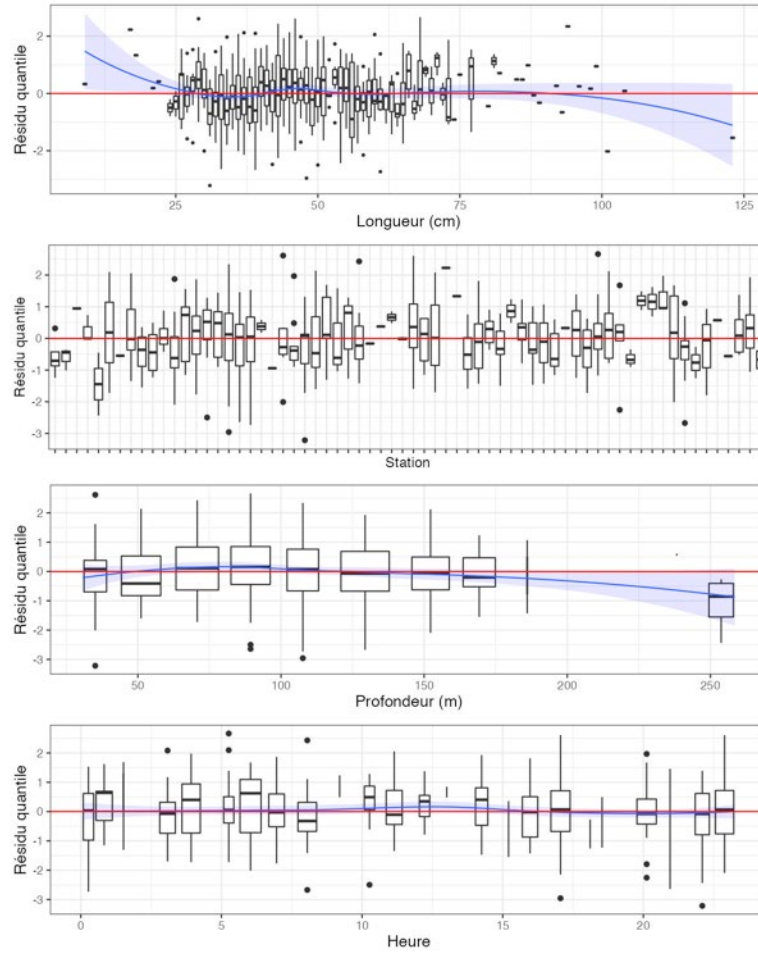


Figure 13c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis tenuis* (12).



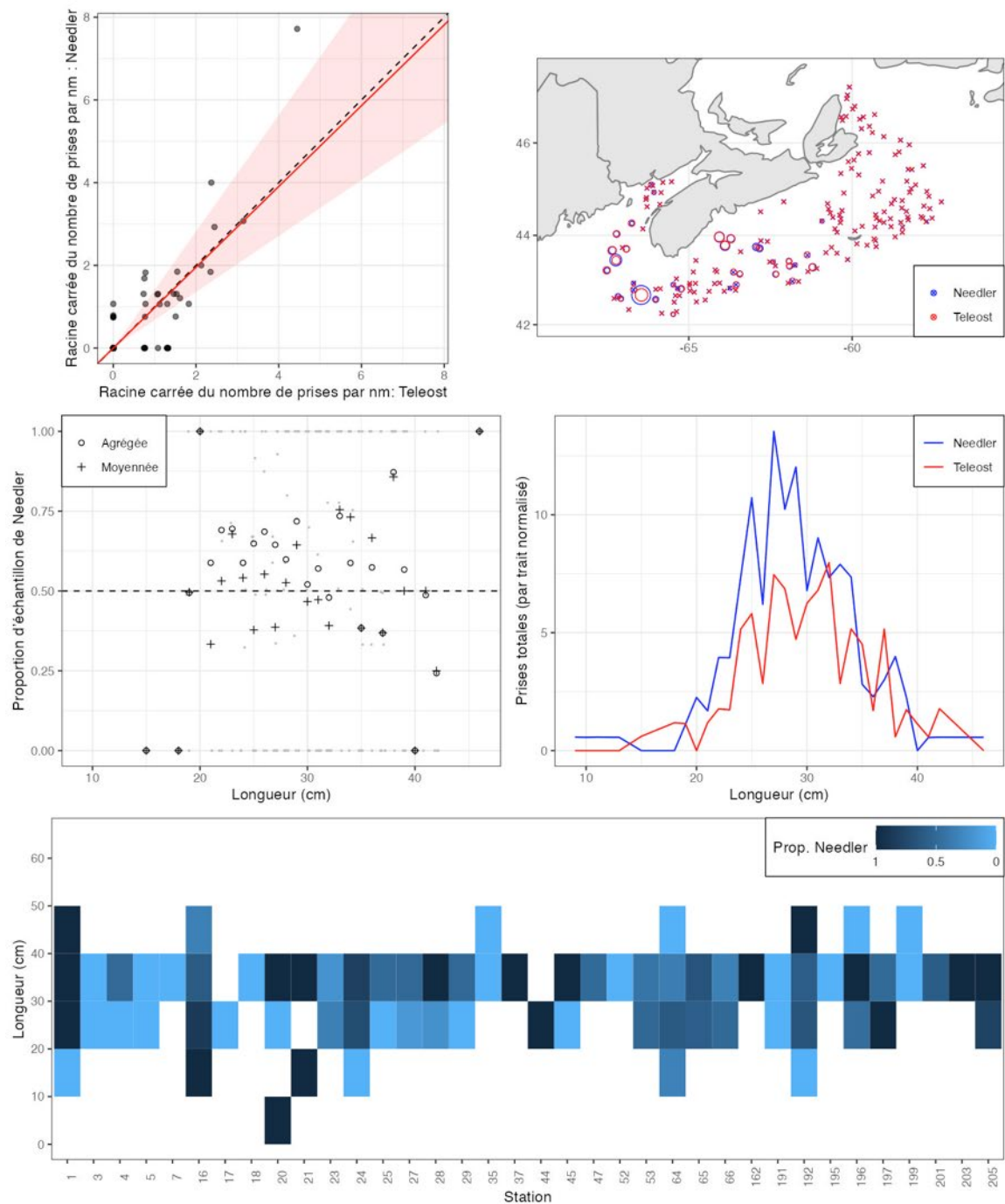


Figure 14a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis chuss* (13).

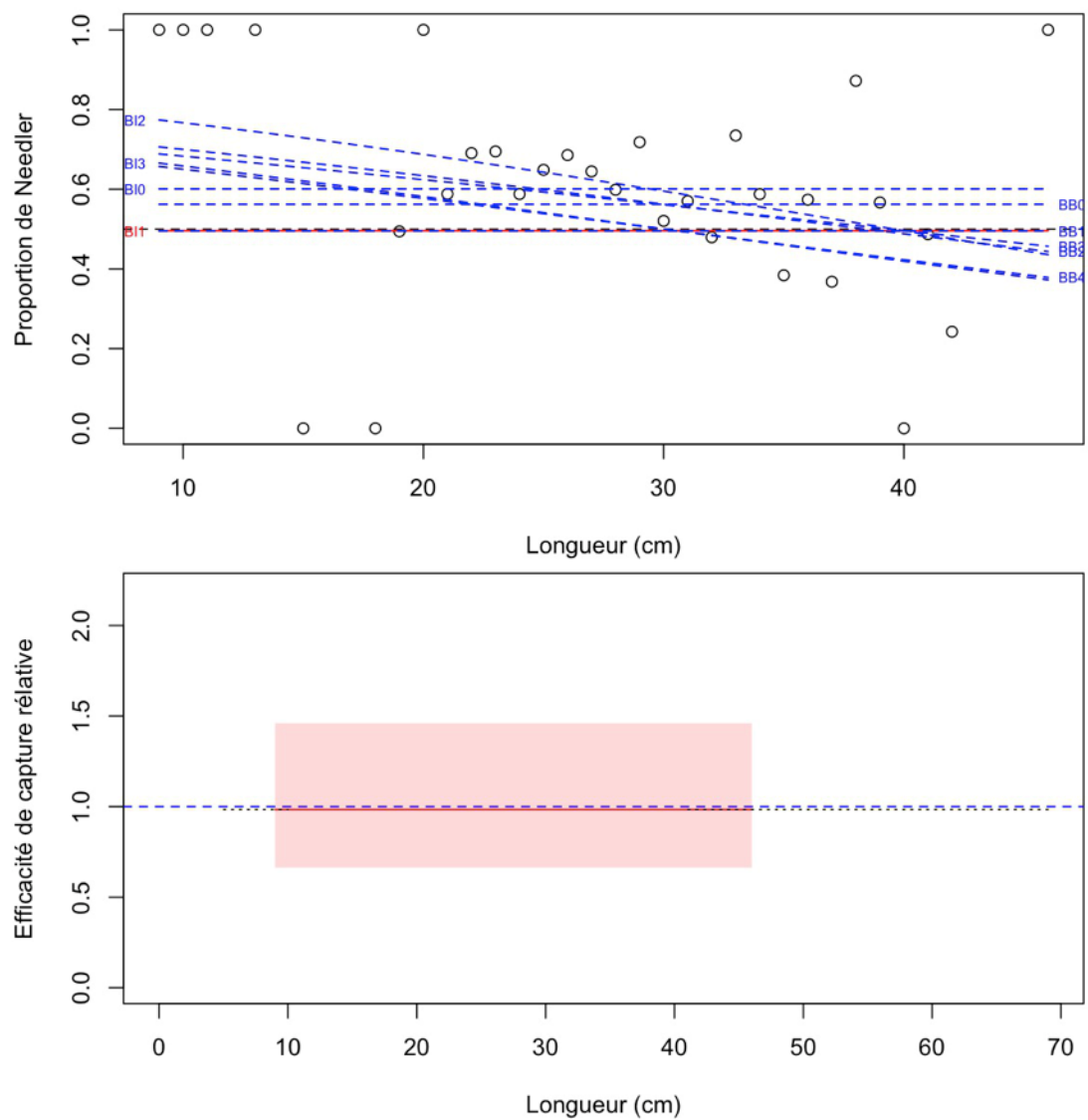


Figure 14b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis chuss* (13).

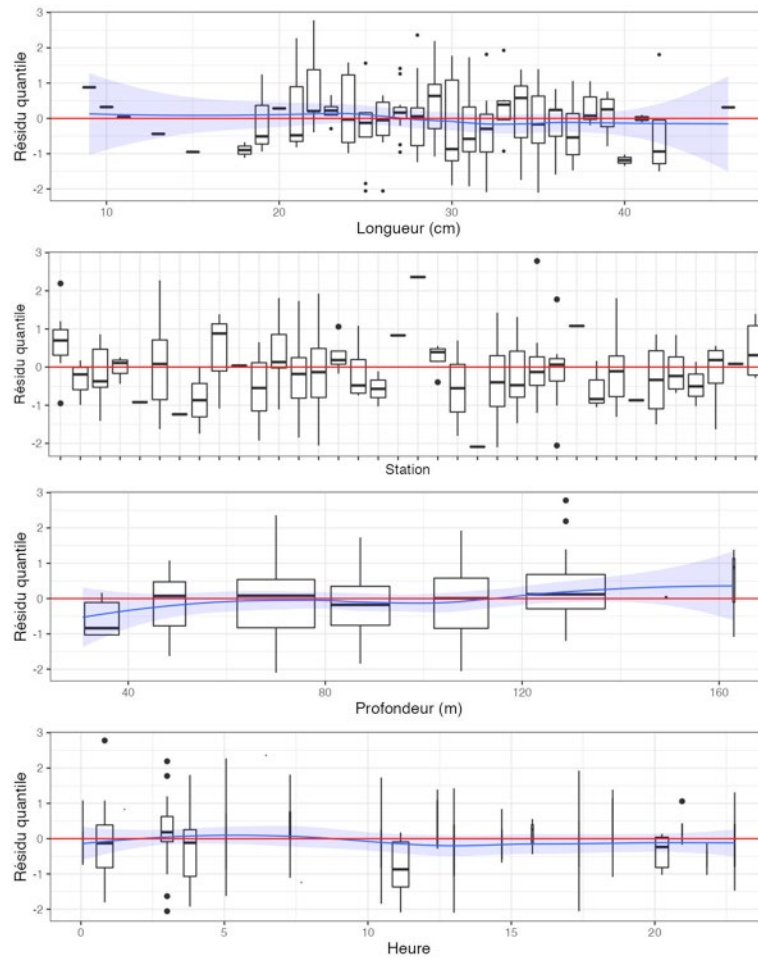


Figure 14c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis chuss* (13).

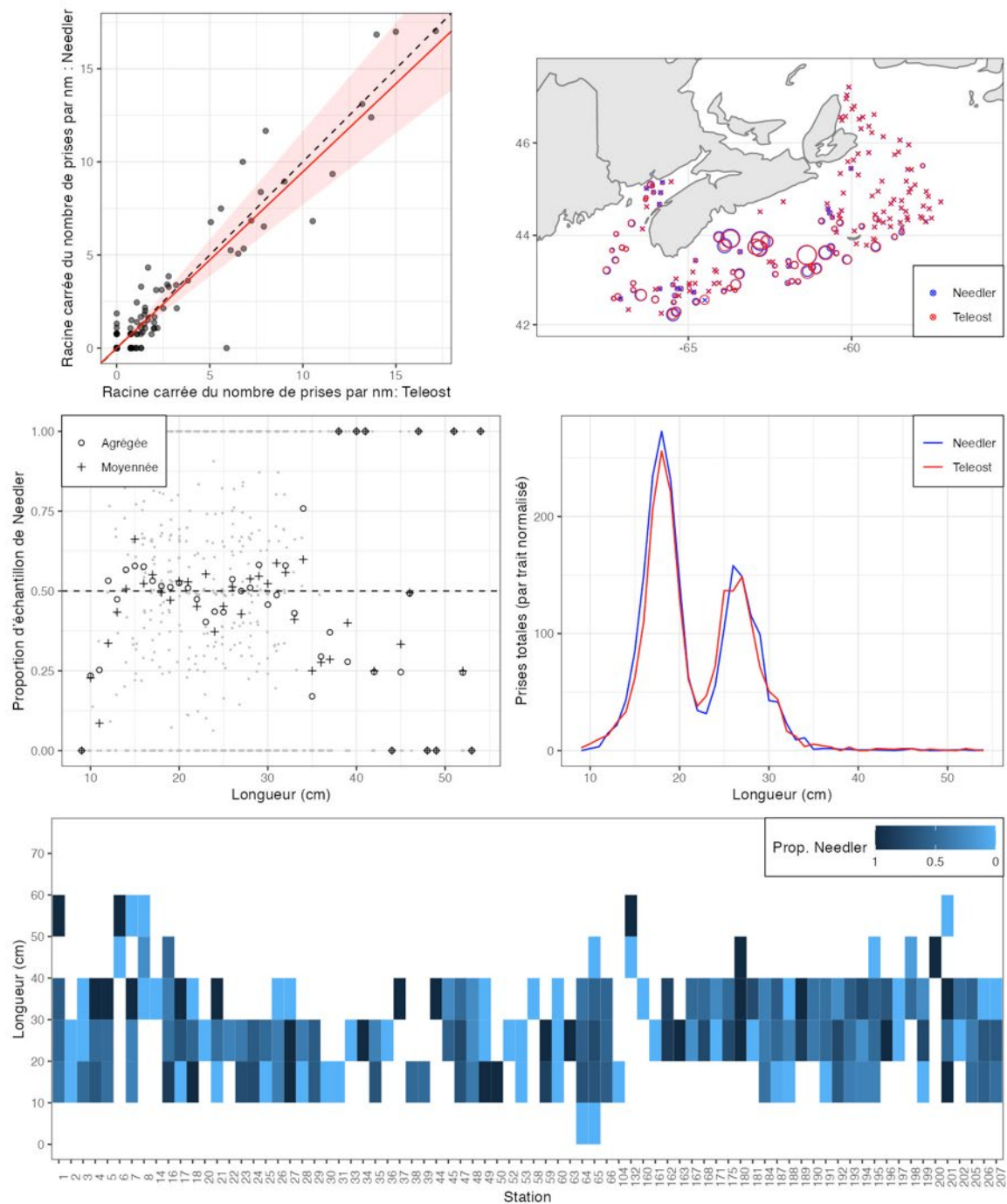


Figure 15a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Merluccius bilinearis* (14).

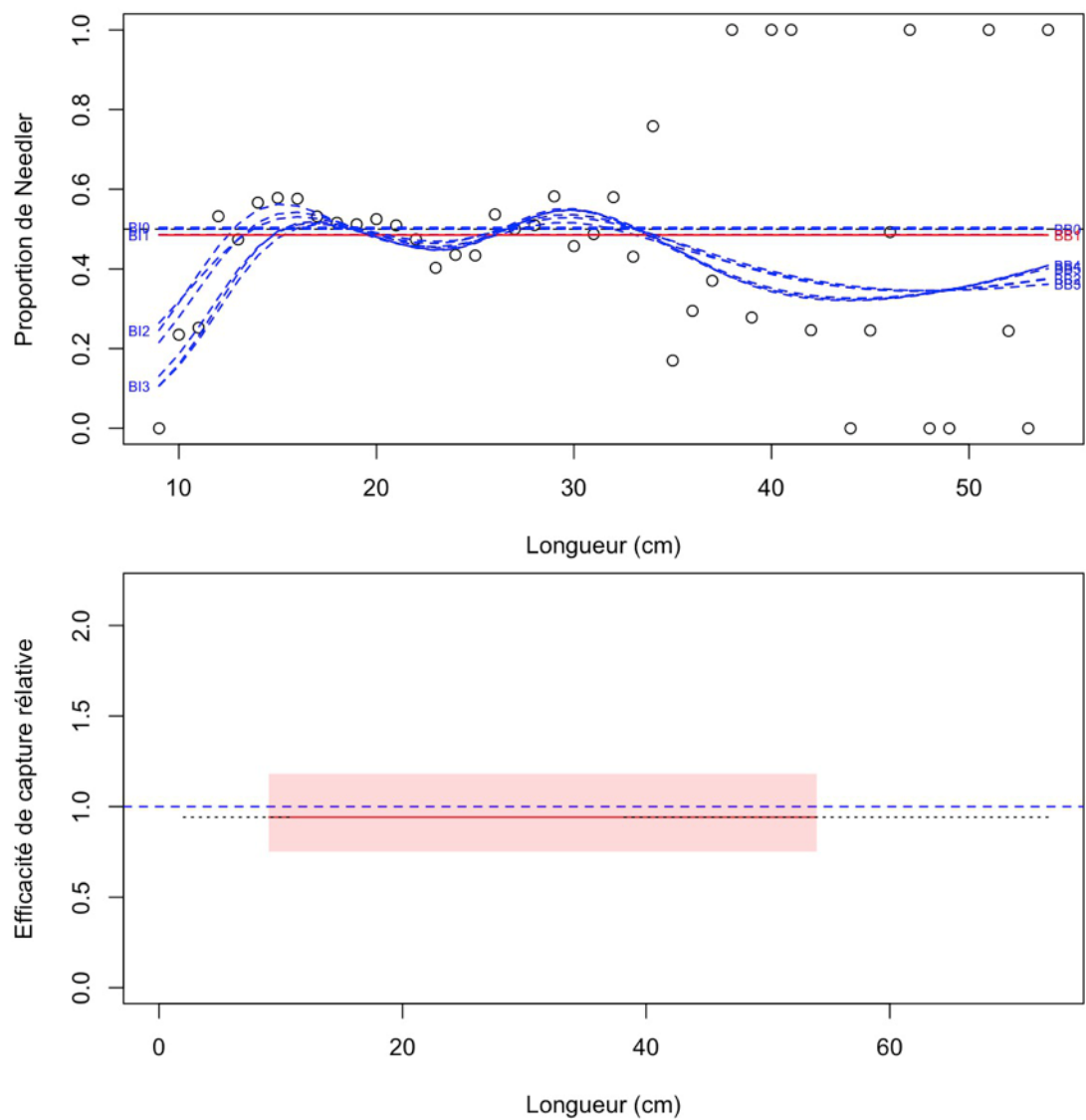


Figure 15b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Merluccius bilinearis* (14).

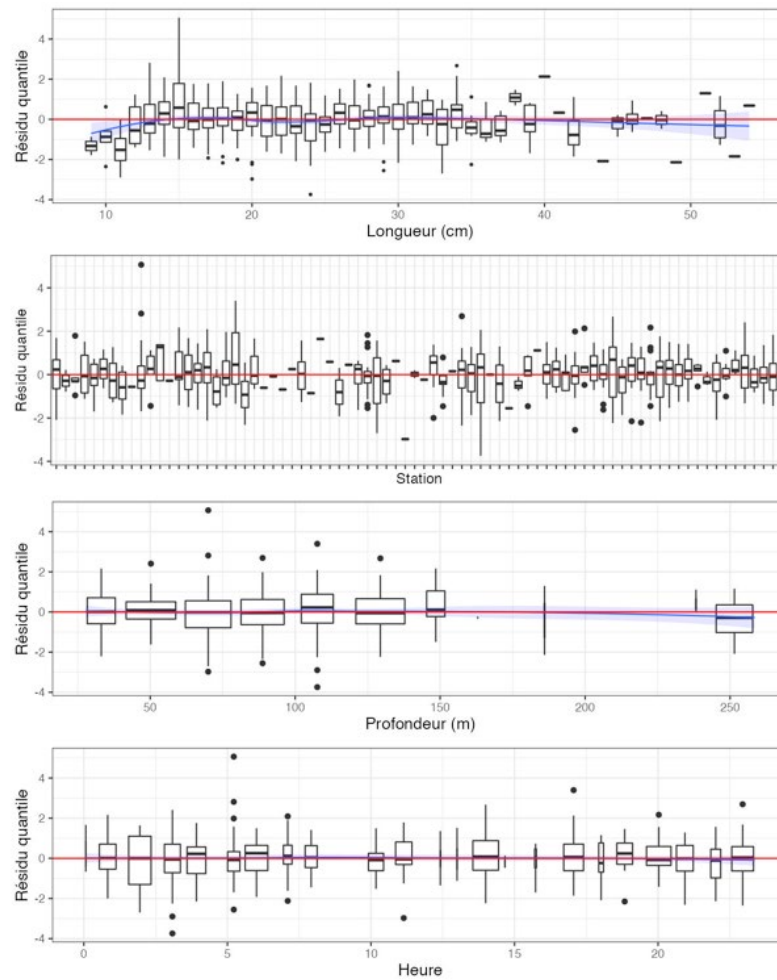


Figure 15c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Merluccius bilinearis* (14).

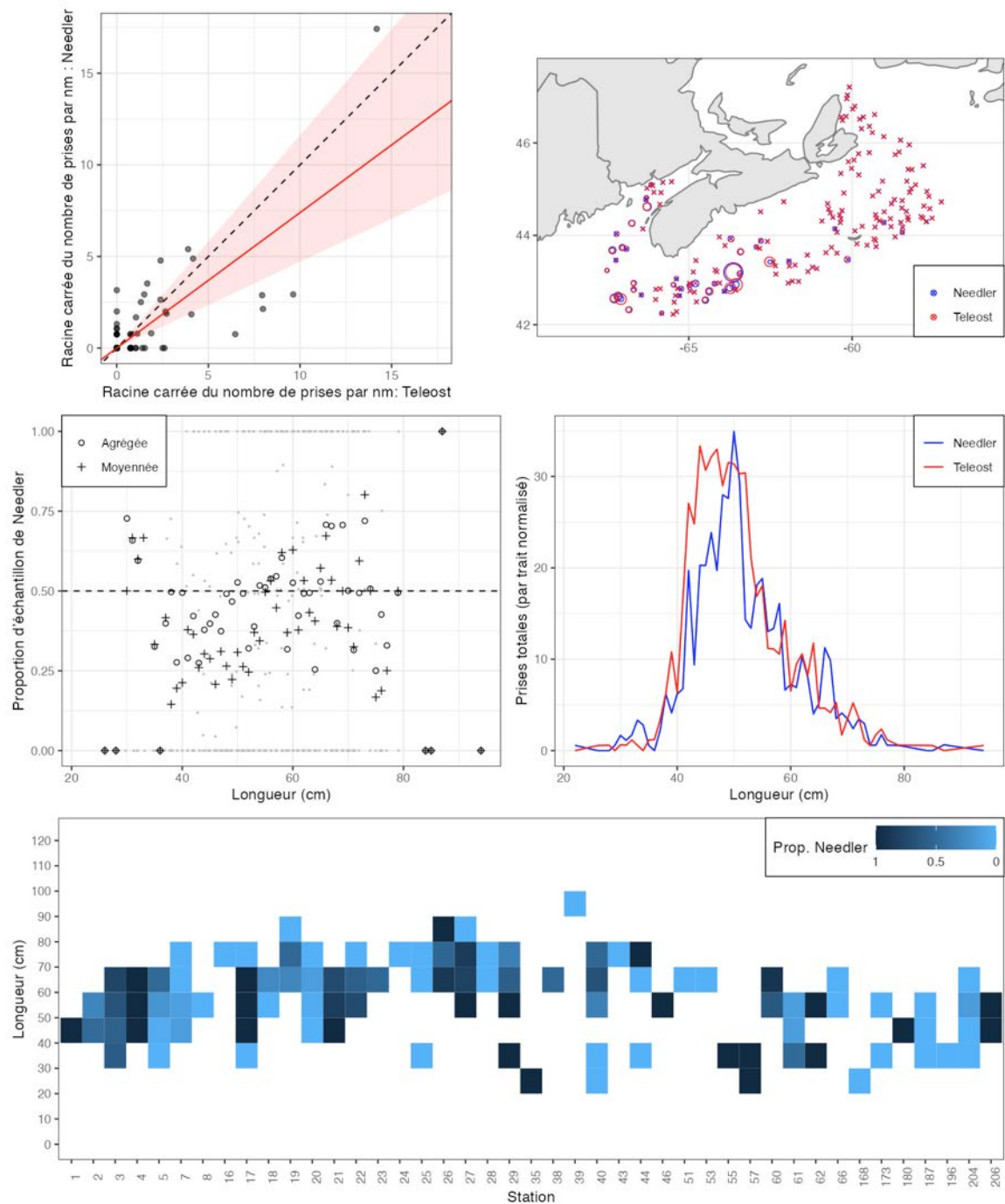


Figure 16a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pollachius virens* (16).

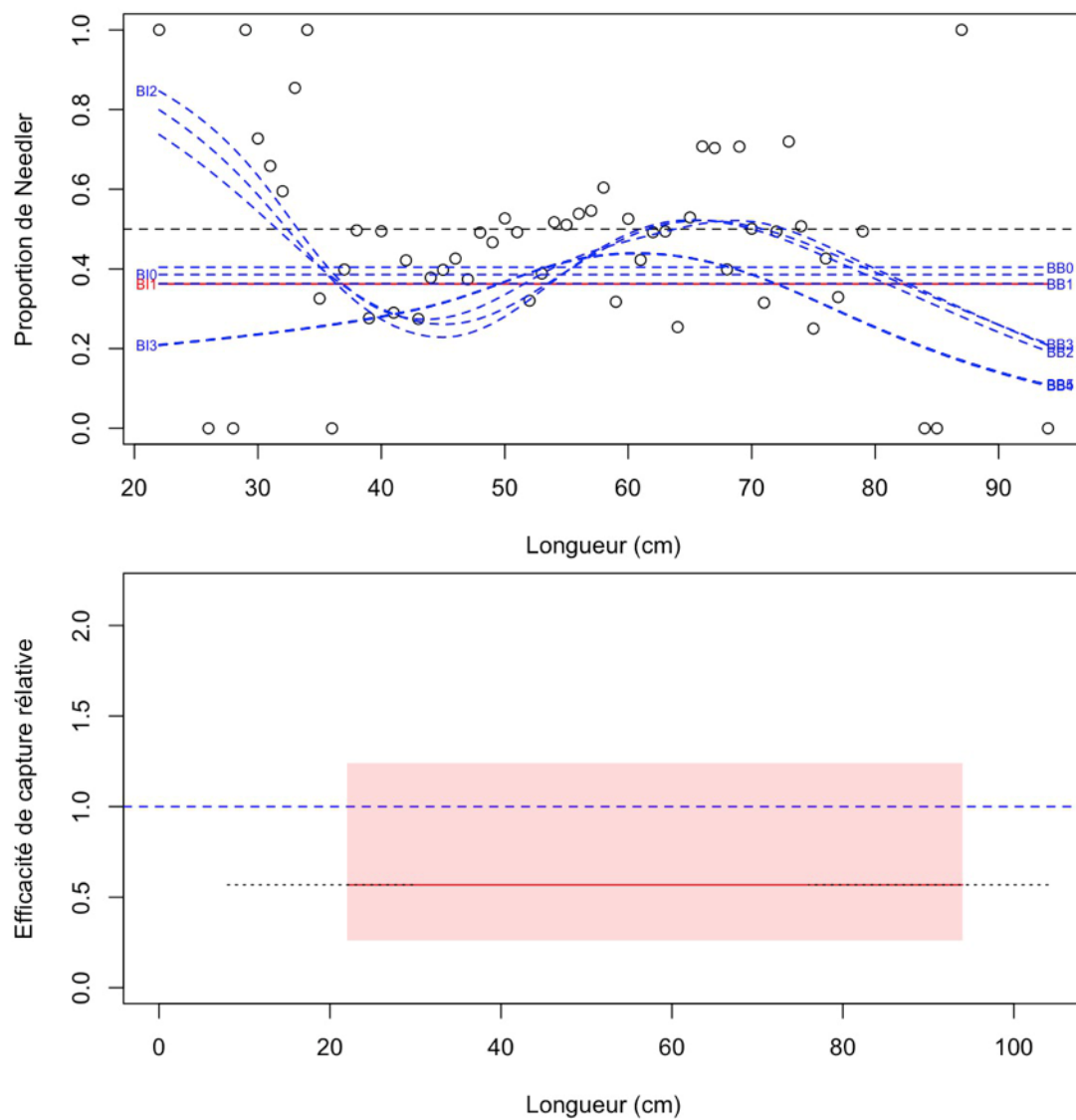


Figure 16b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Pollachius virens* (16).



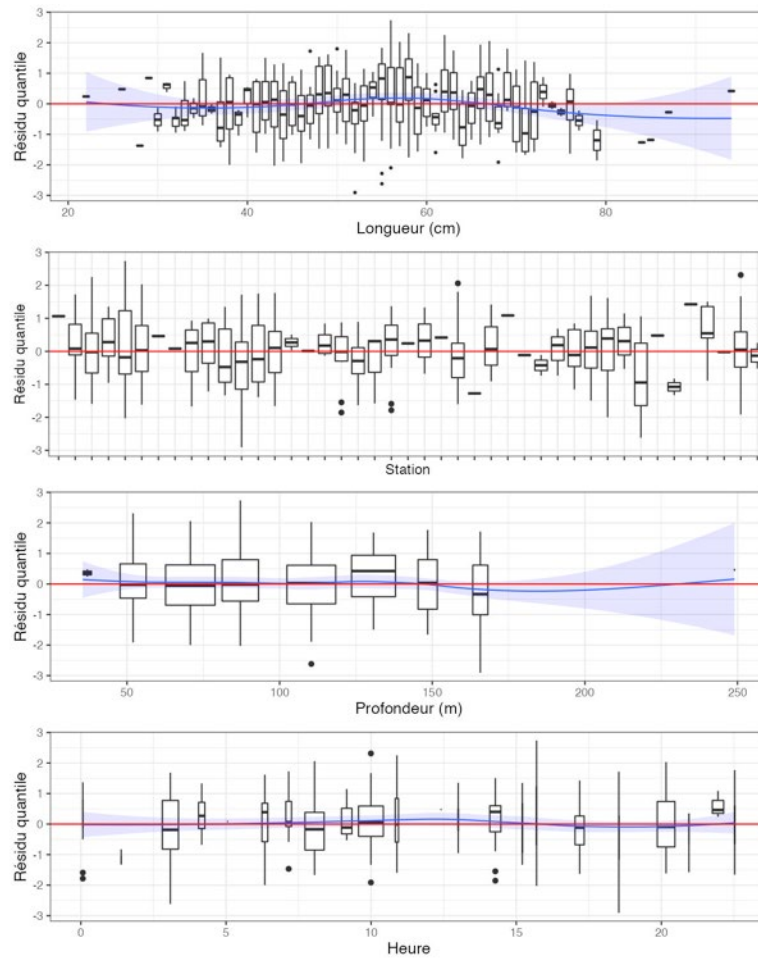


Figure 16c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Pollachius virens* (16).

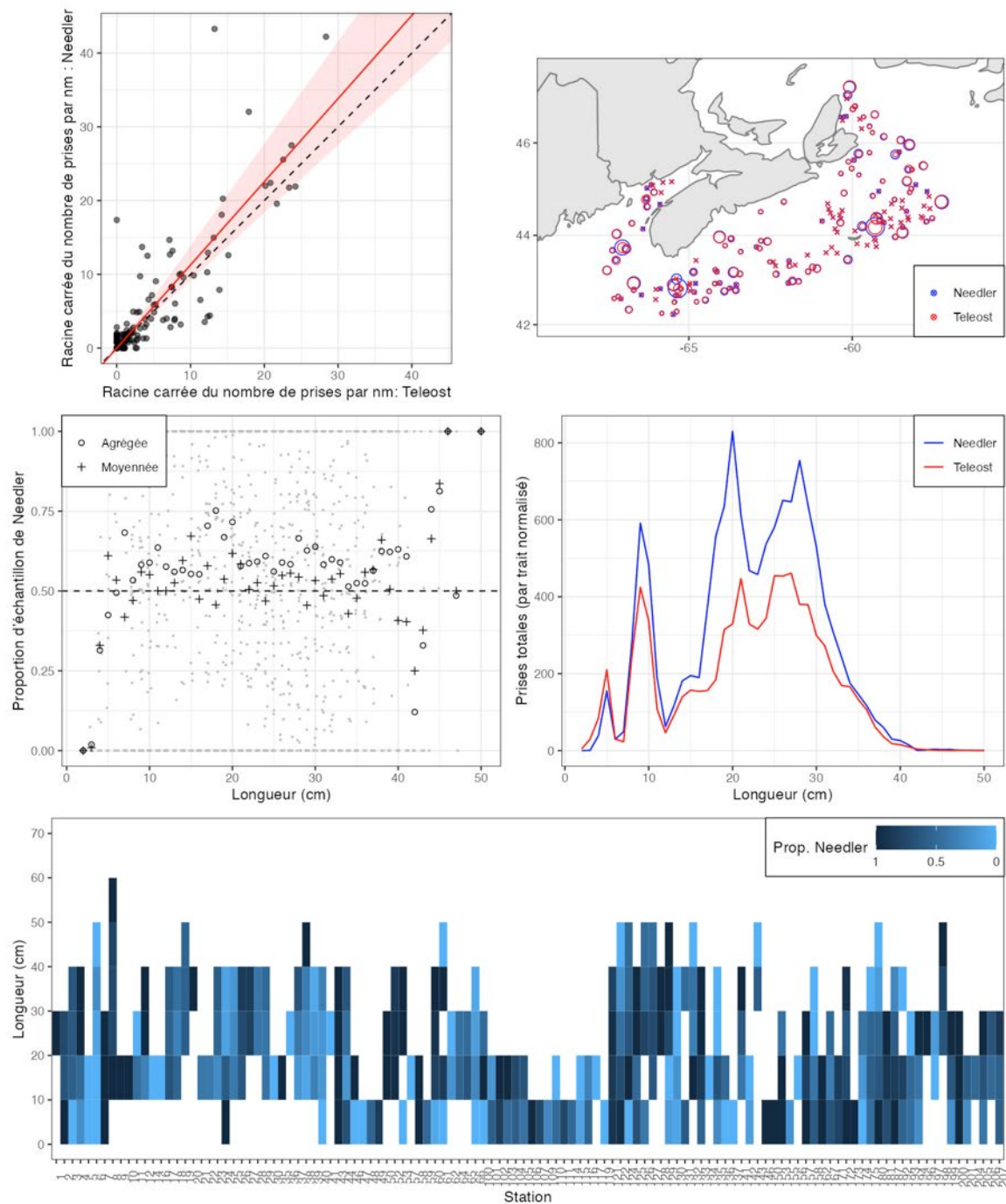


Figure 17a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Sebastes* sp. (23).

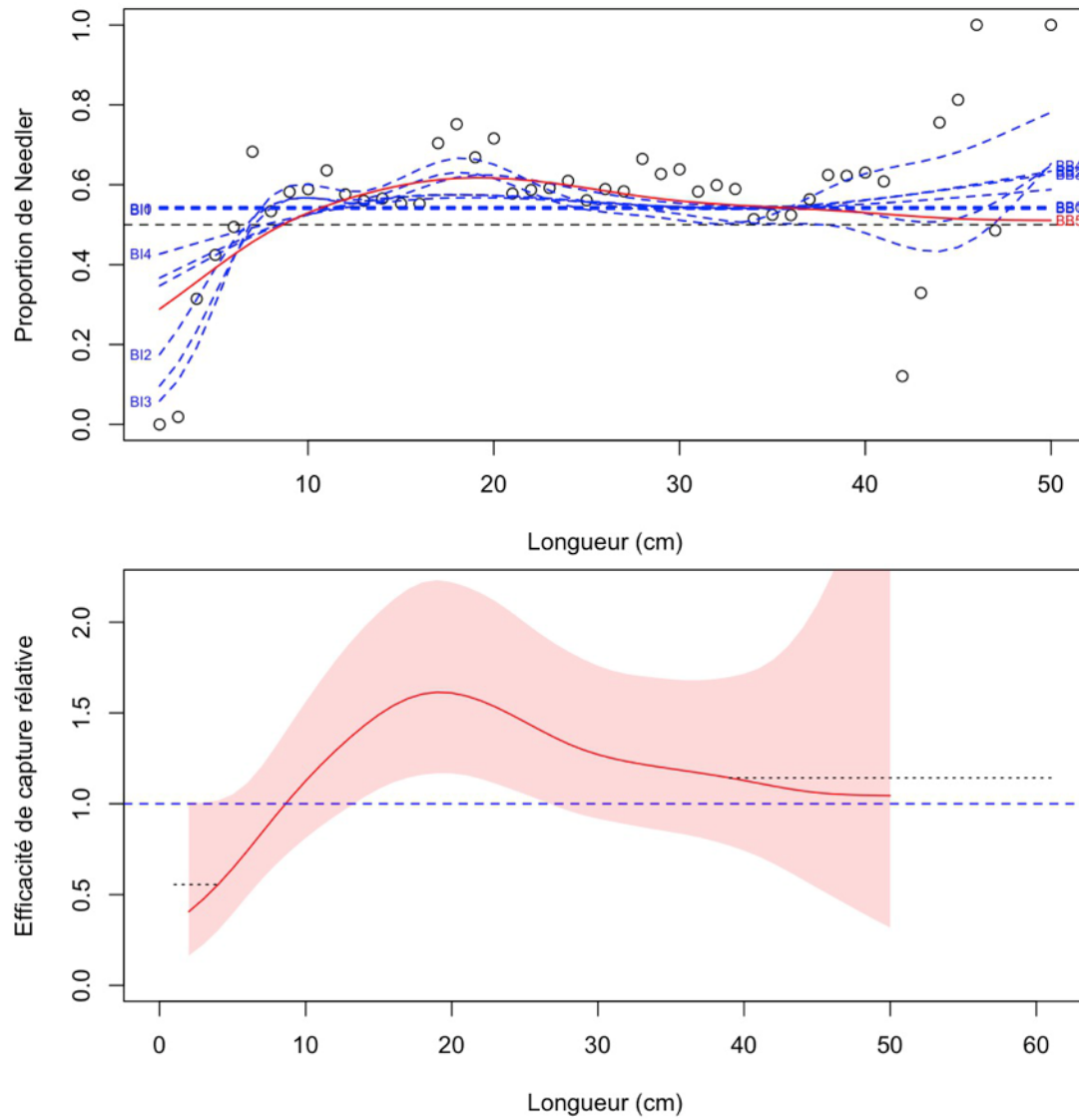


Figure 17b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Sebastes sp.* (23).

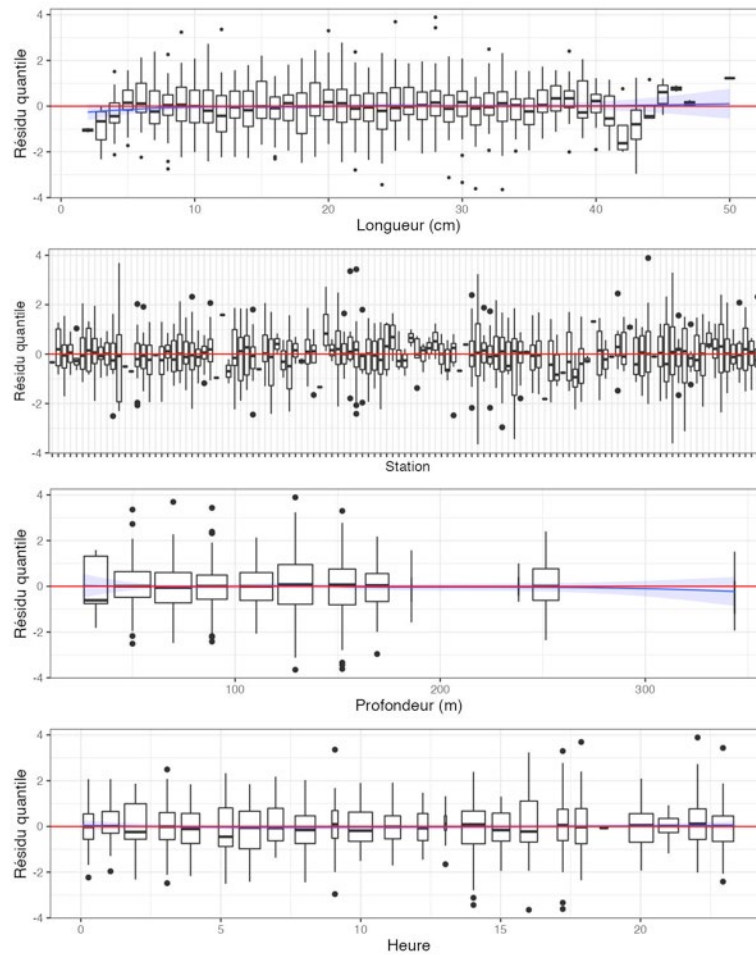


Figure 17c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Sebastes sp.* (23).

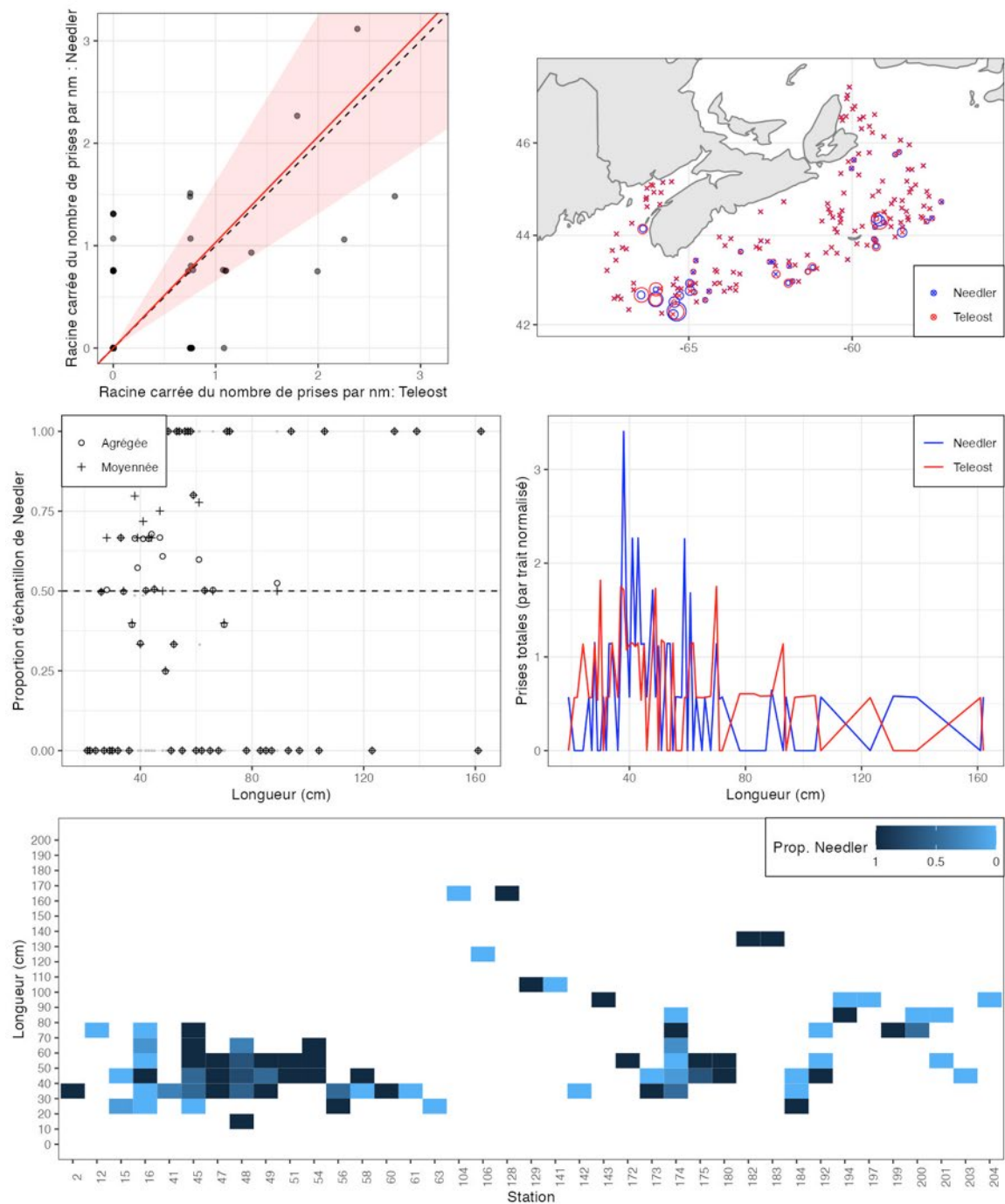


Figure 18a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

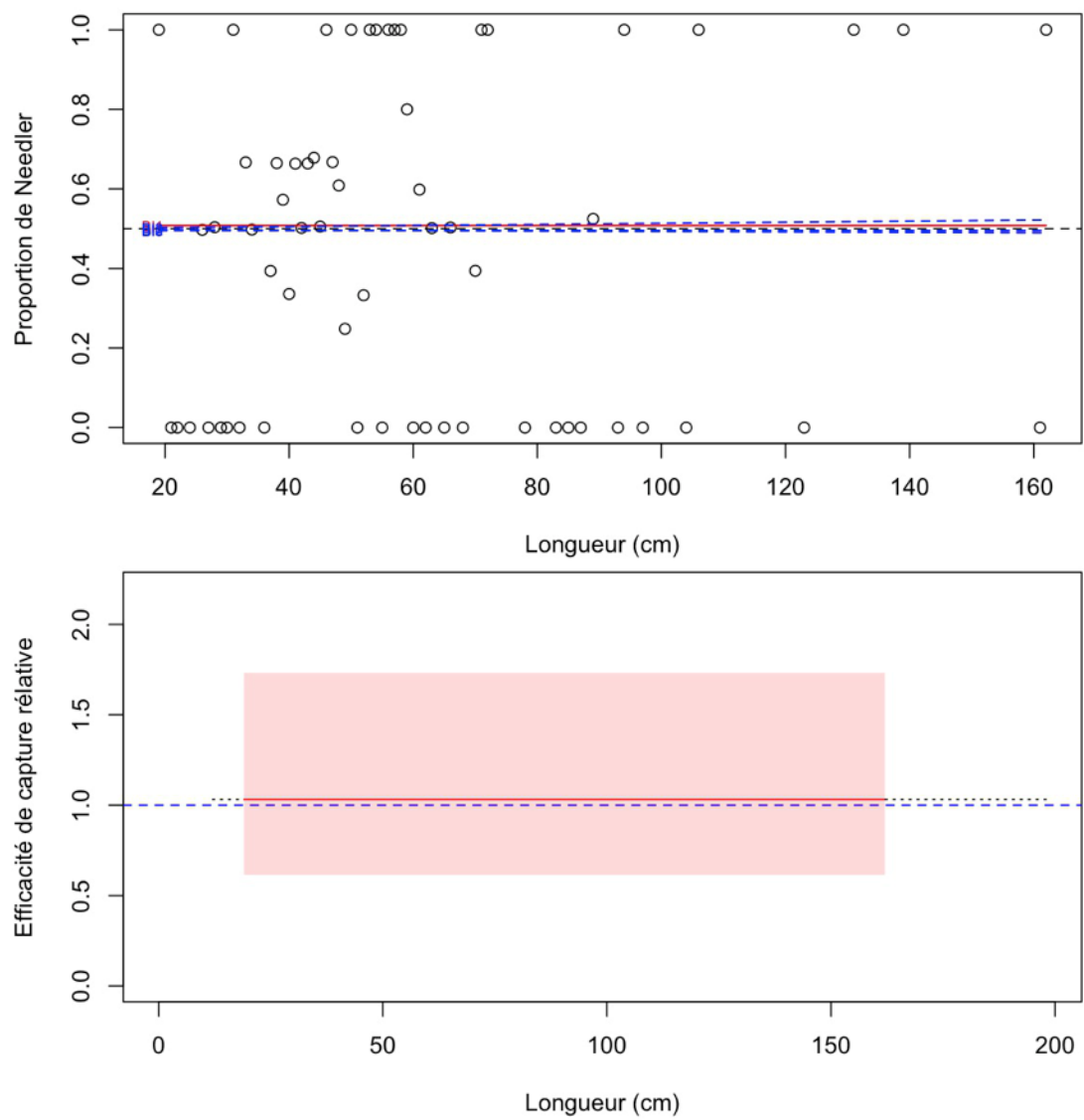


Figure 18b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

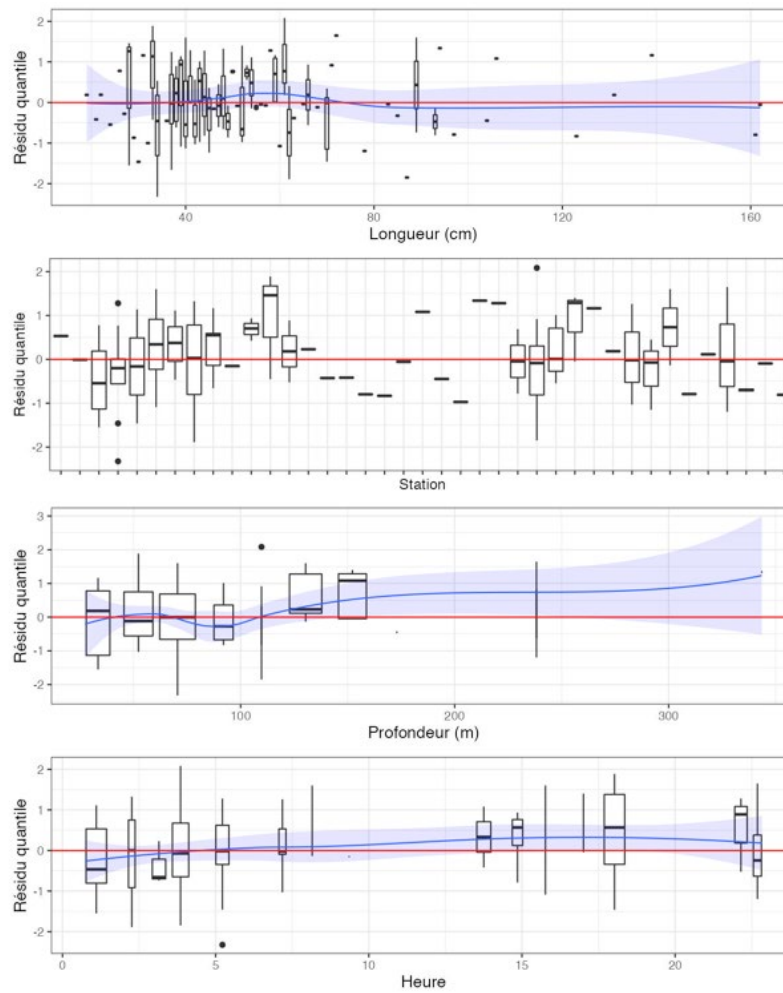


Figure 18c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

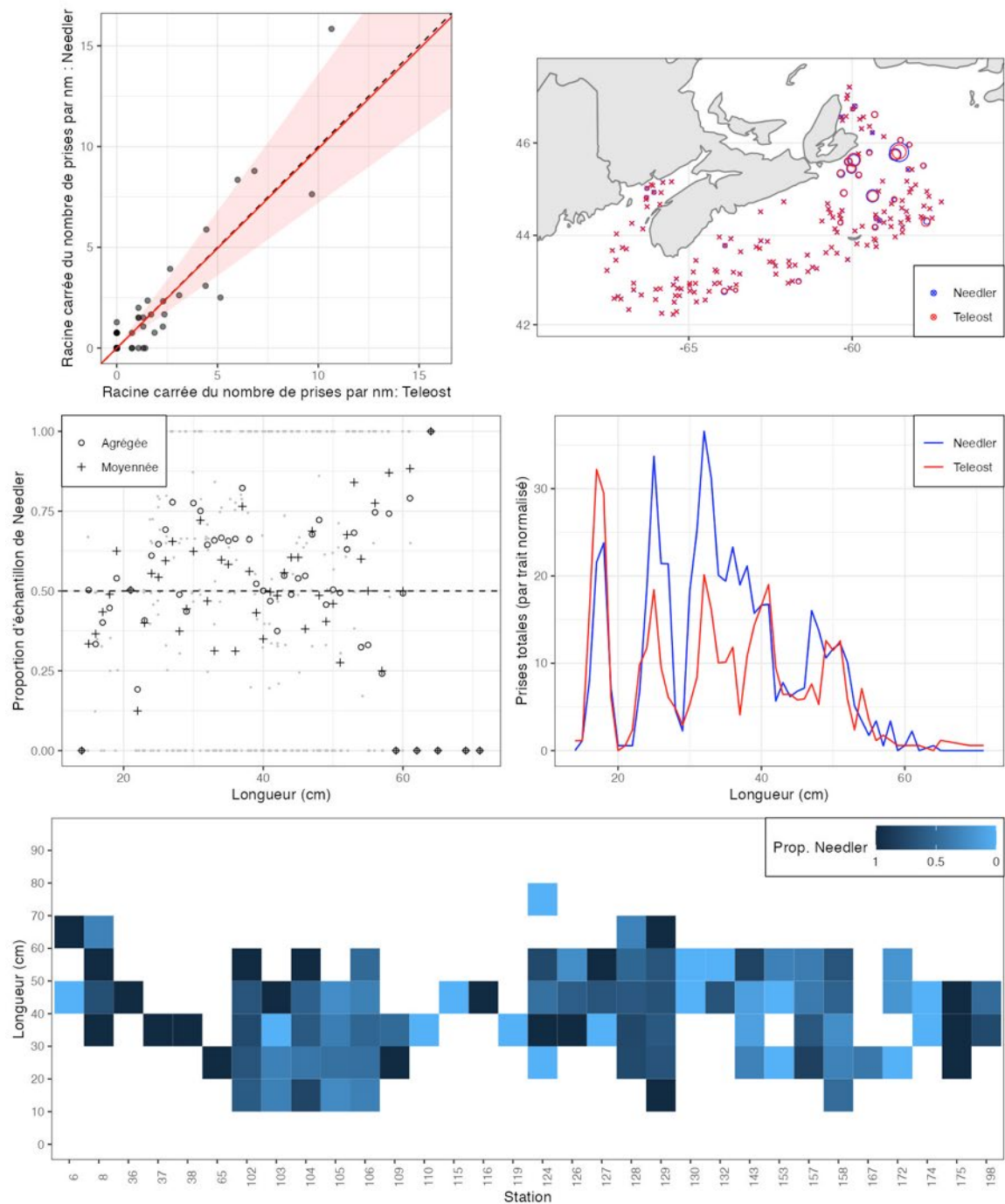


Figure 19a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).



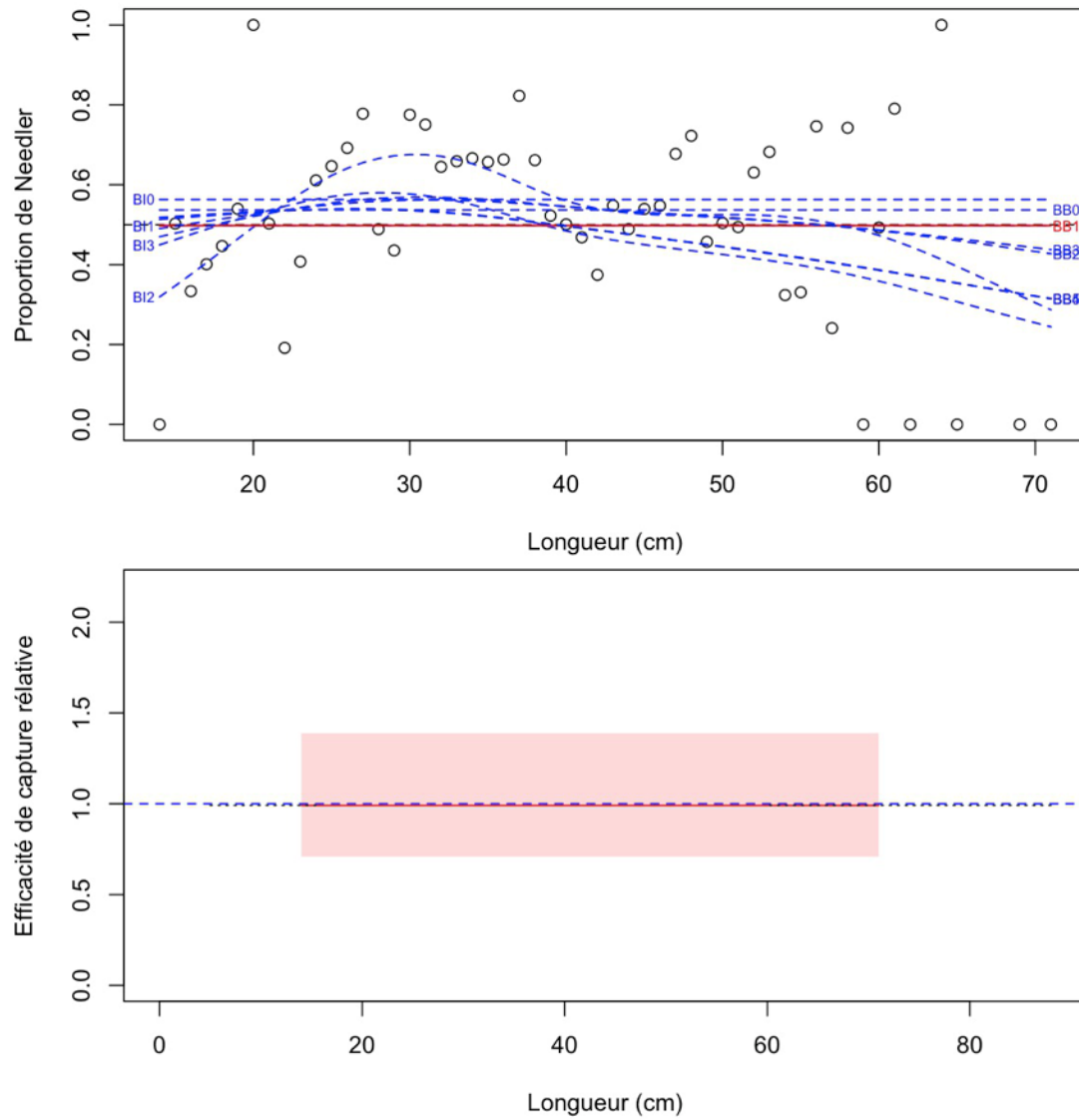


Figure 19b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).

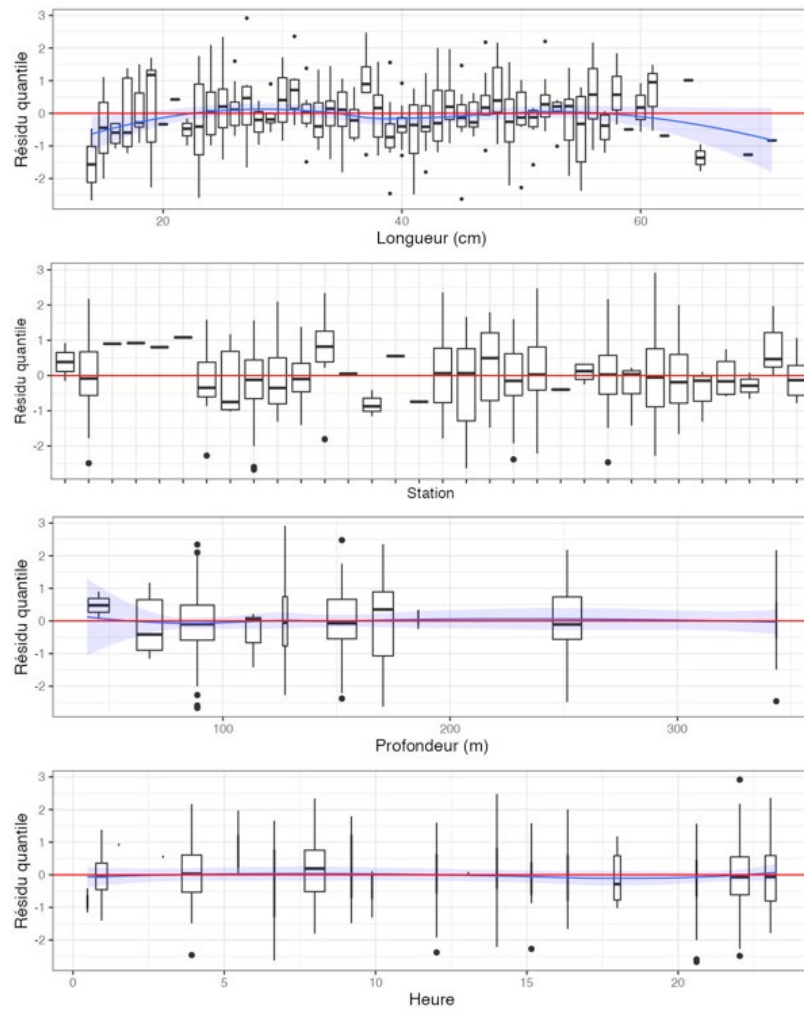


Figure 19c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).

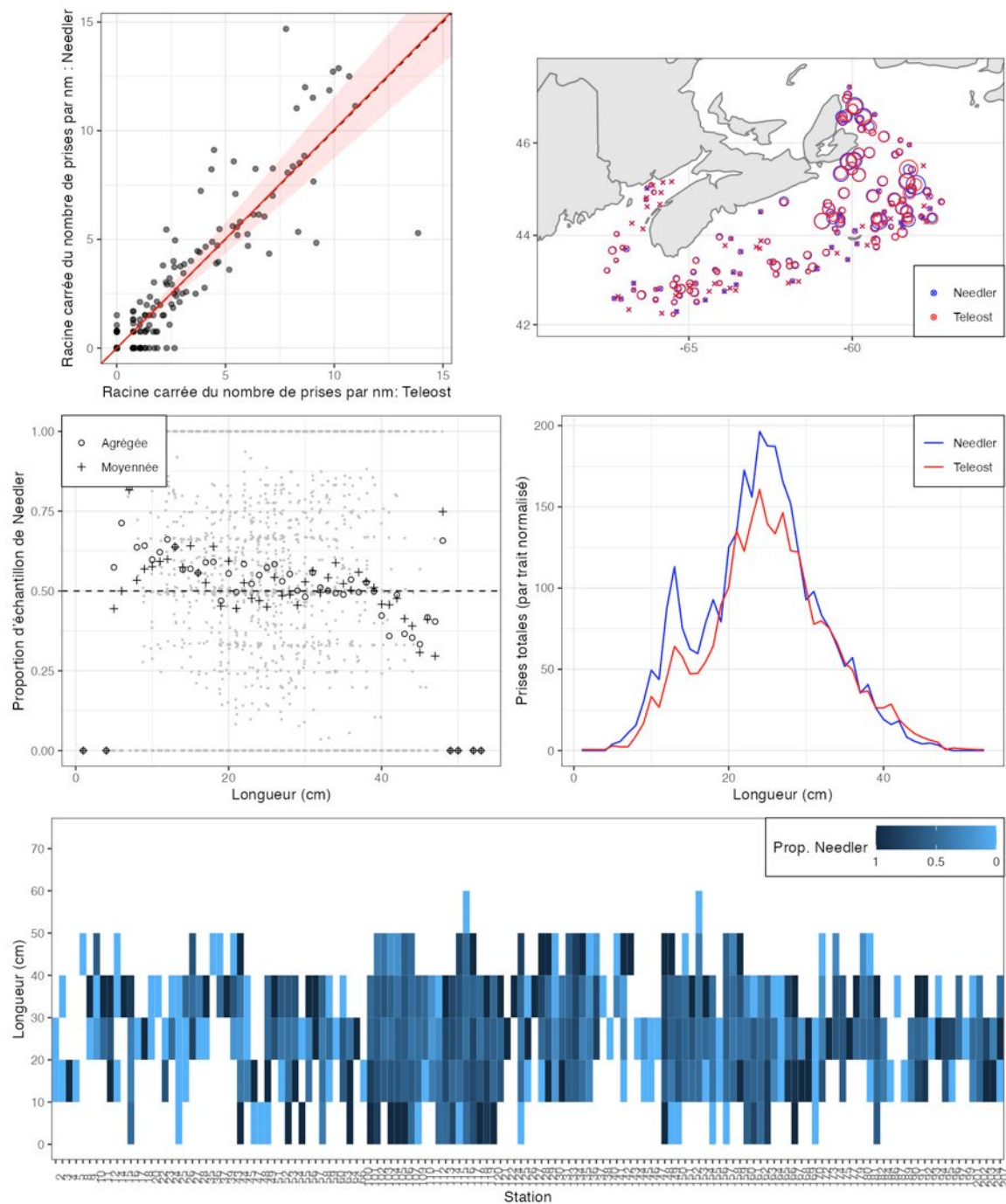


Figure 20a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

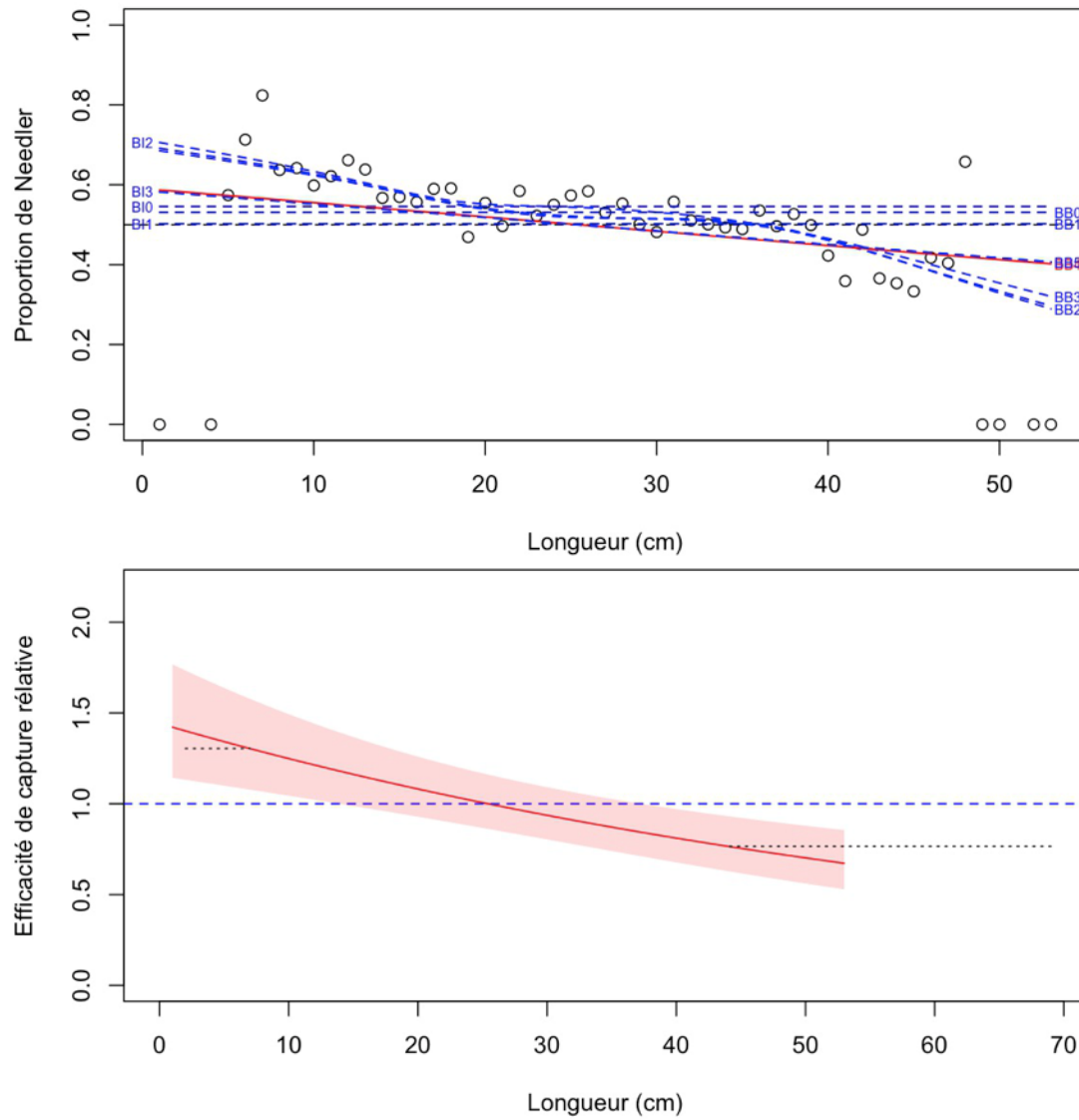


Figure 20b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

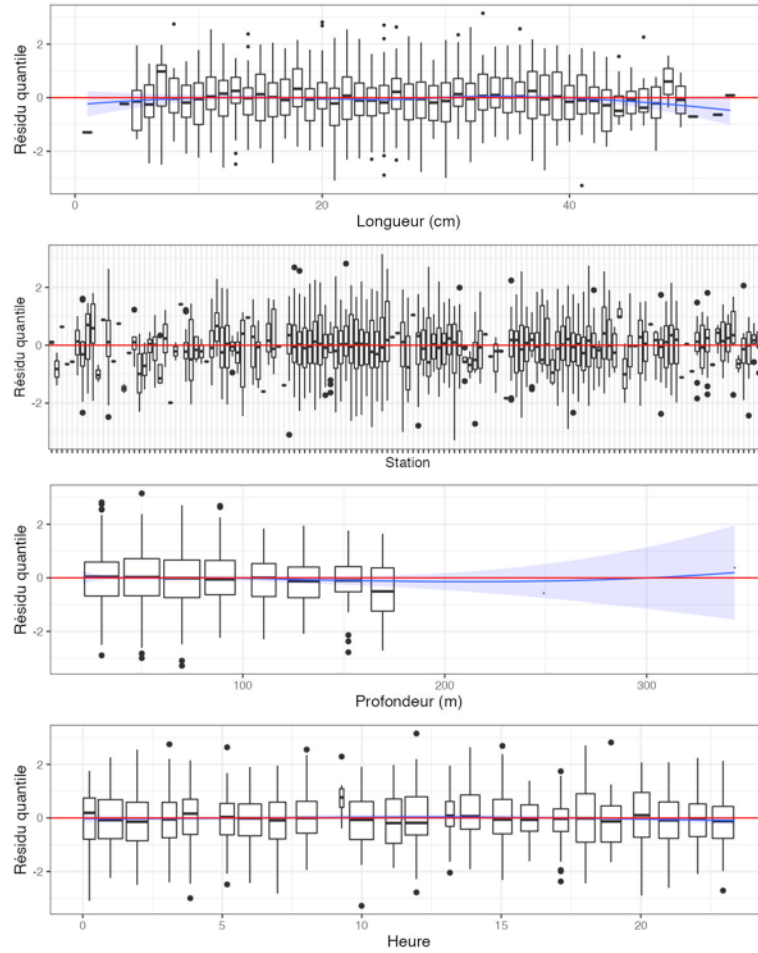


Figure 20c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

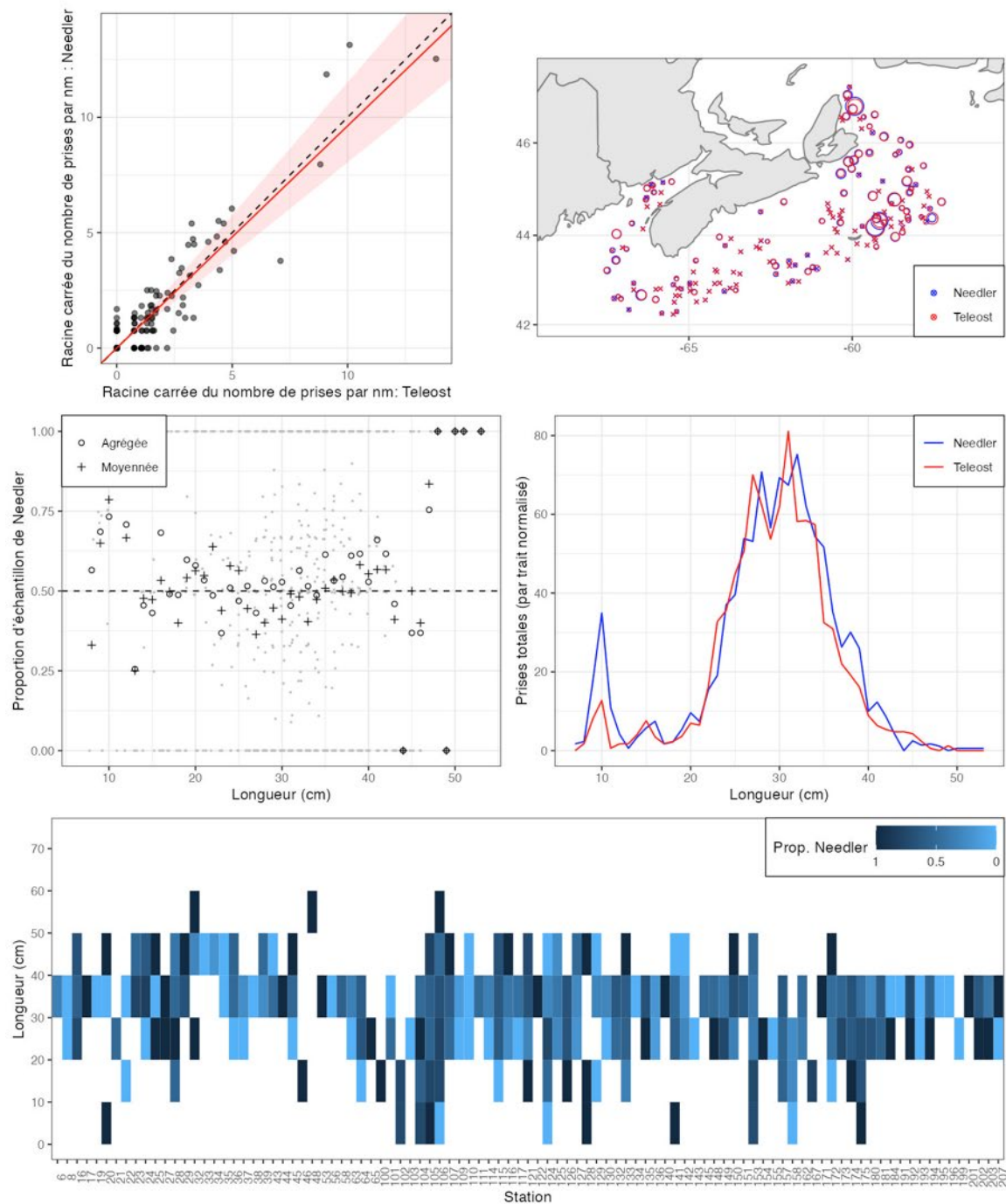


Figure 21a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).

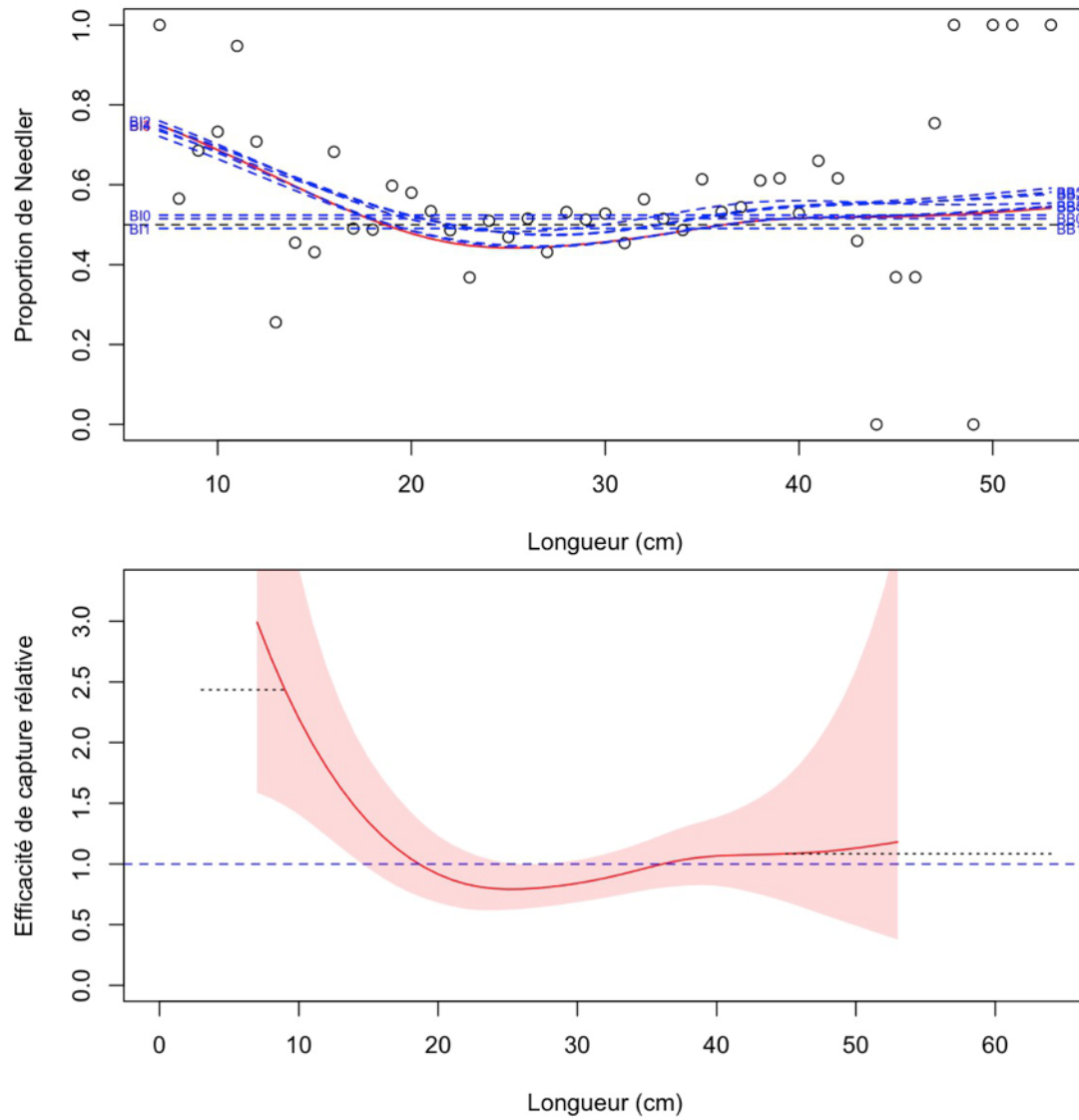


Figure 21b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).

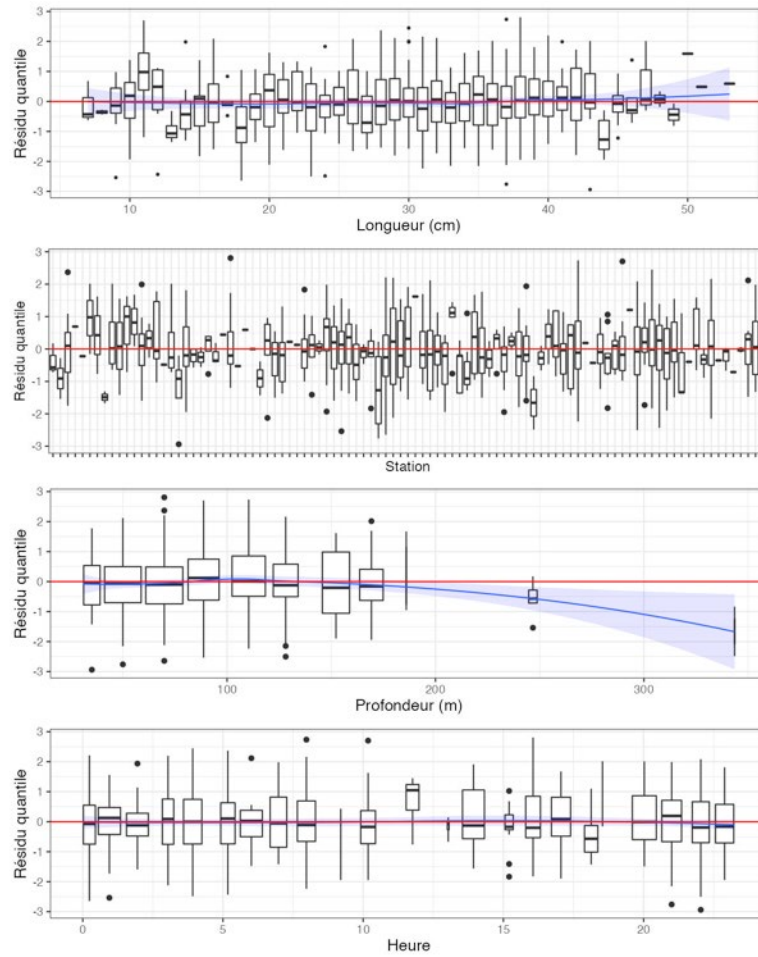


Figure 21c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).



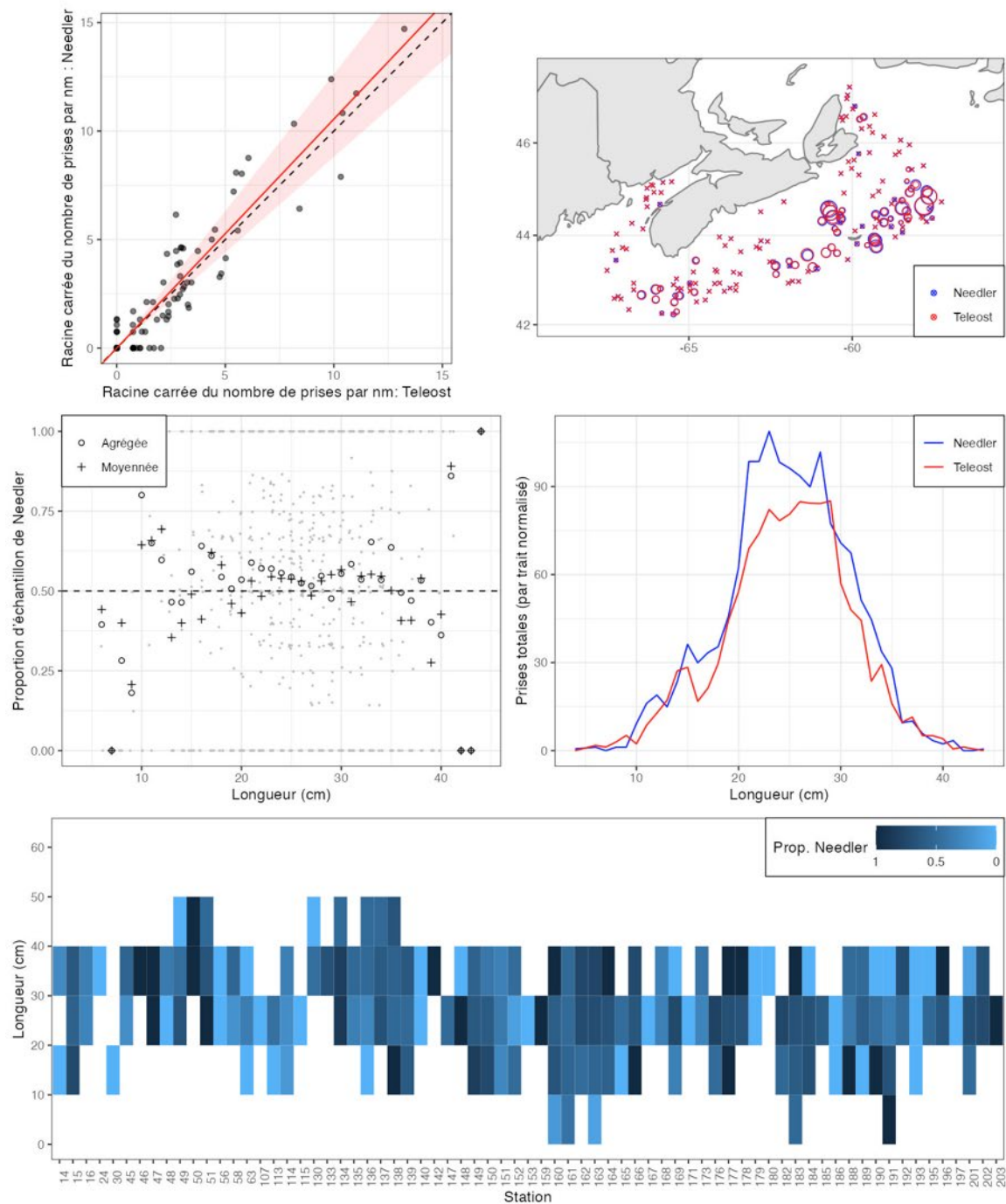


Figure 22a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Limanda ferruginea* (42).

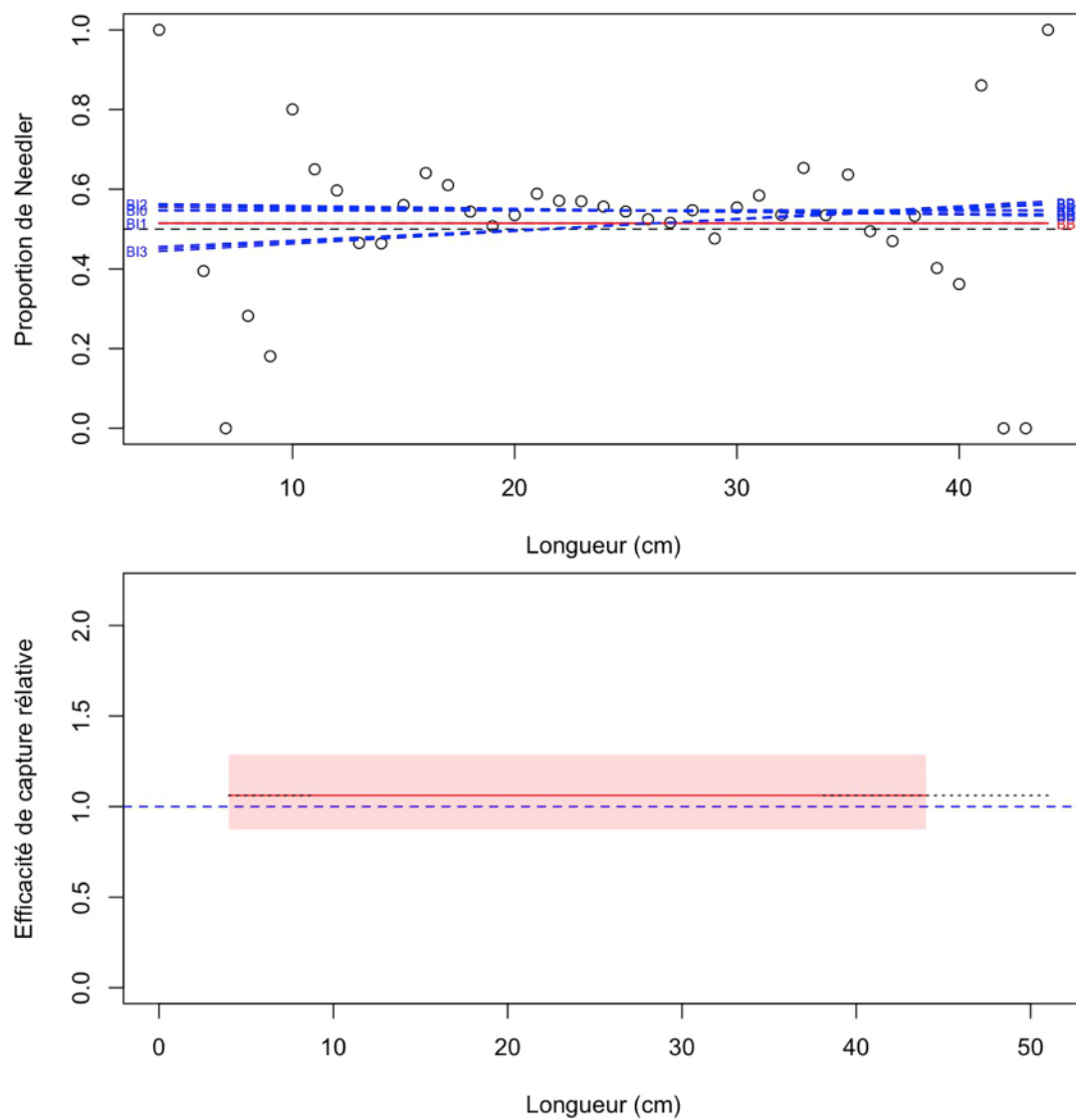


Figure 22b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Limanda ferruginea* (42).

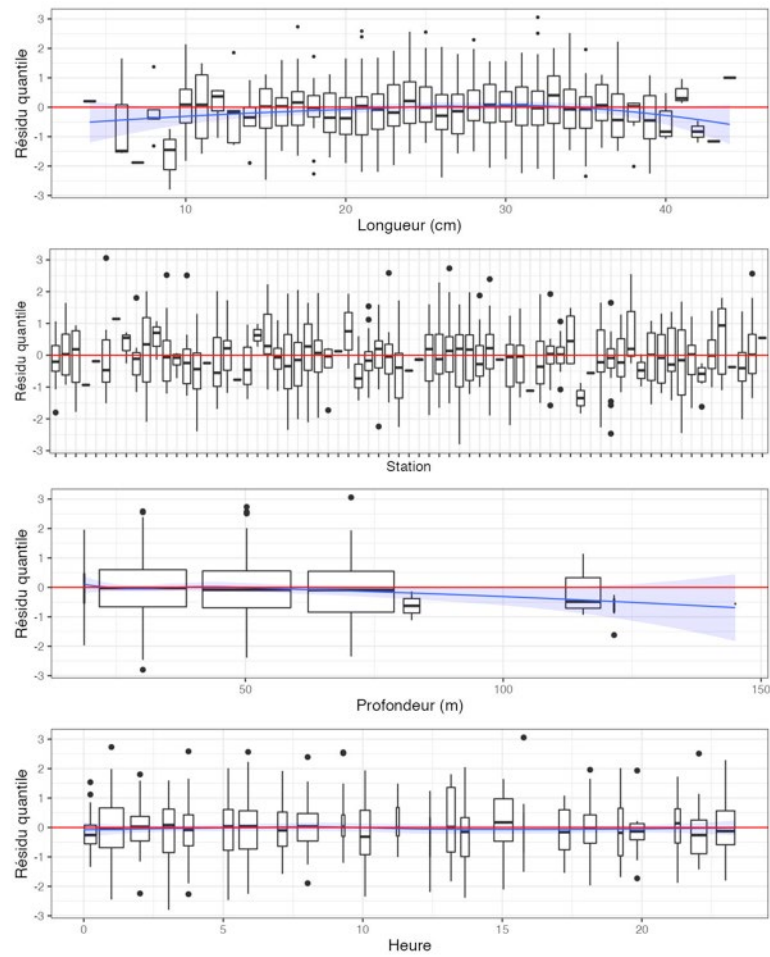


Figure 22c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Limanda ferruginea* (42).

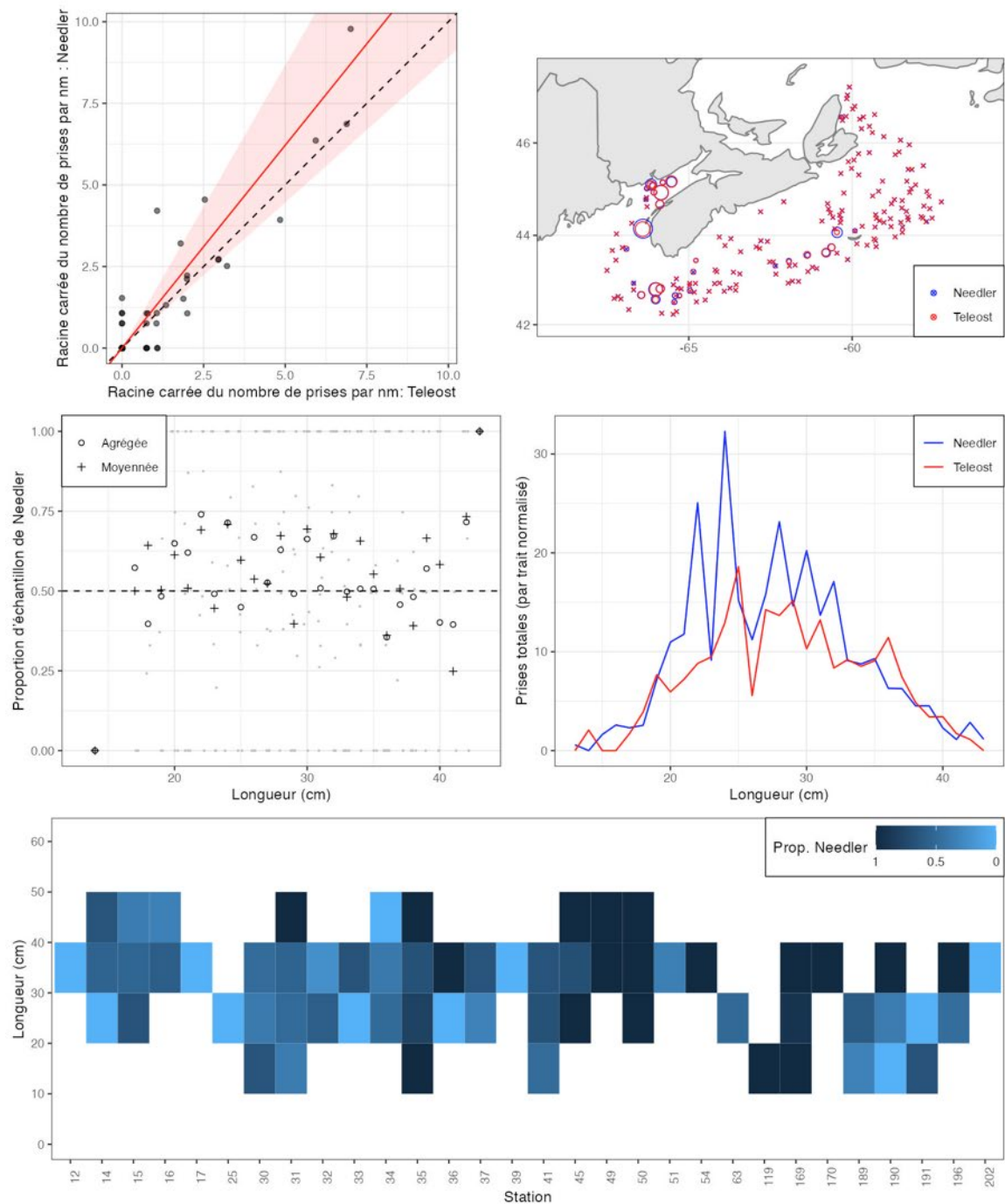


Figure 23a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

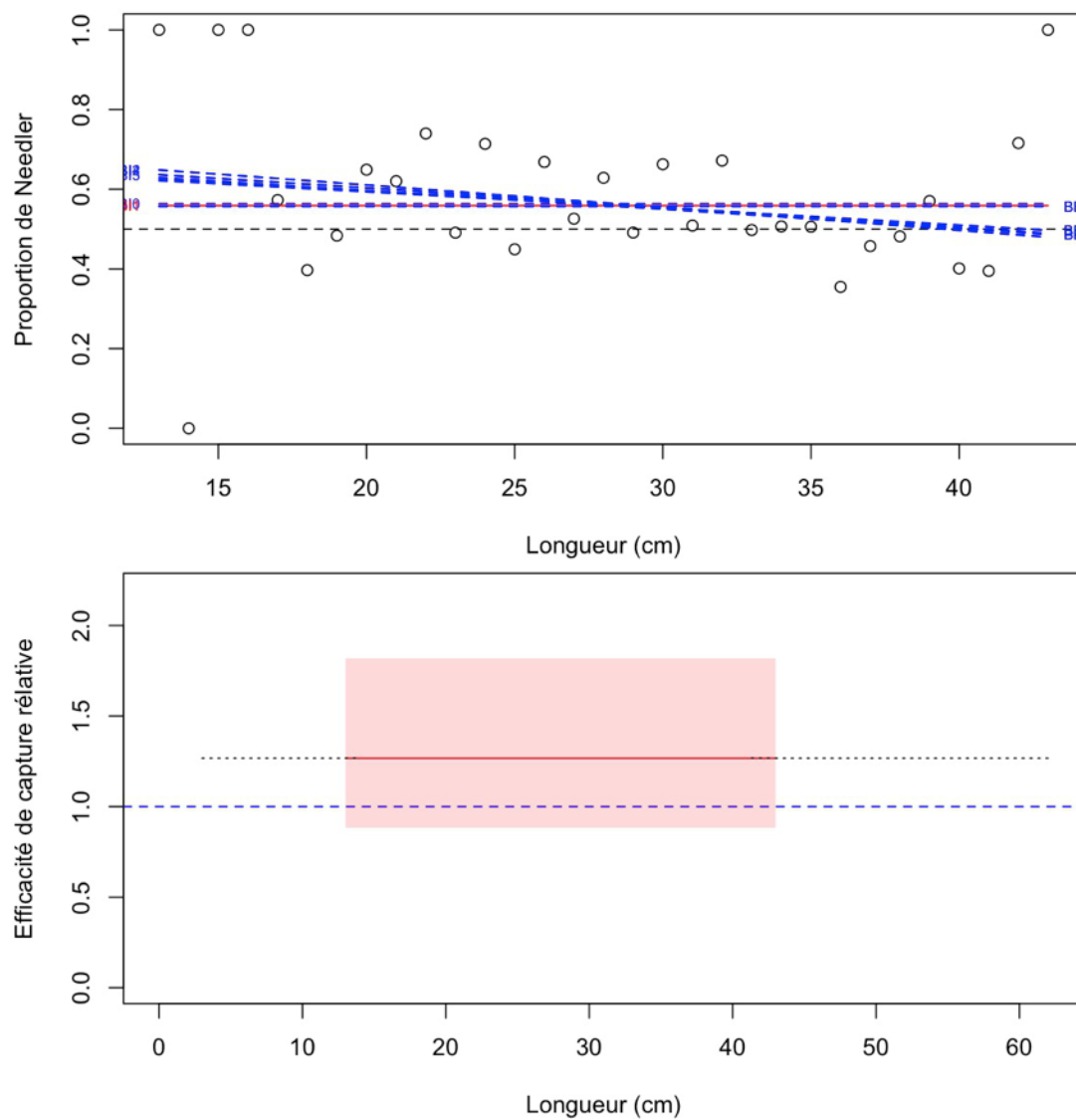


Figure 23b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

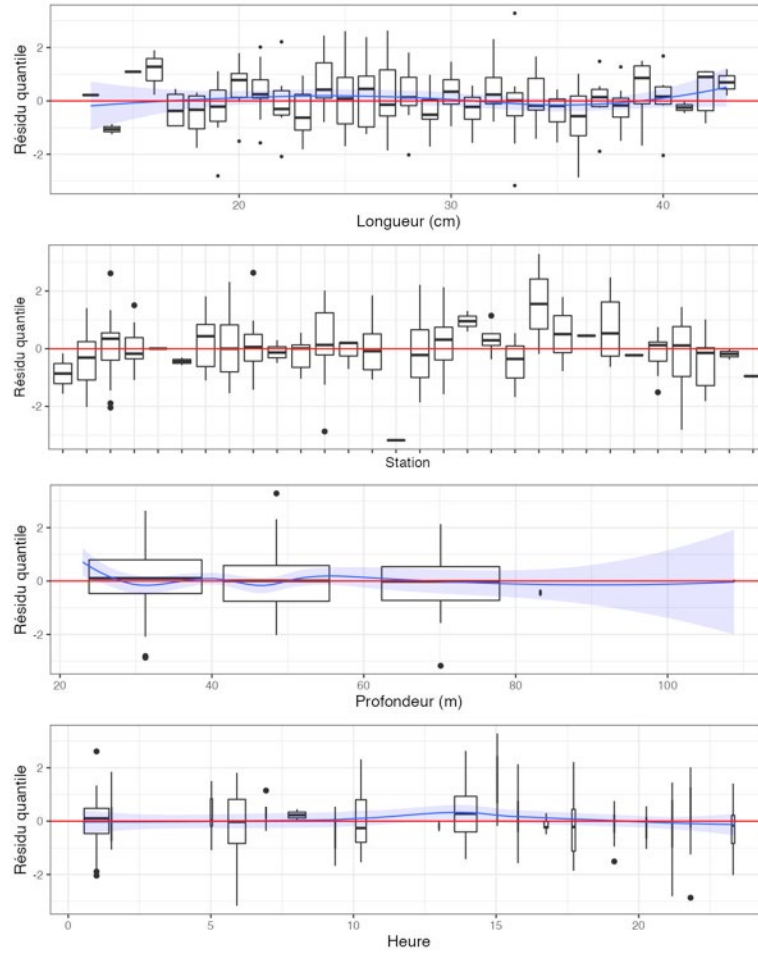


Figure 23c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

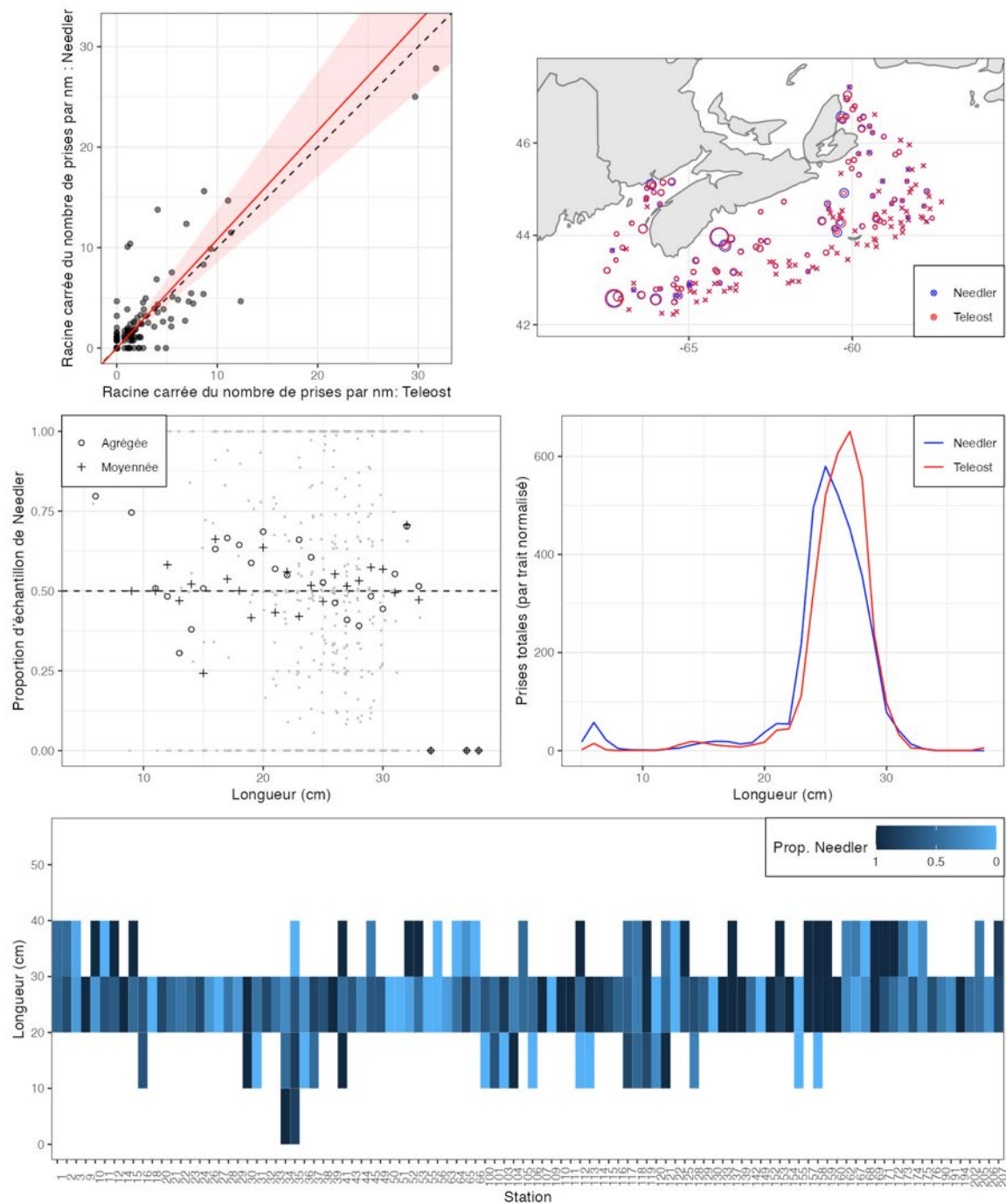


Figure 24a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Clupea harengus* (60).

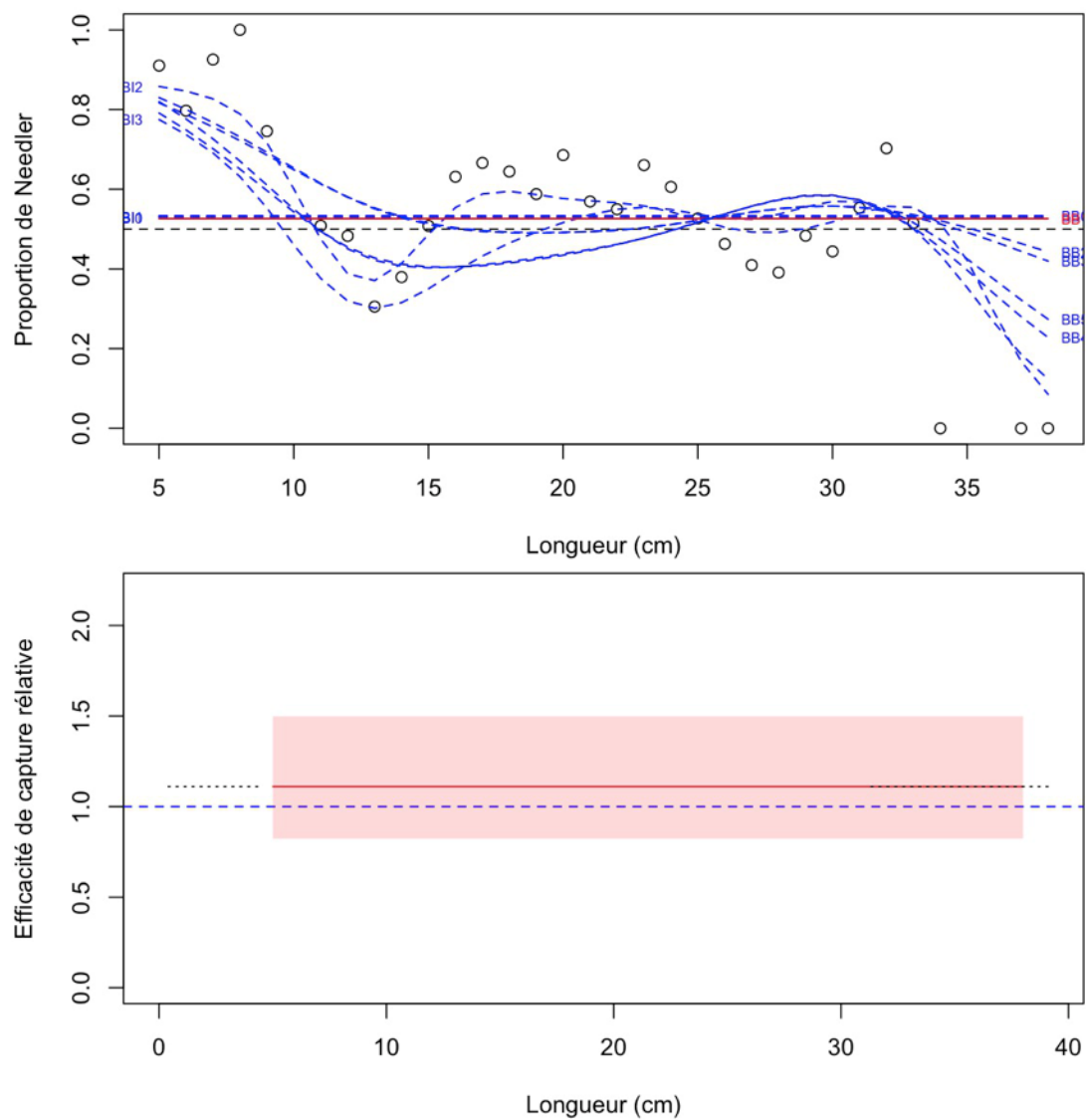


Figure 24b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Clupea harengus* (60).



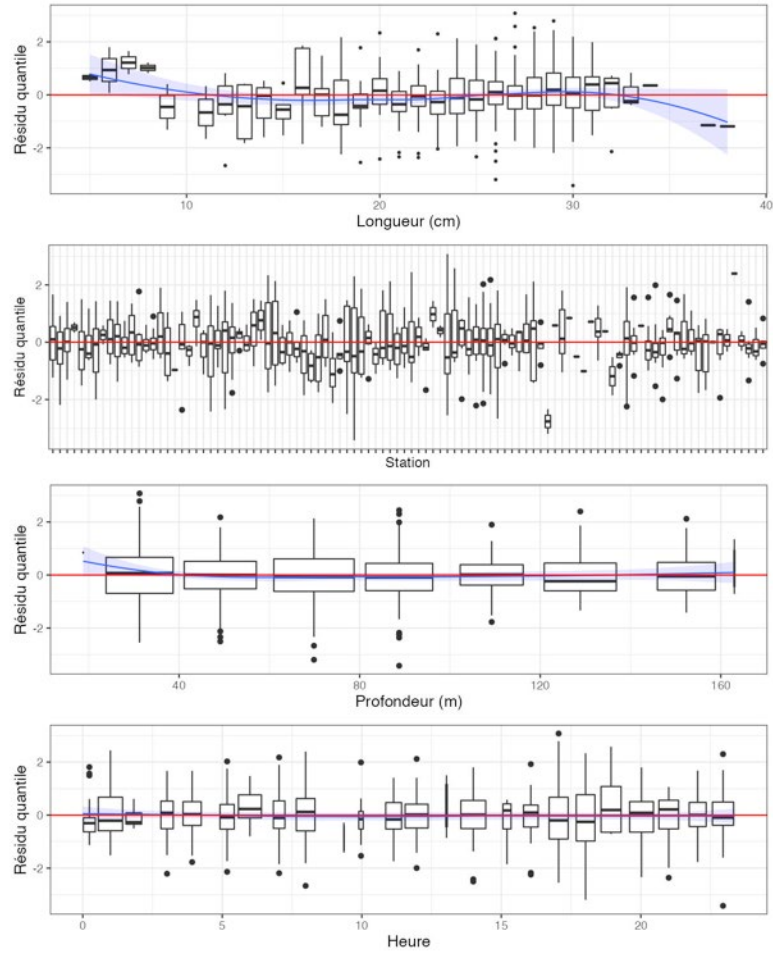


Figure 24c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Clupea harengus* (60).

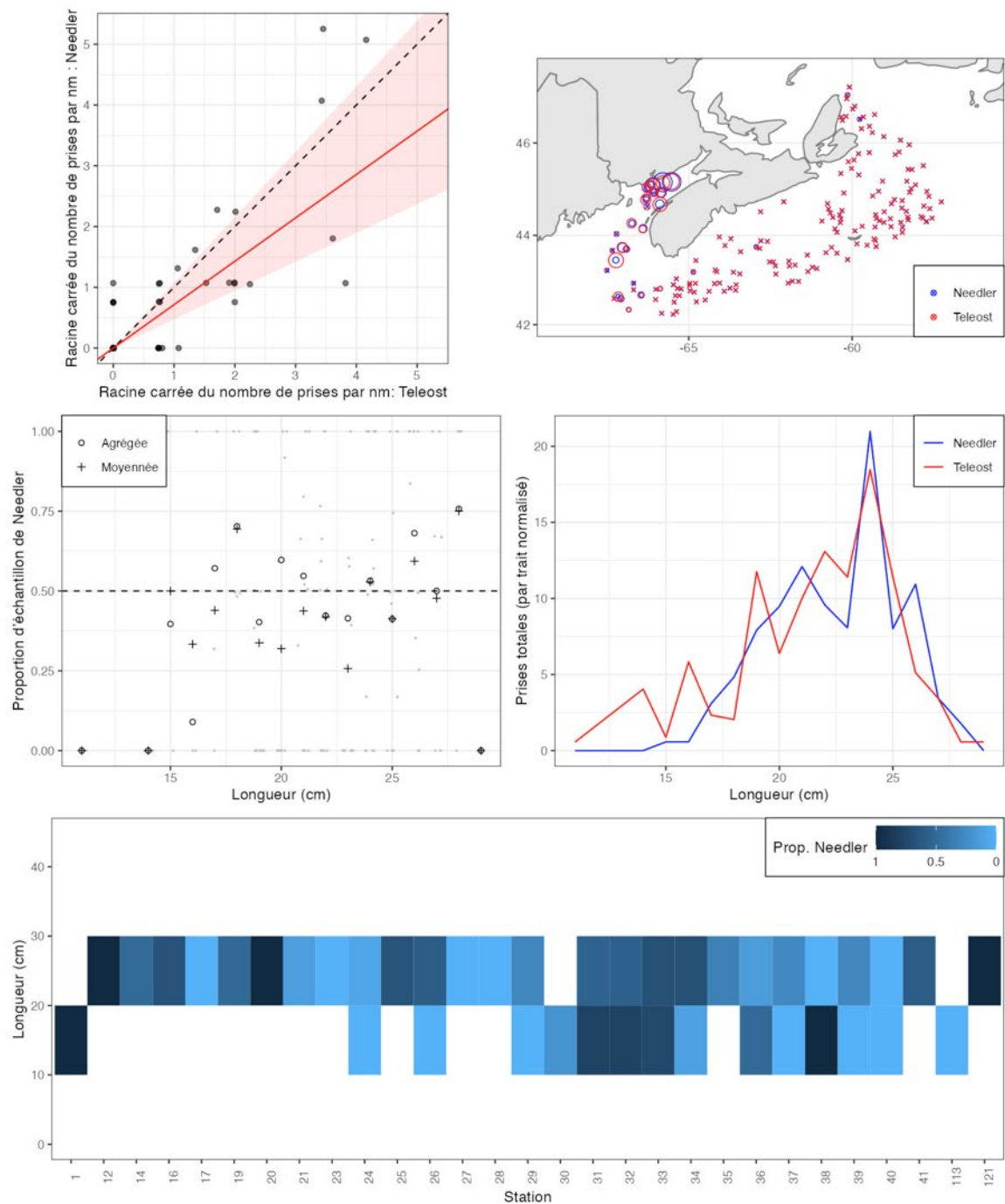


Figure 25a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Alosa pseudoharengus* (62).

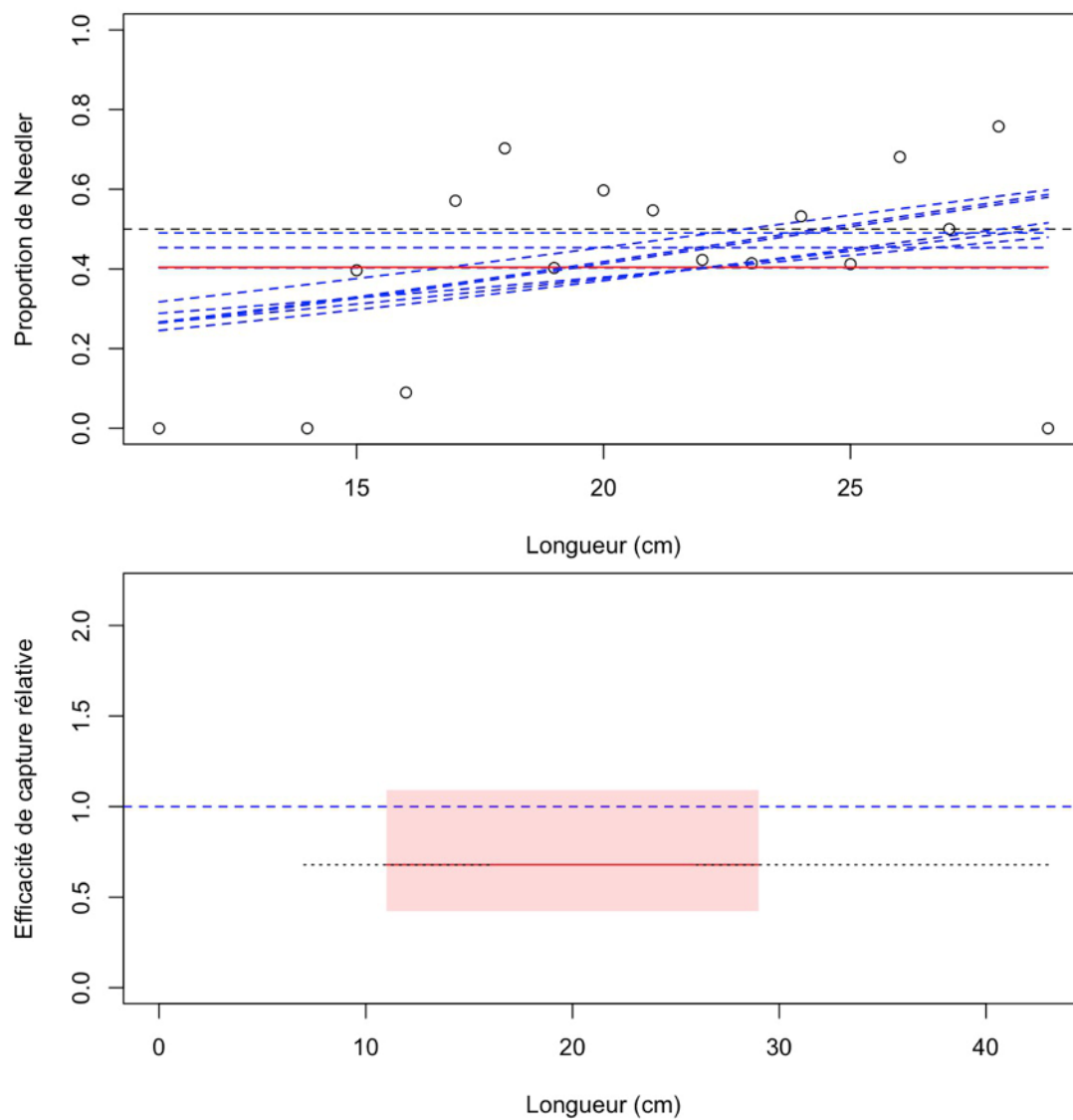


Figure 25b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Alosa pseudoharengus* (62).

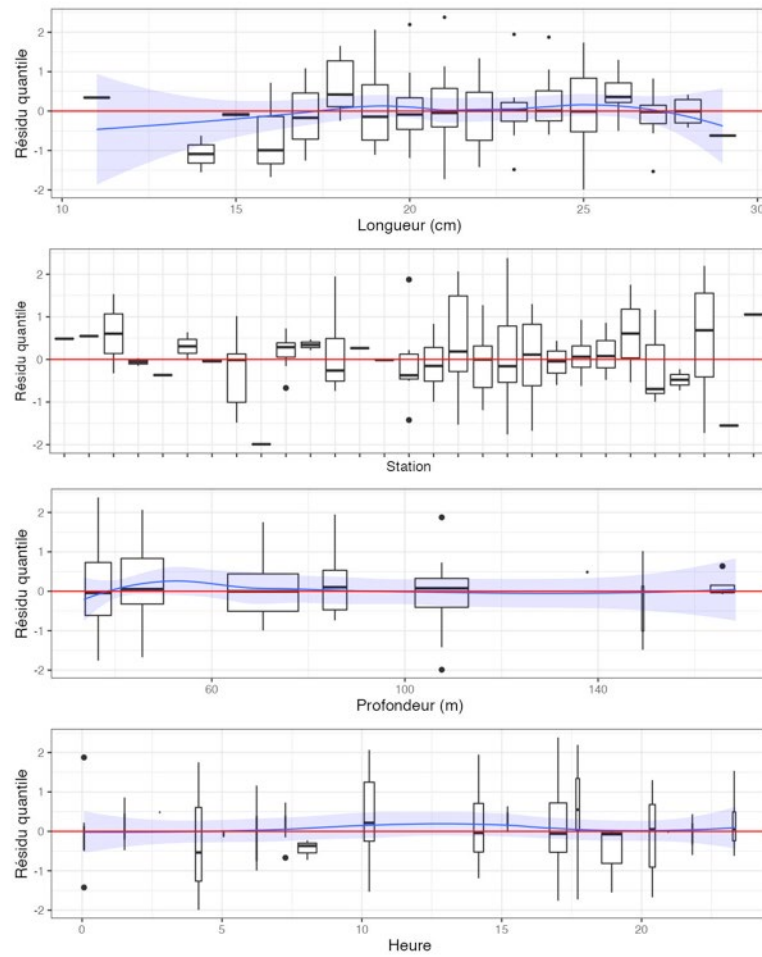


Figure 25c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Alosa pseudoharengus* (62).

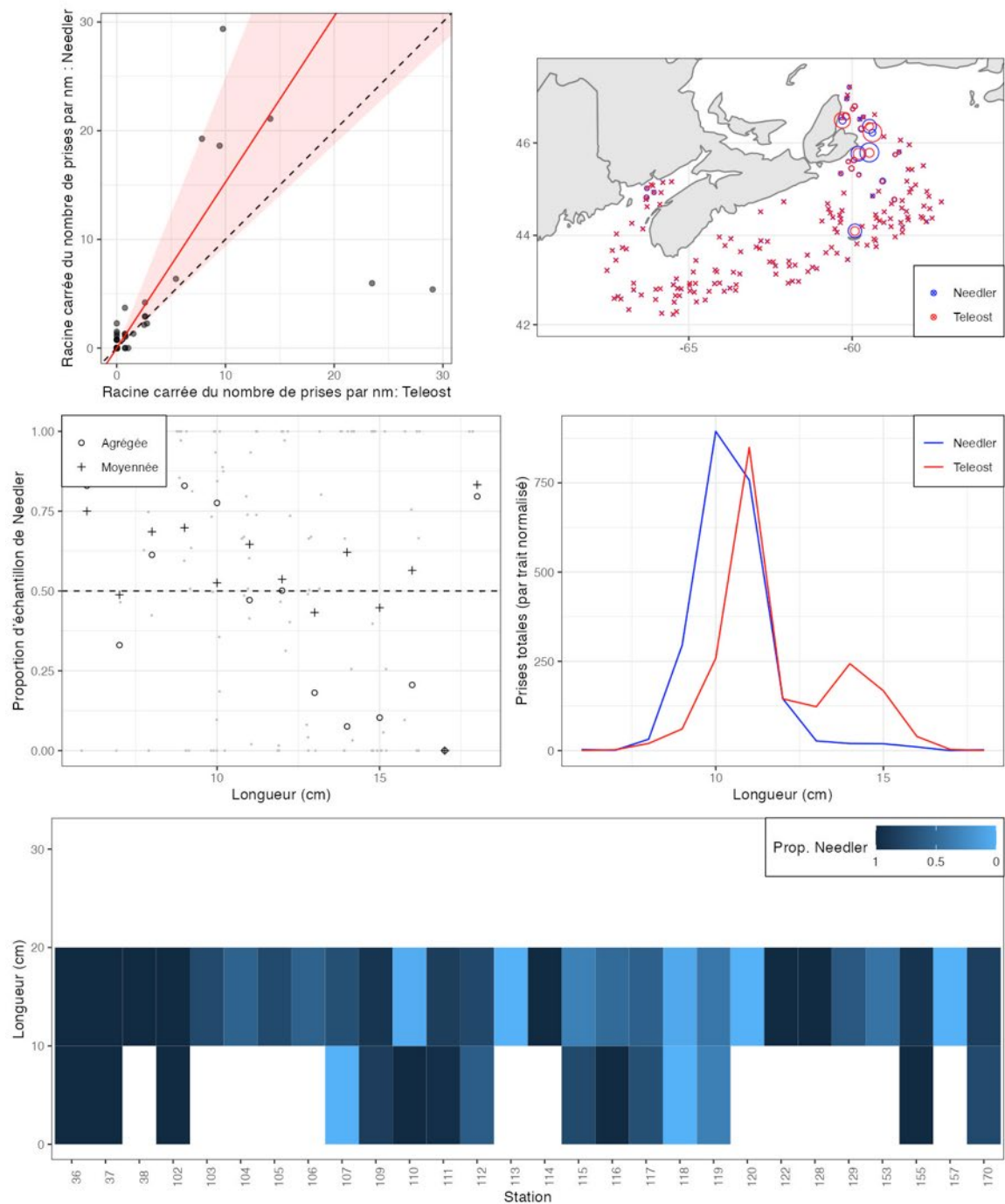


Figure 26a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Mallotus villosus* (64).

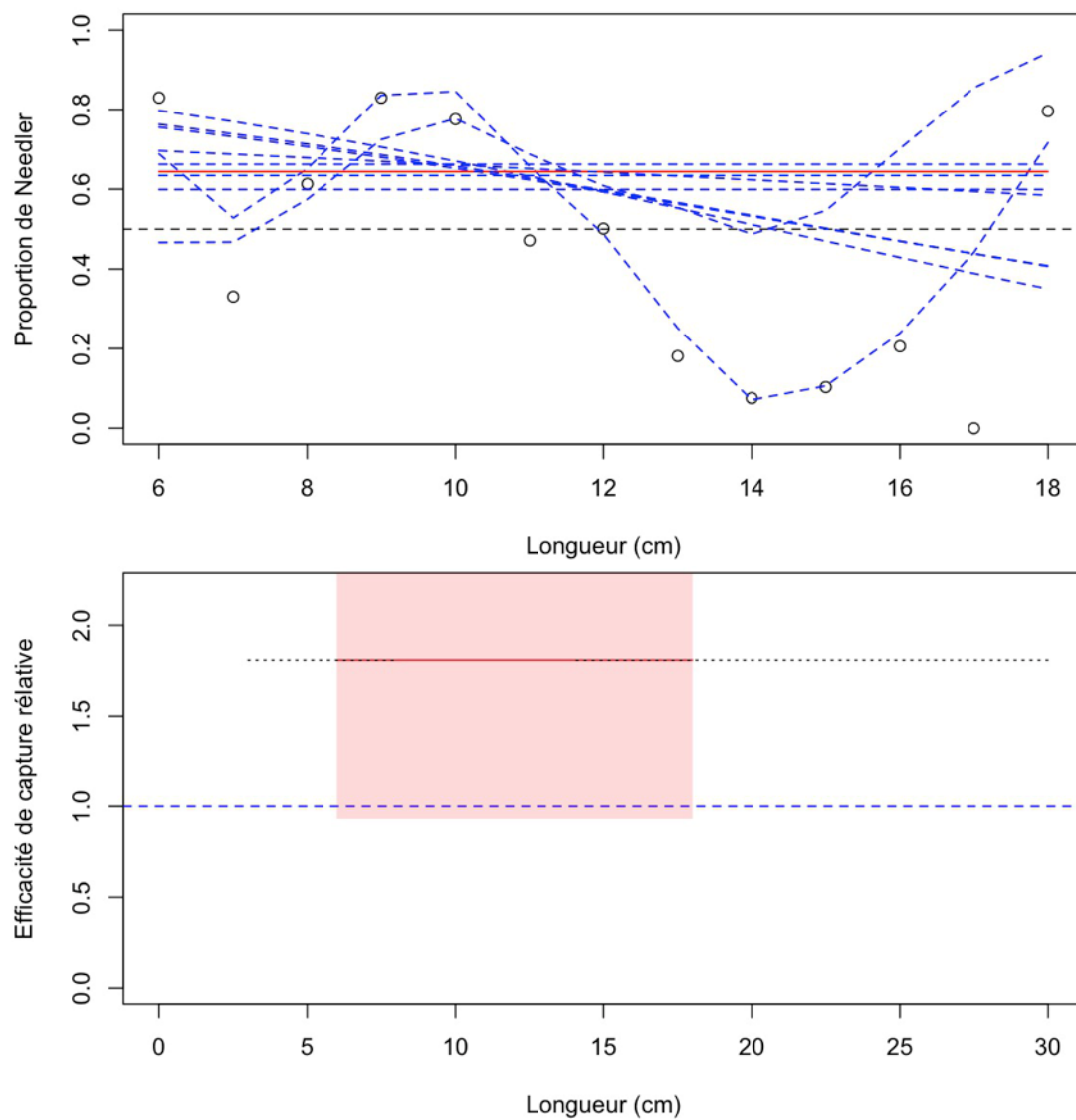


Figure 26b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Mallotus villosus* (64).

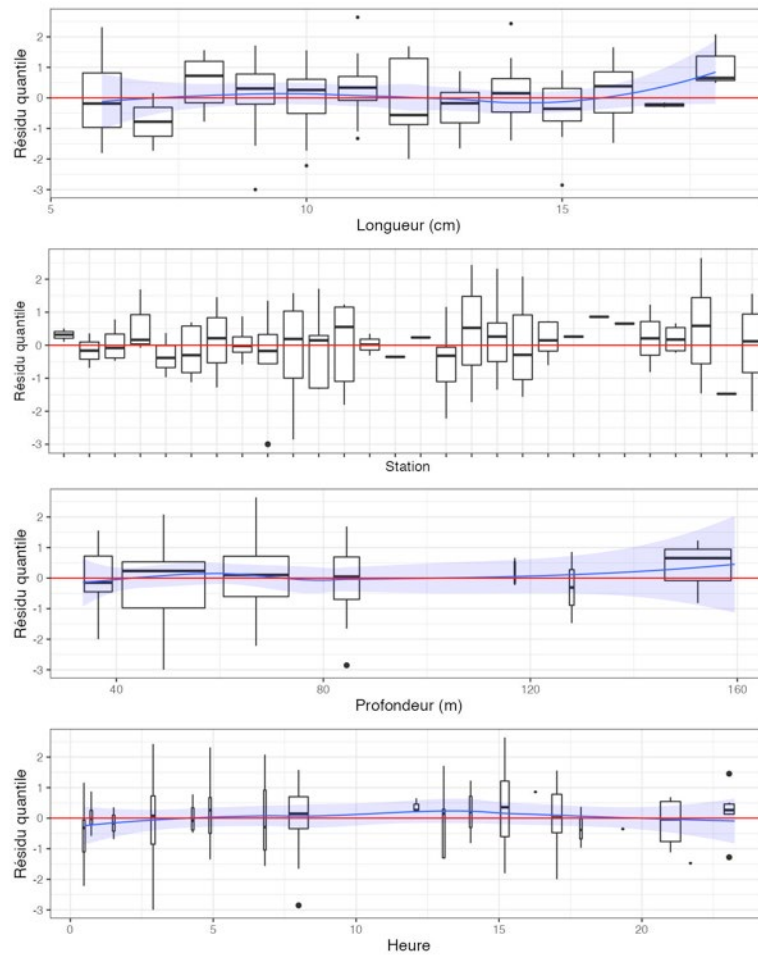


Figure 26c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Mallotus villosus* (64).

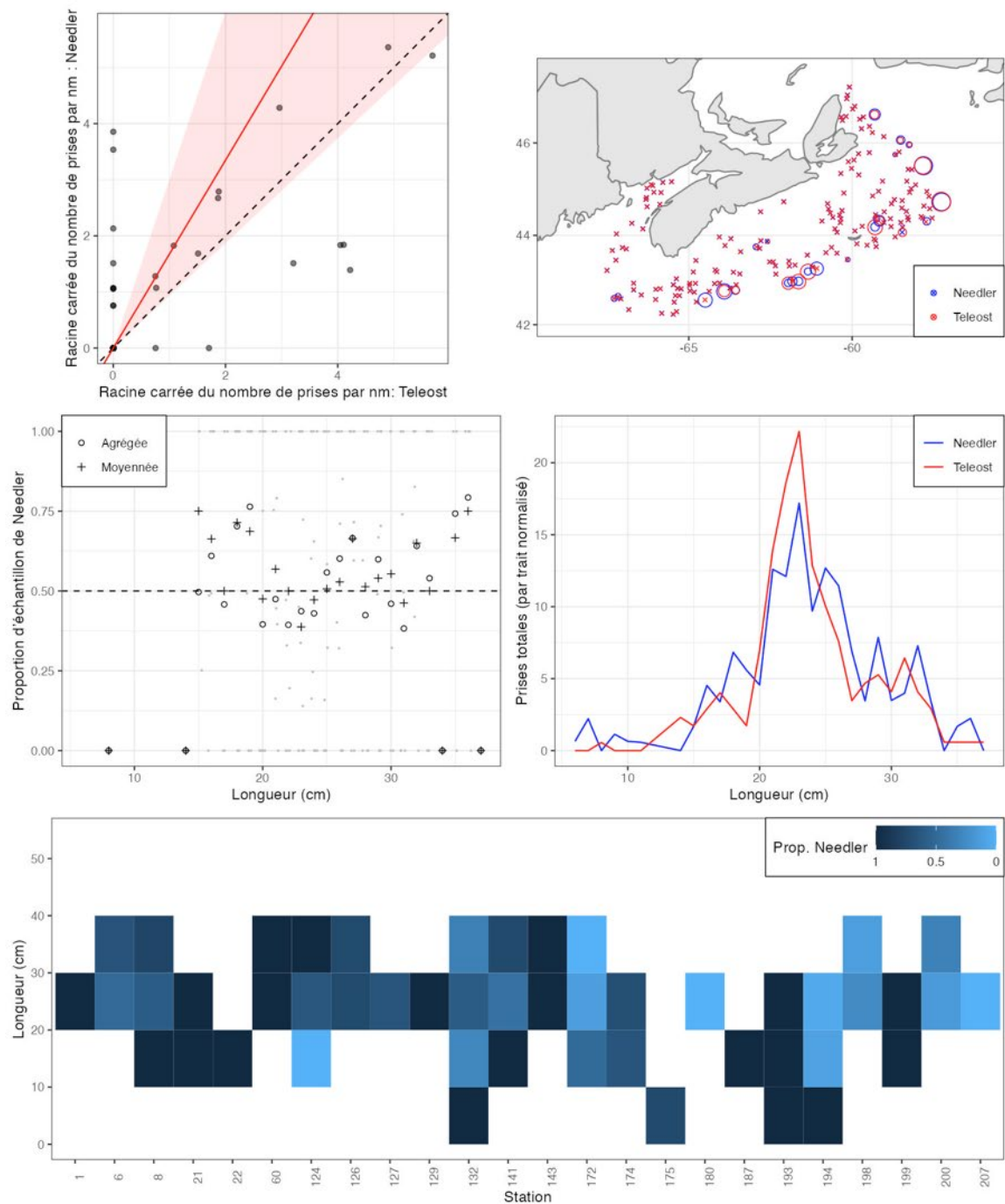


Figure 27a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis chesteri* (112).



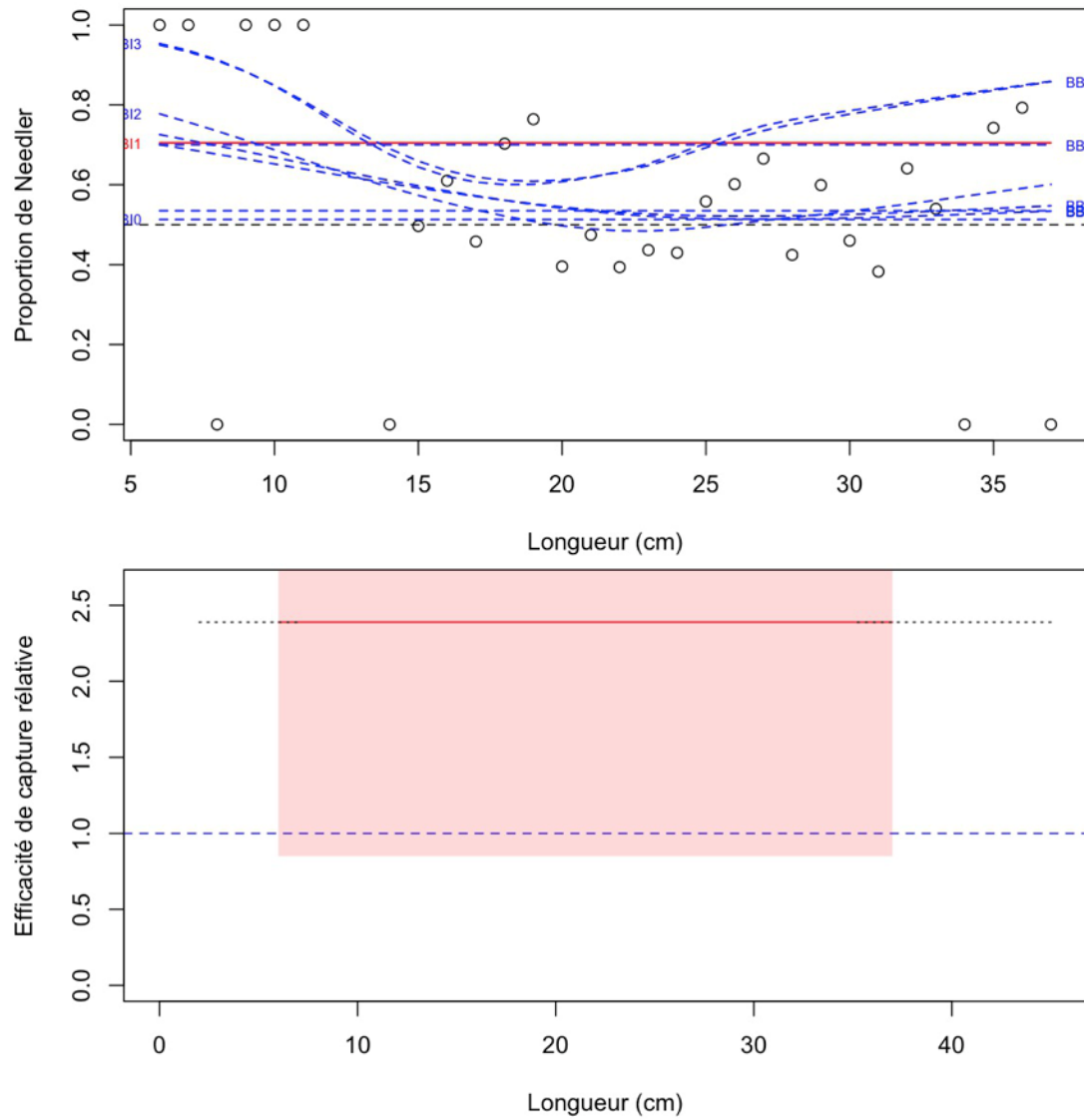


Figure 27b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis chesteri* (112).

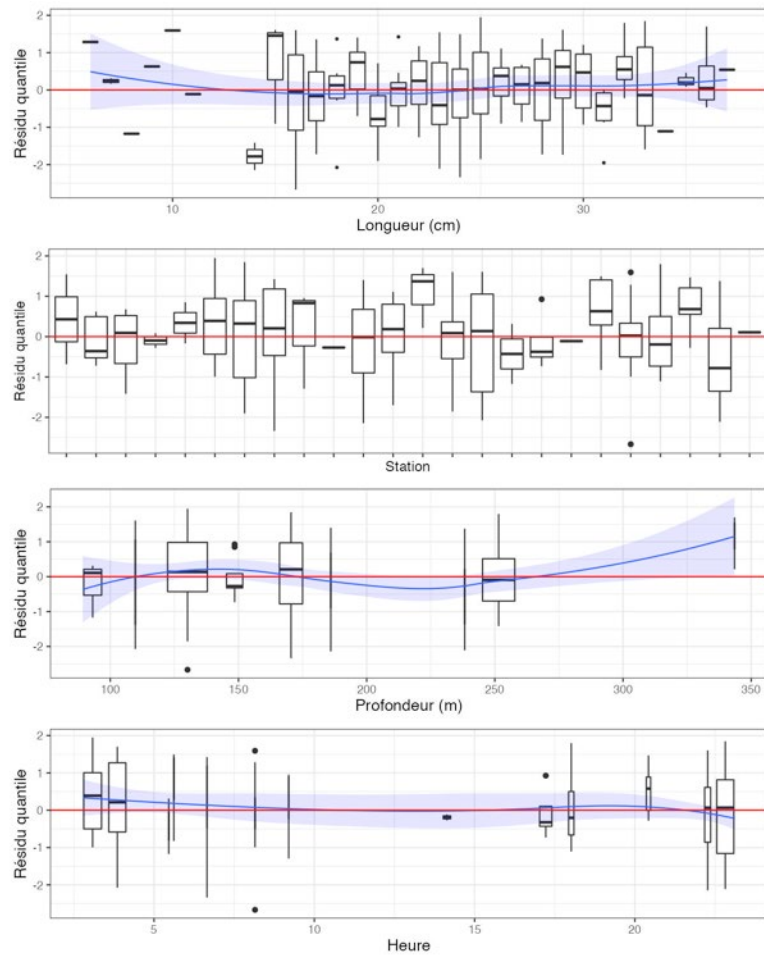


Figure 27c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis chesteri* (112).

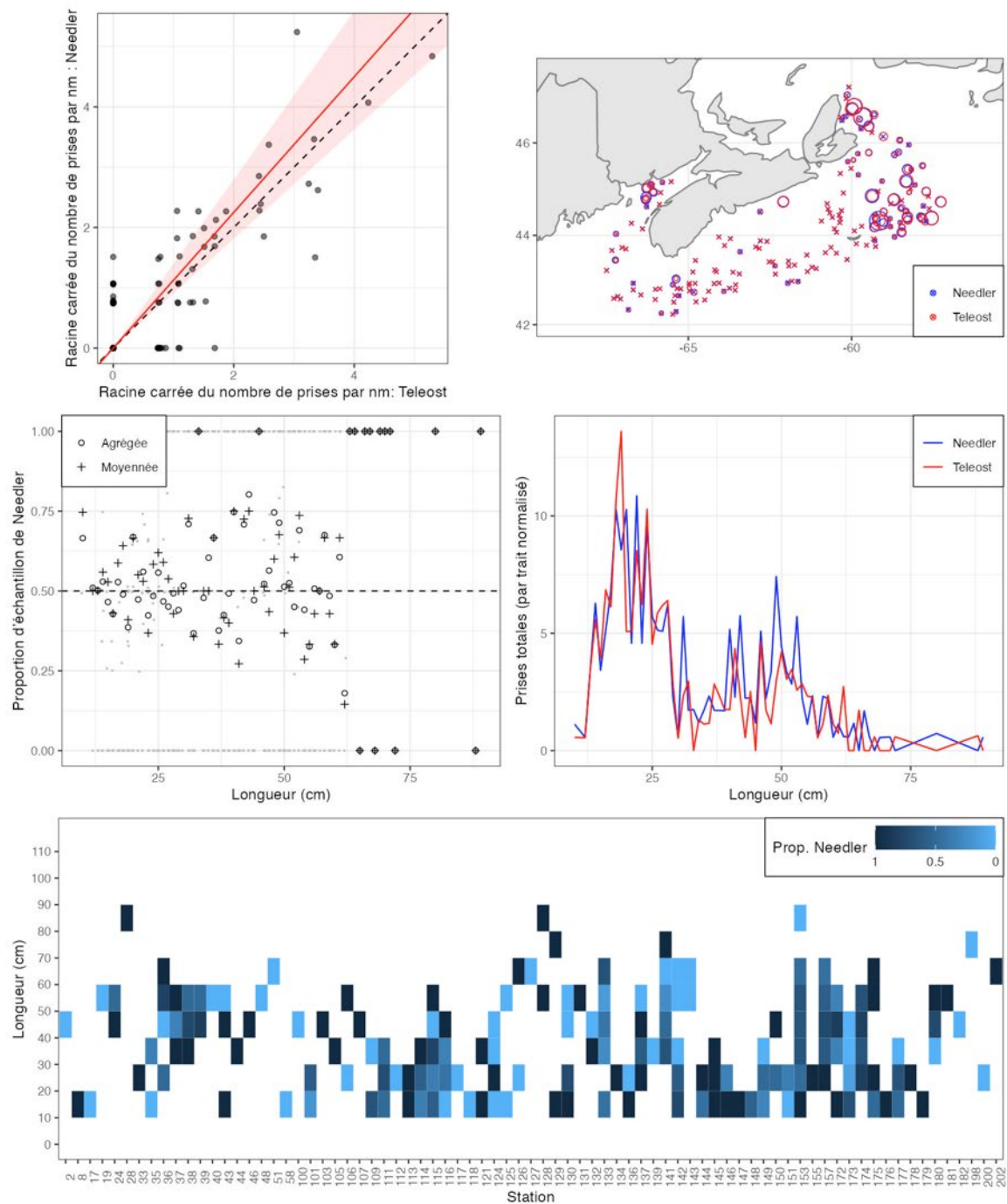


Figure 28a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Amblyraja radiata* (201).

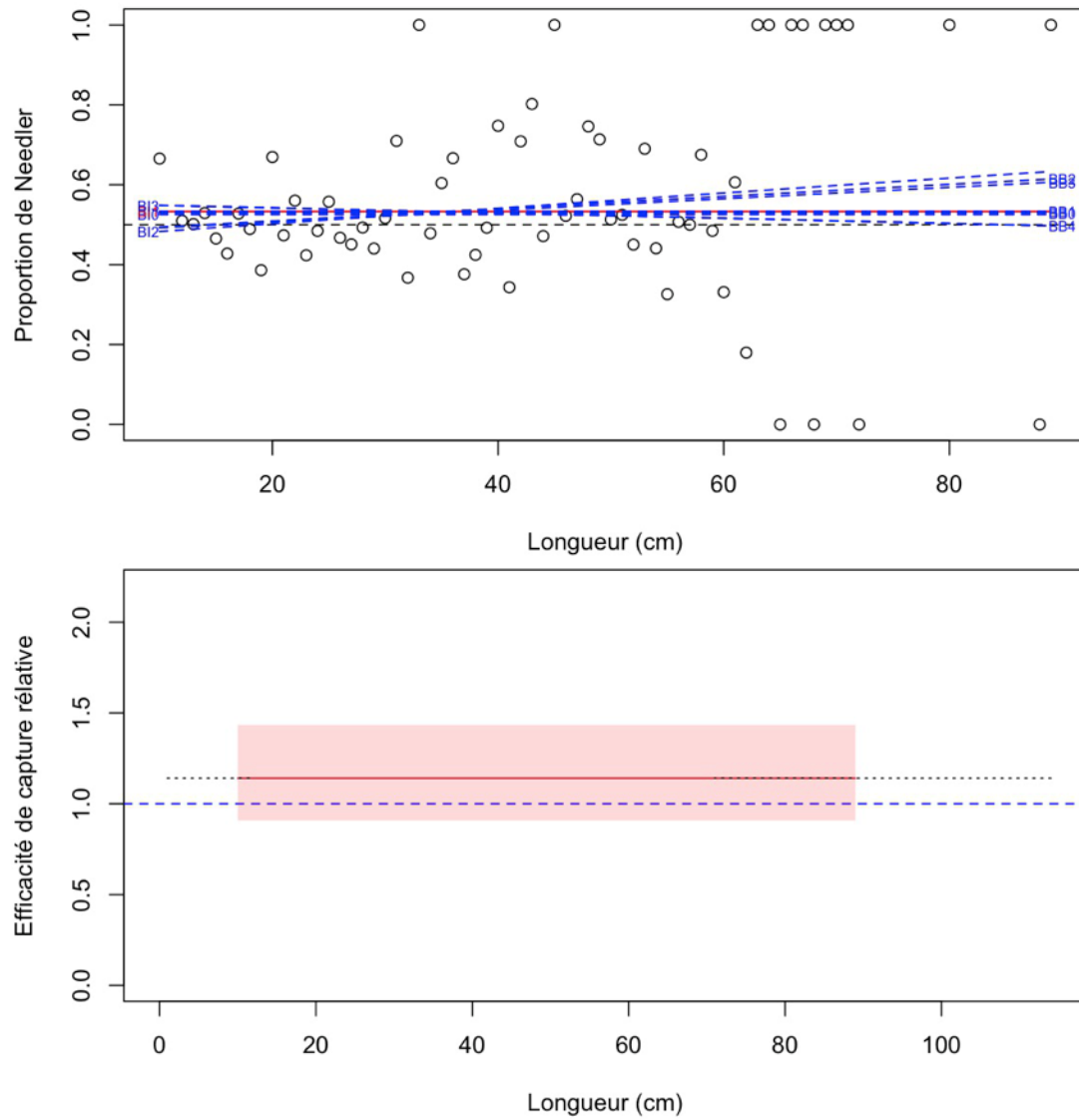


Figure 28b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Amblyraja radiata* (201).

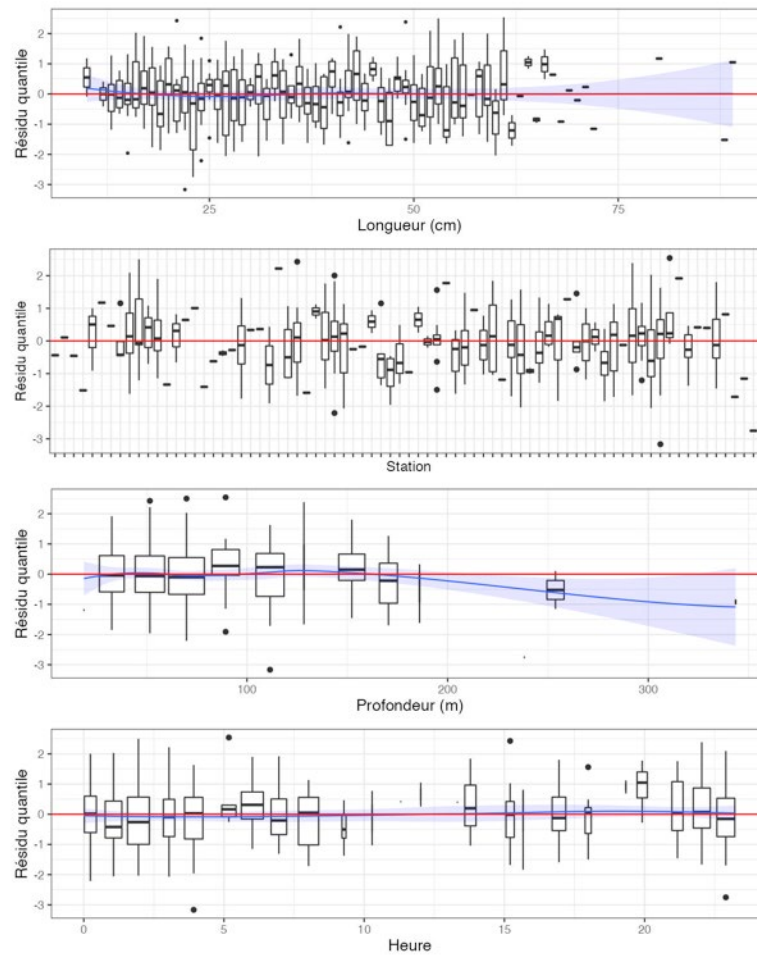


Figure 28c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Amblyraja radiata* (201).

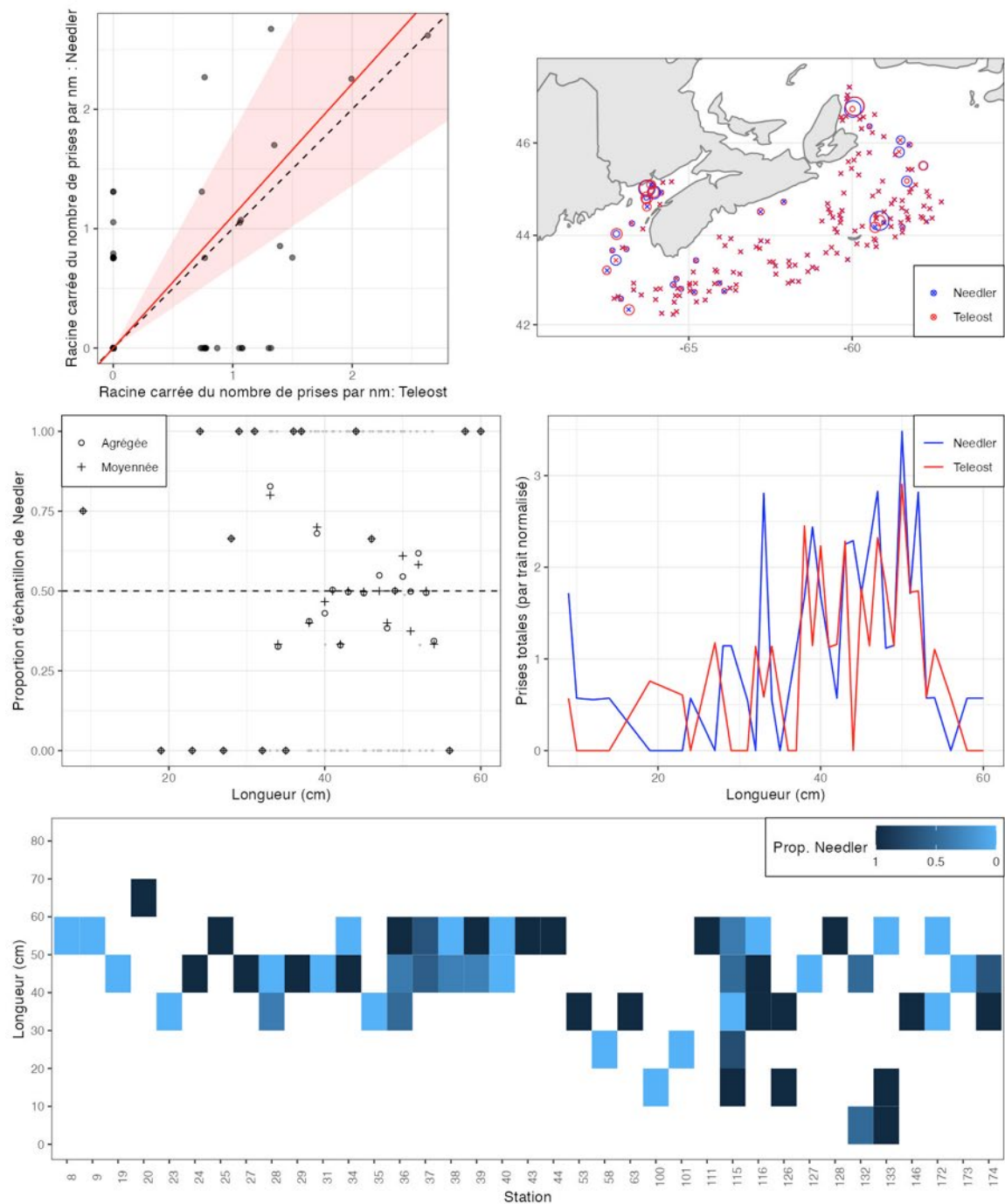


Figure 29a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Malacoraja senta* (202).

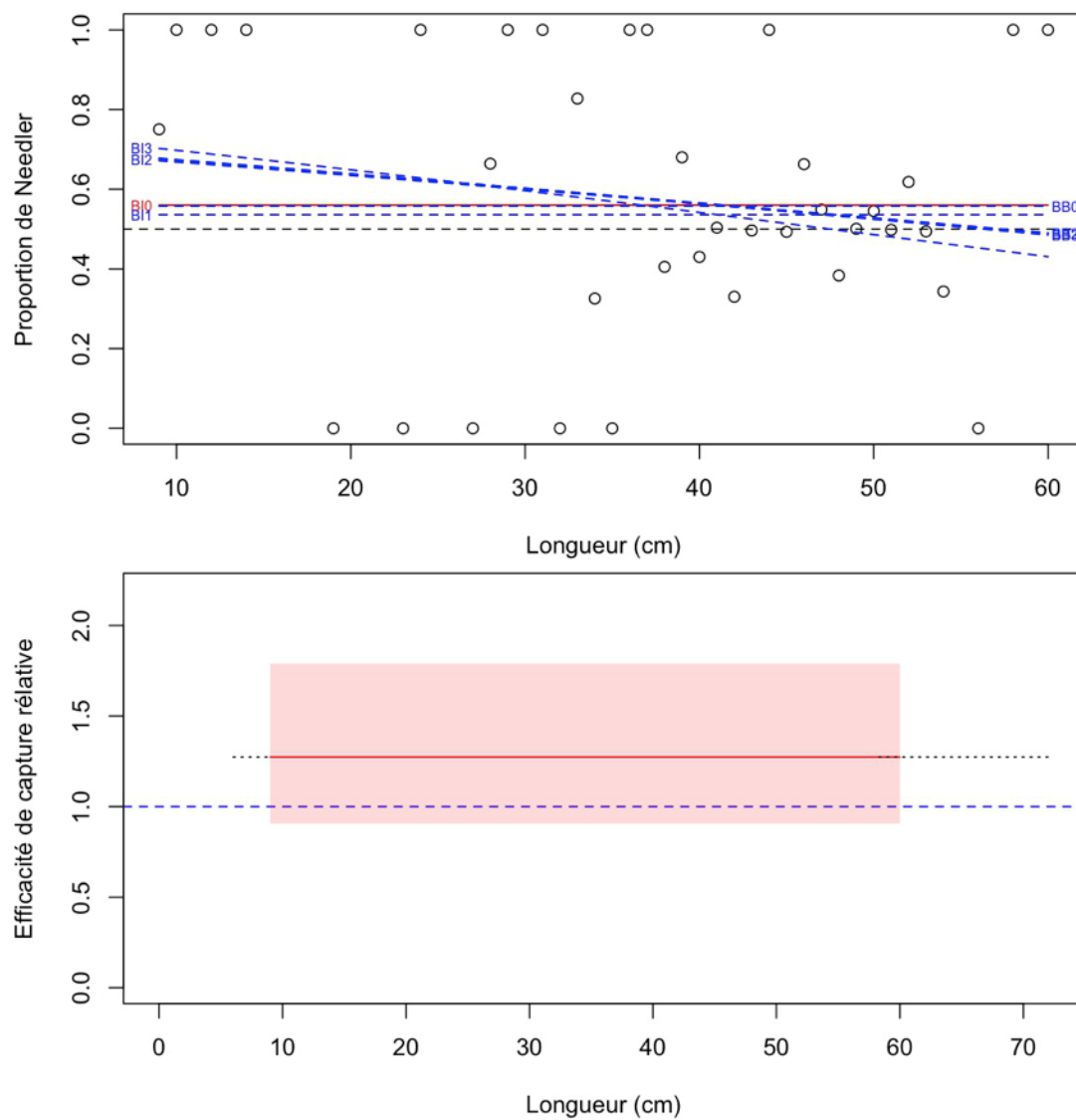


Figure 29b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Malacoraja senta* (202).

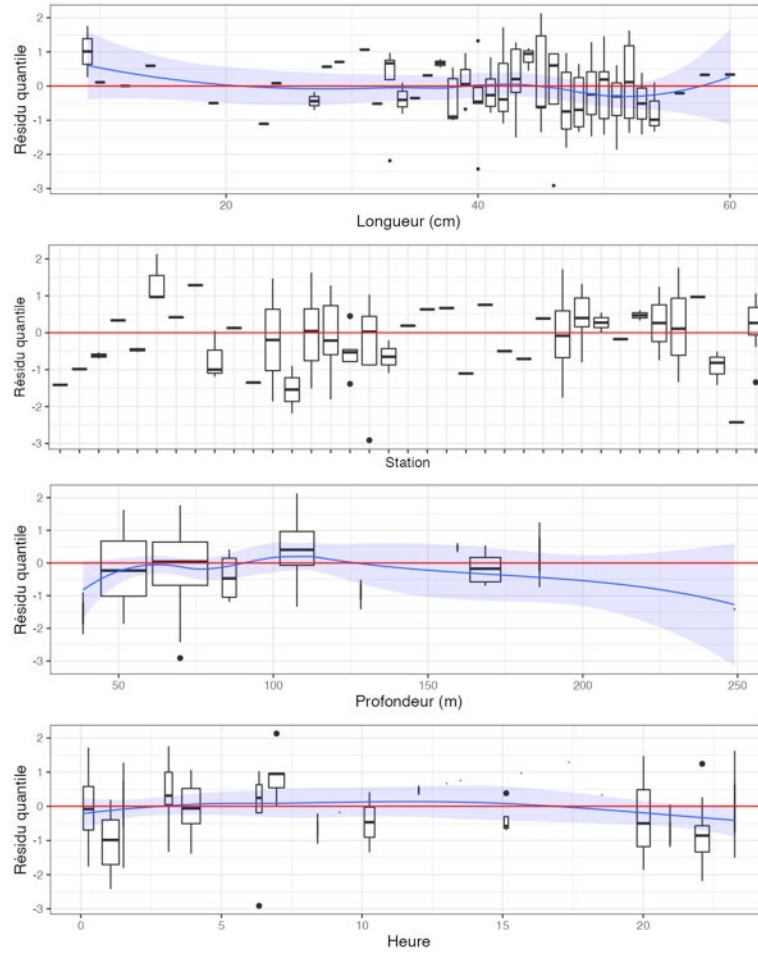


Figure 29c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Malacoraja senta* (202).



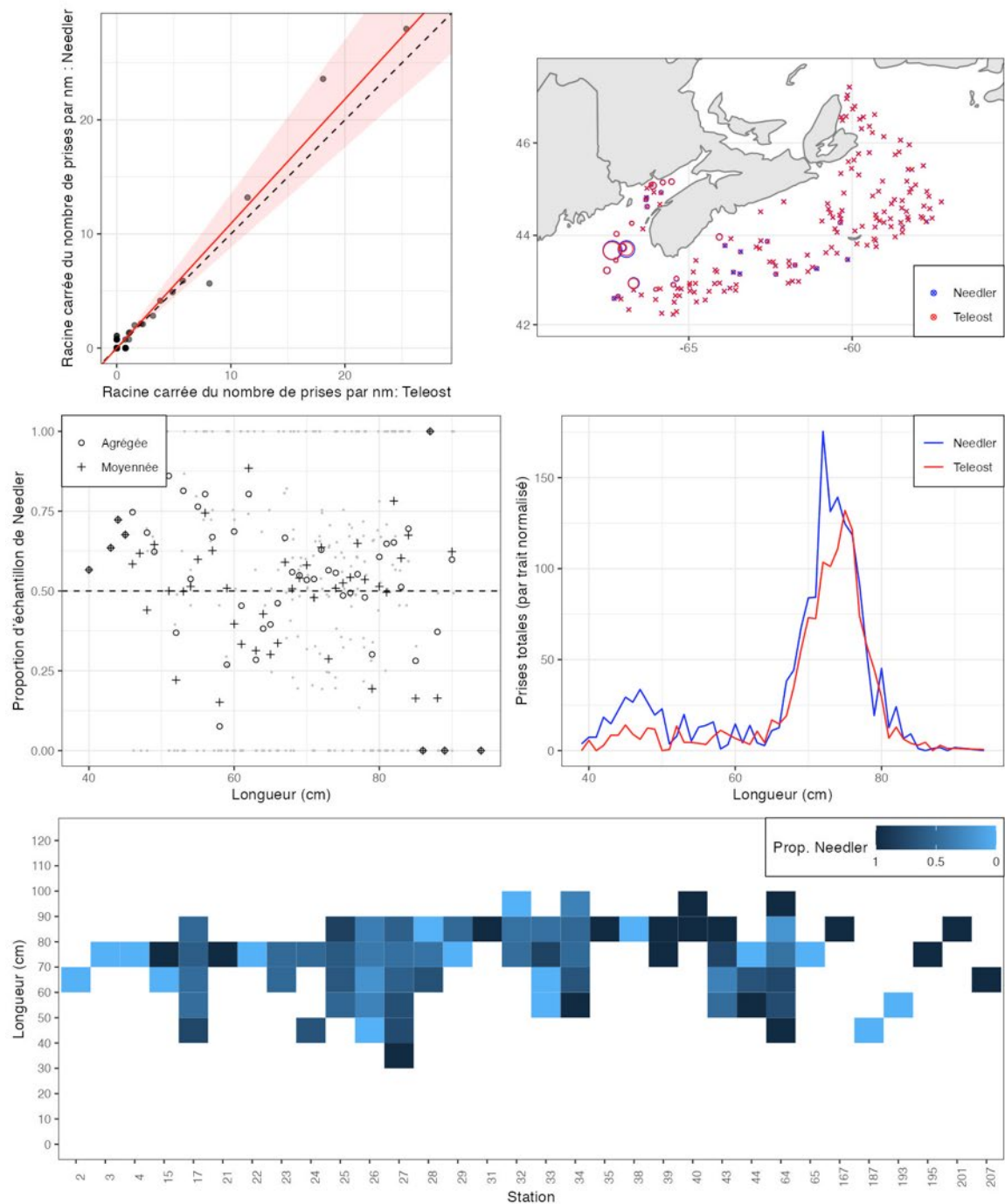


Figure 30a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Squalus acanthias* (220).

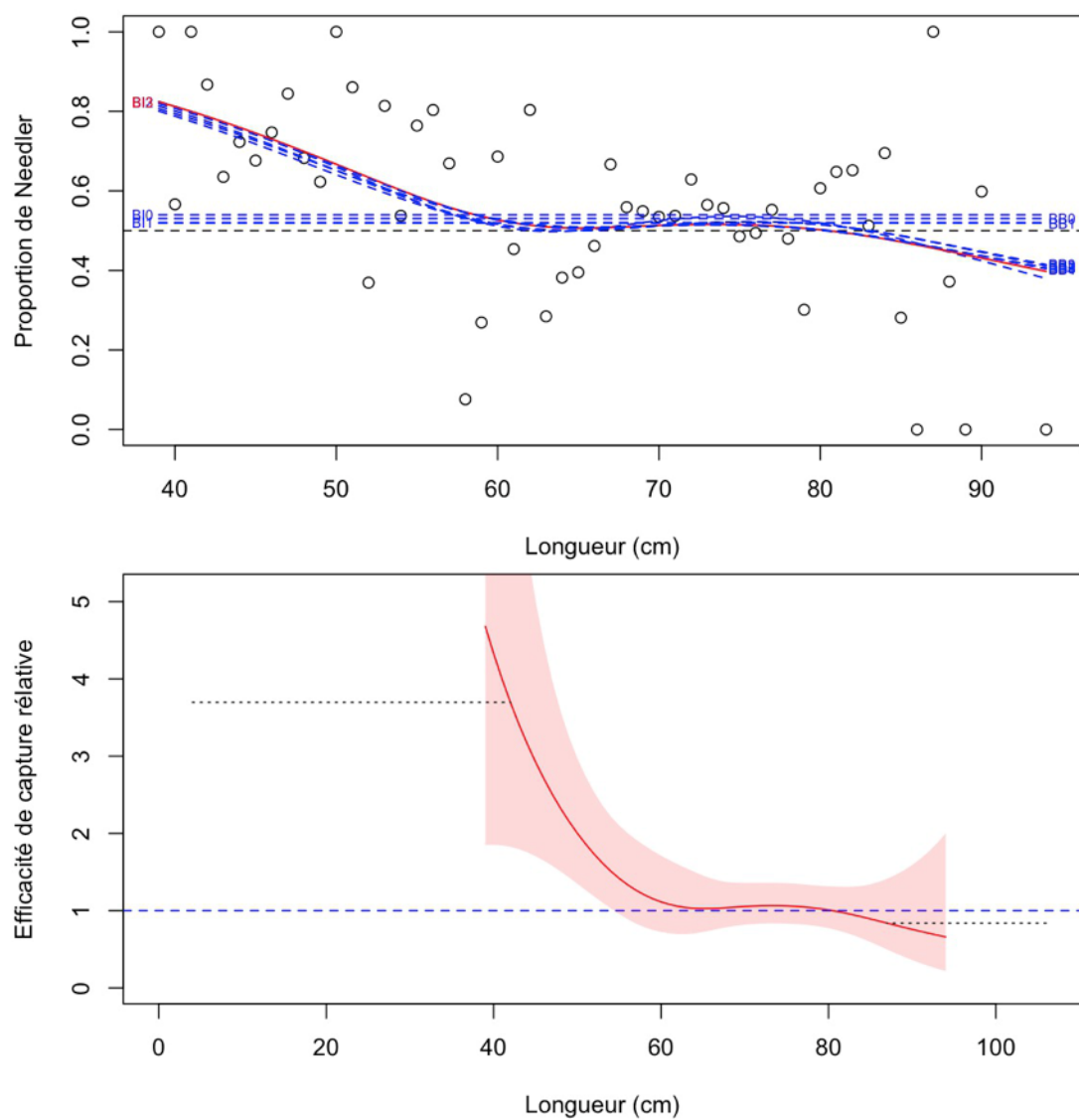


Figure 30b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Squalus acanthias* (220).

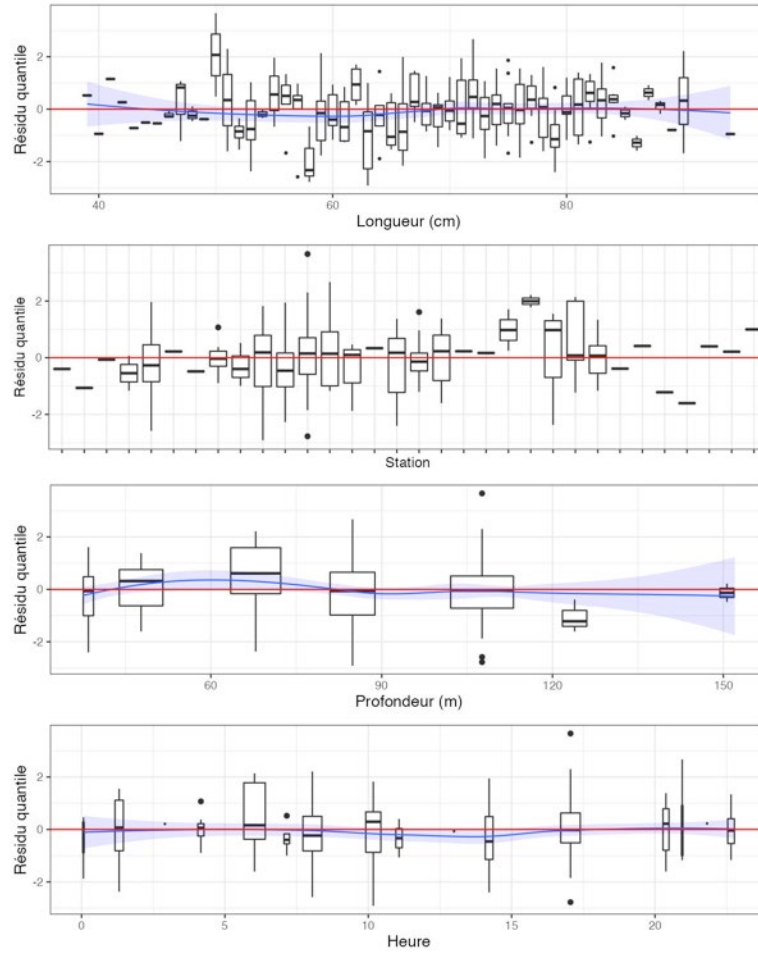


Figure 30c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Squalus acanthias* (220).

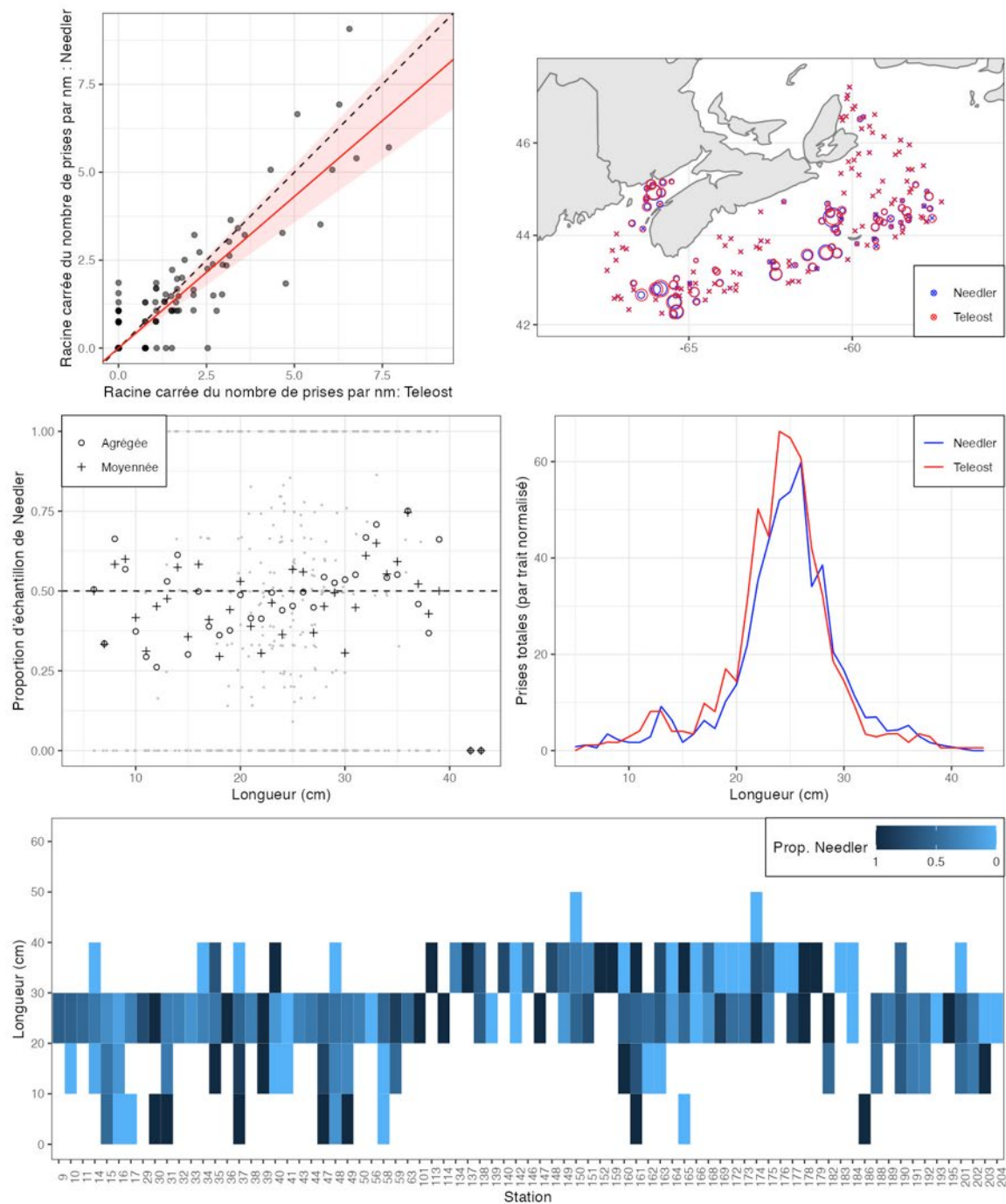


Figure 31a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

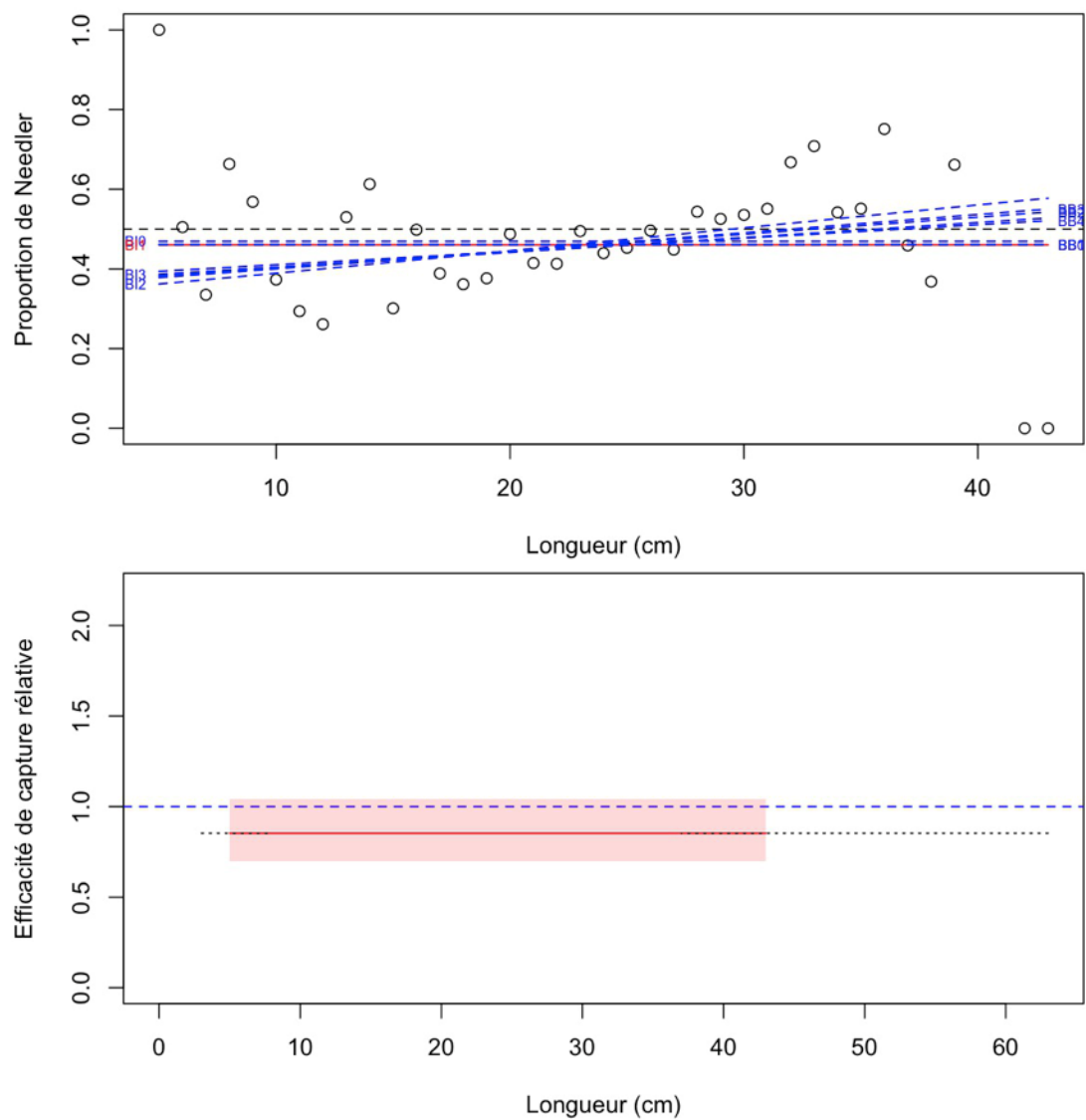


Figure 31b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

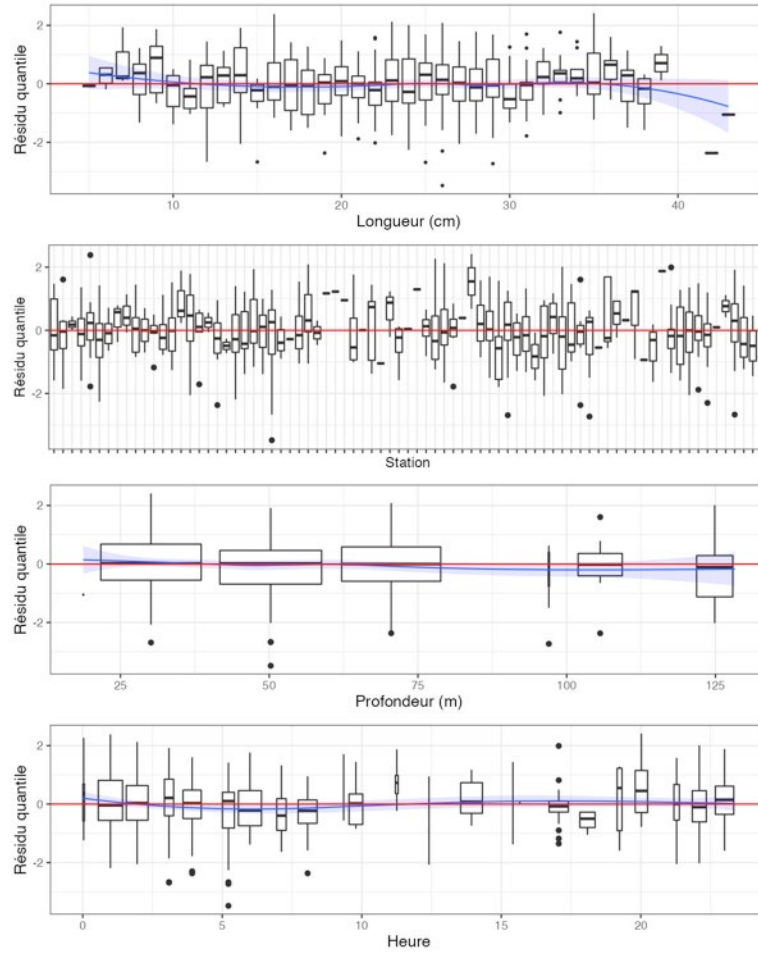


Figure 31c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

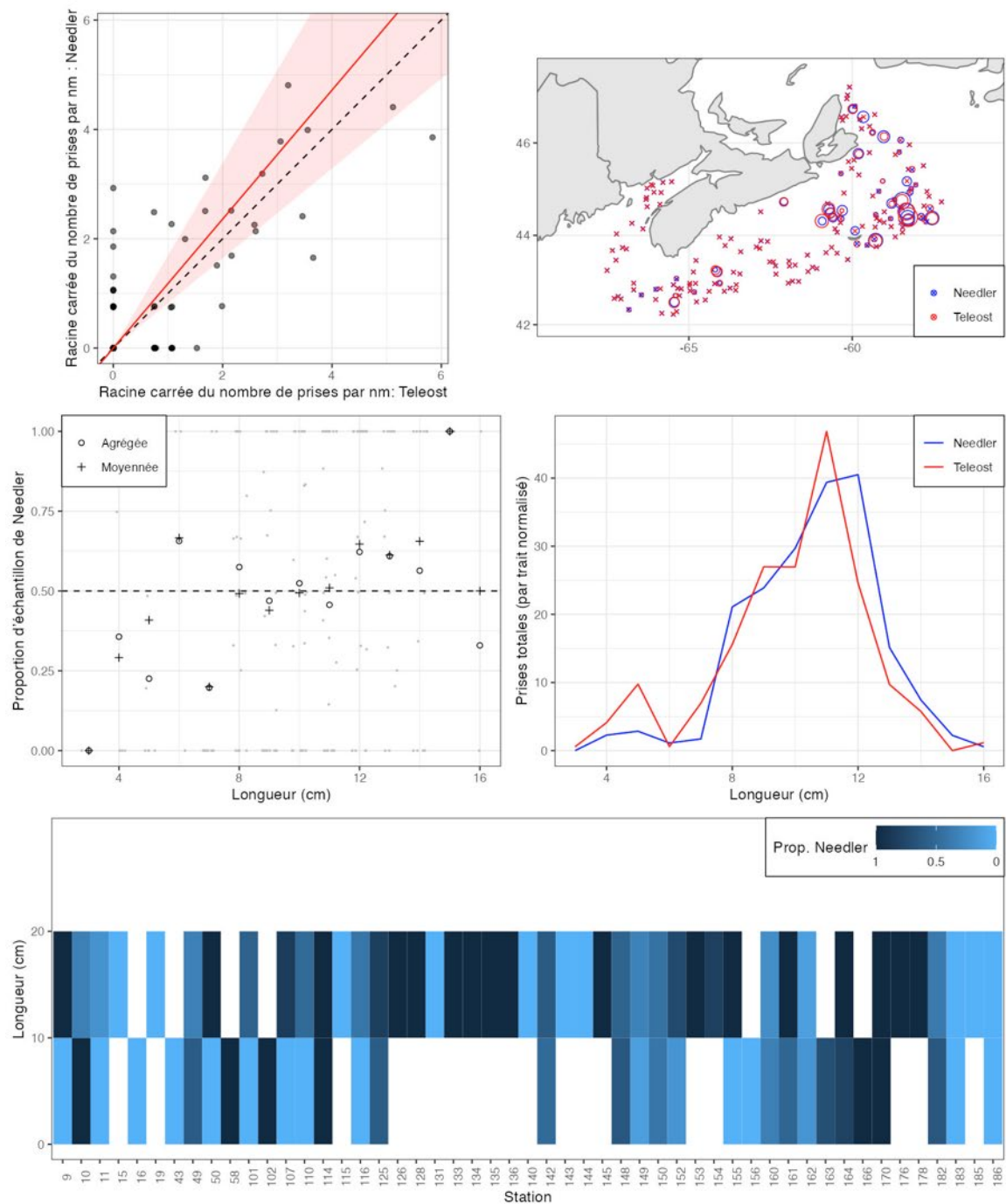


Figure 32a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Triglops murrayi* (304).

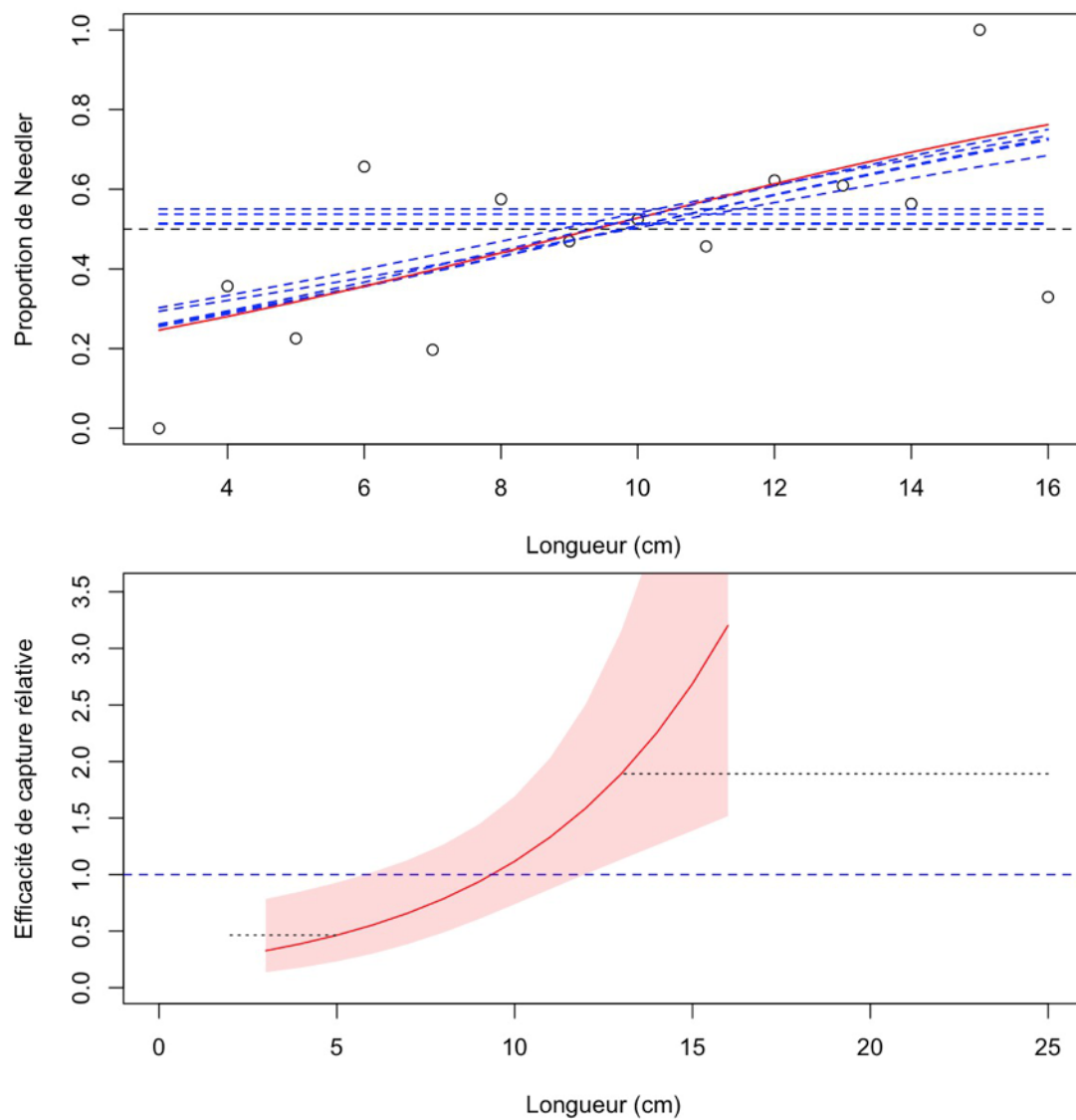


Figure 32b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Triglops murrayi* (304).



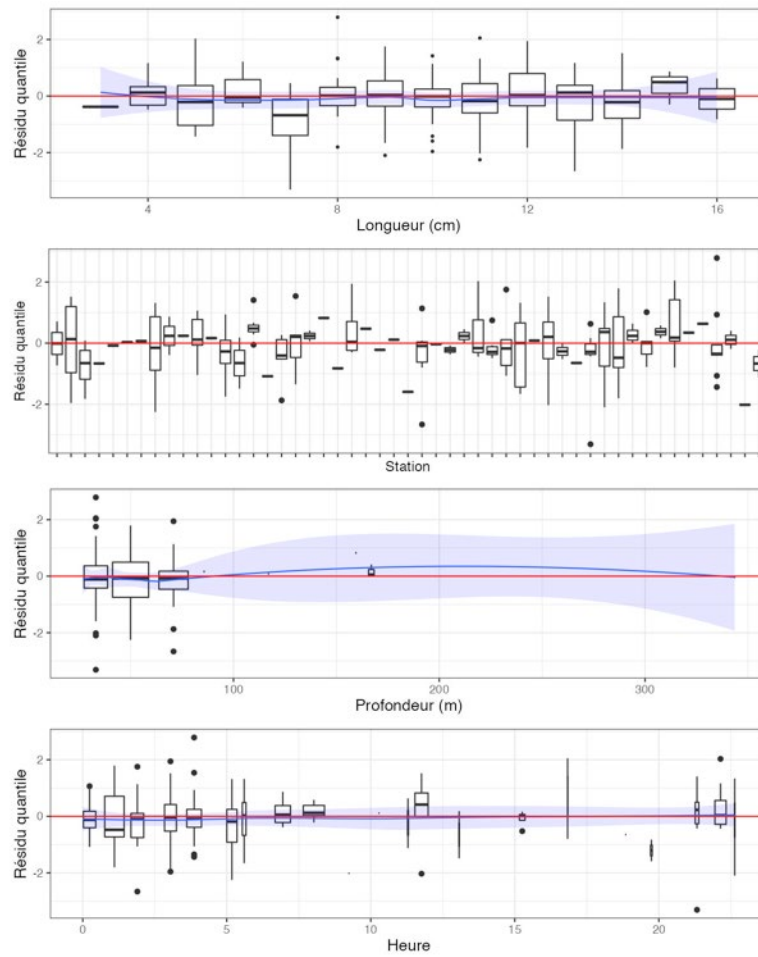


Figure 32c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Triglops murrayi* (304).

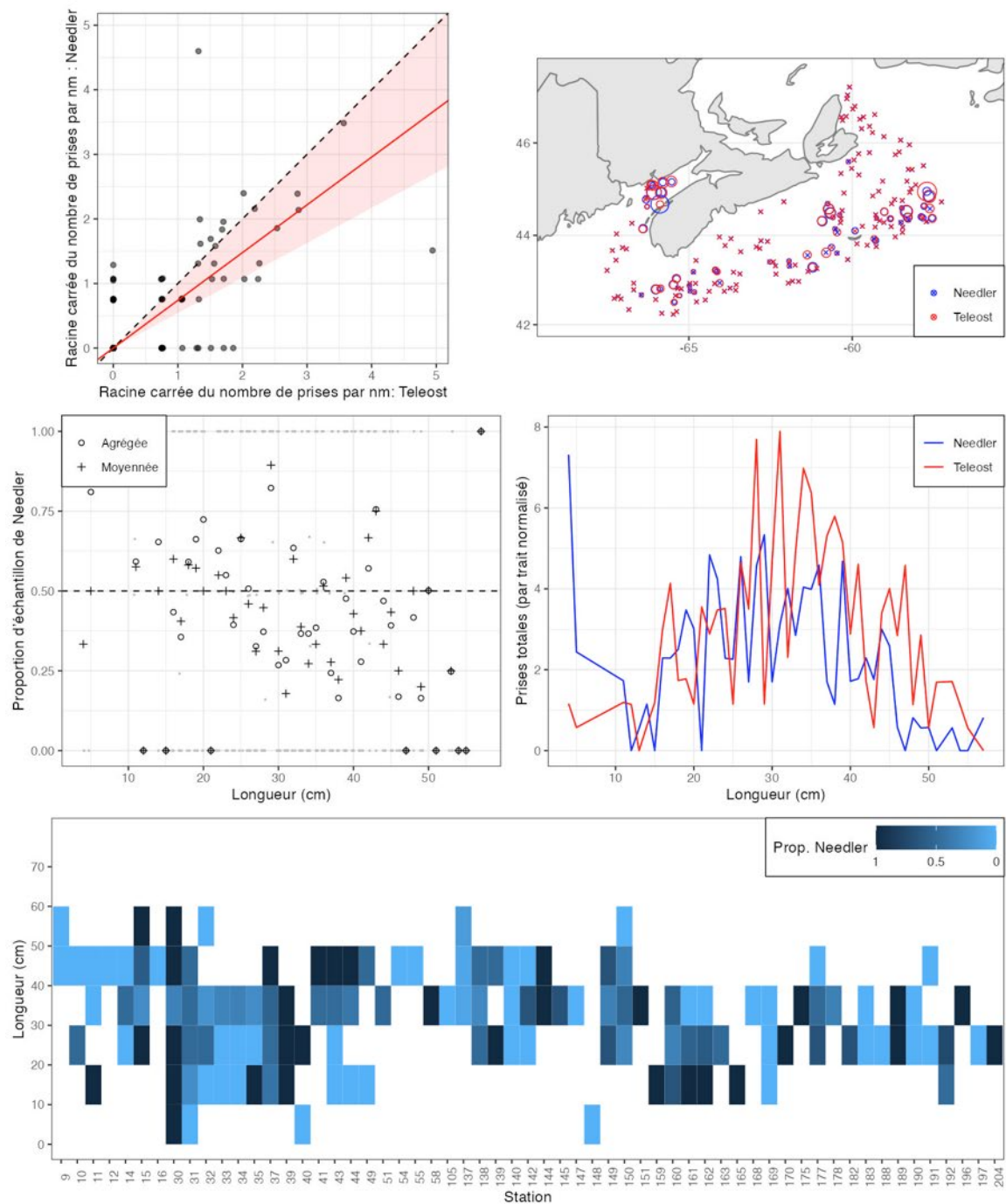


Figure 33a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hemitripterus americanus* (320).

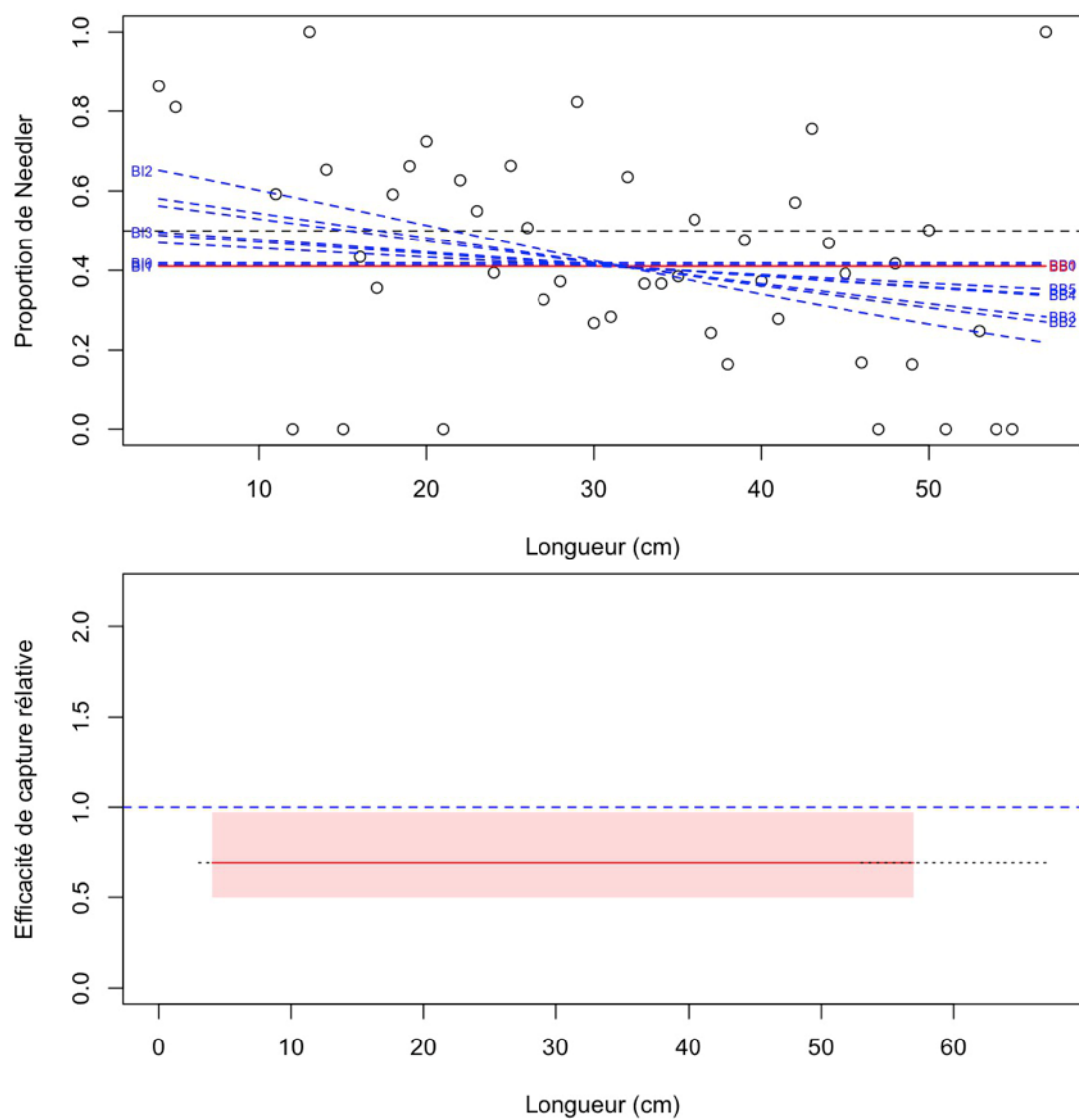


Figure 33b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hemitripterus americanus* (320).

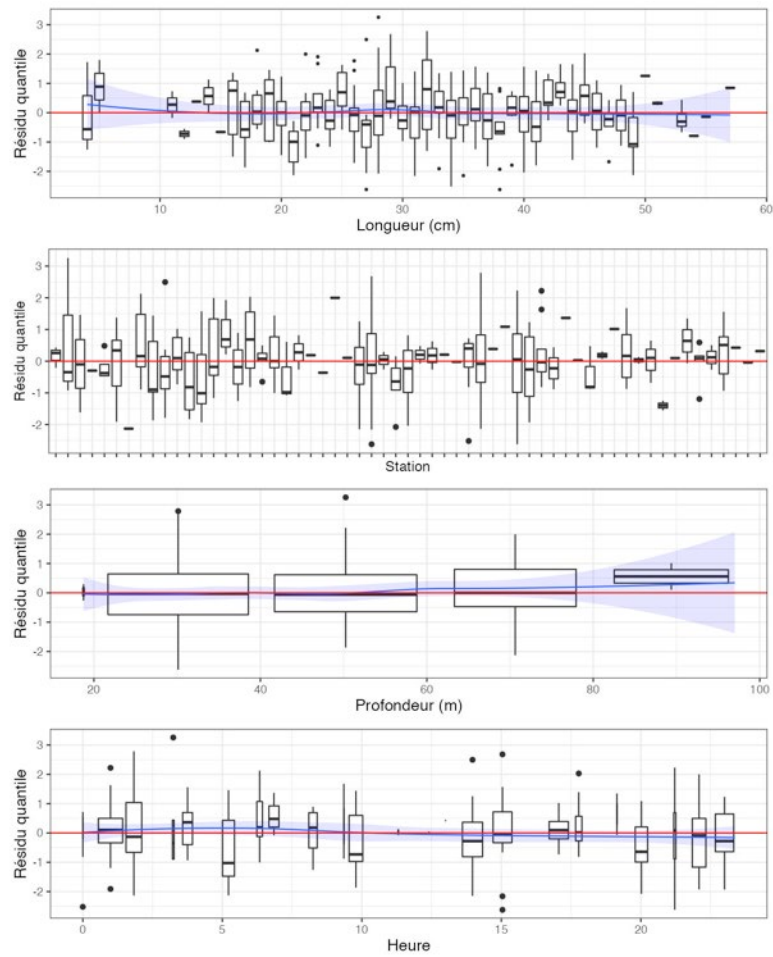


Figure 33c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hemitripterus americanus* (320).

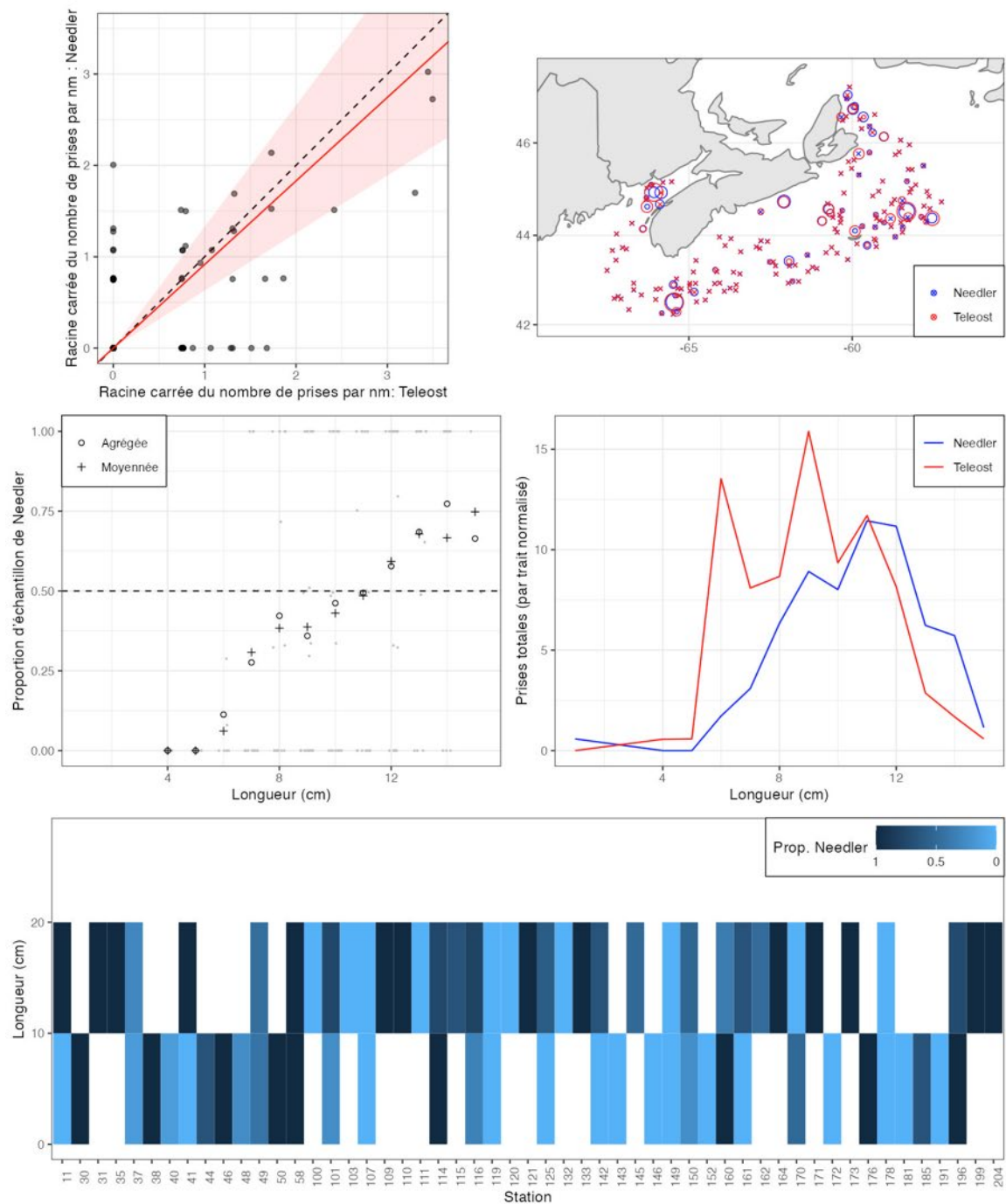


Figure 34a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Aspidophoroides monopterygius* (340).

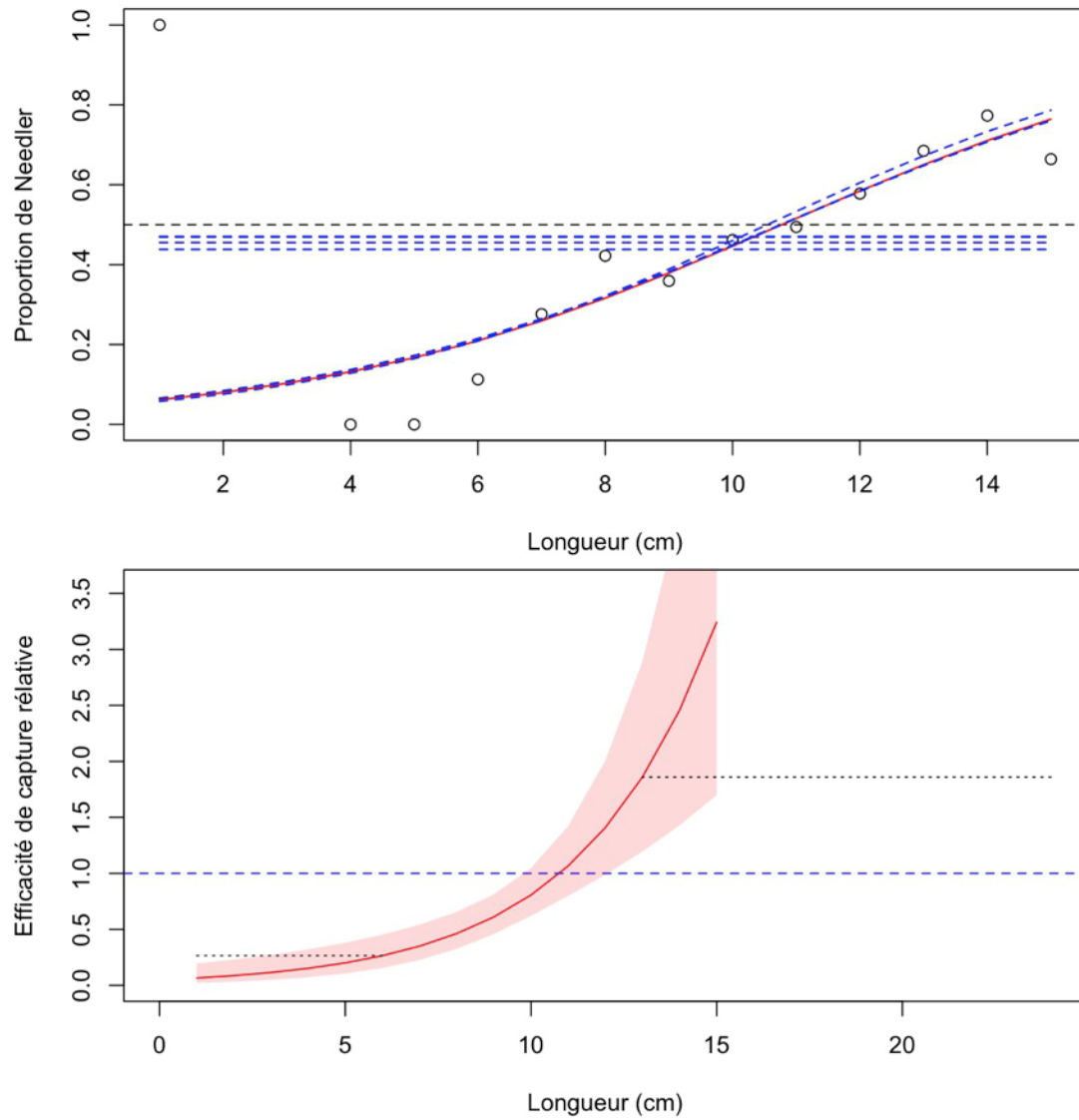


Figure 34b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Aspidophoroides monopterygius* (340).

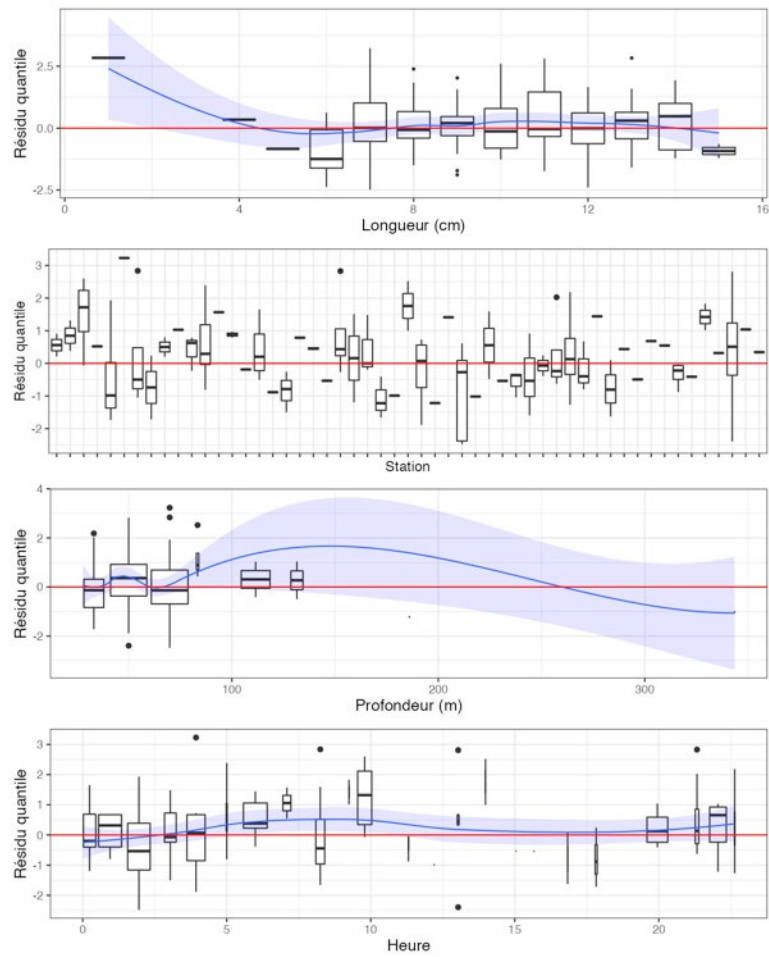


Figure 34c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Aspidophoroides monopterygius* (340).

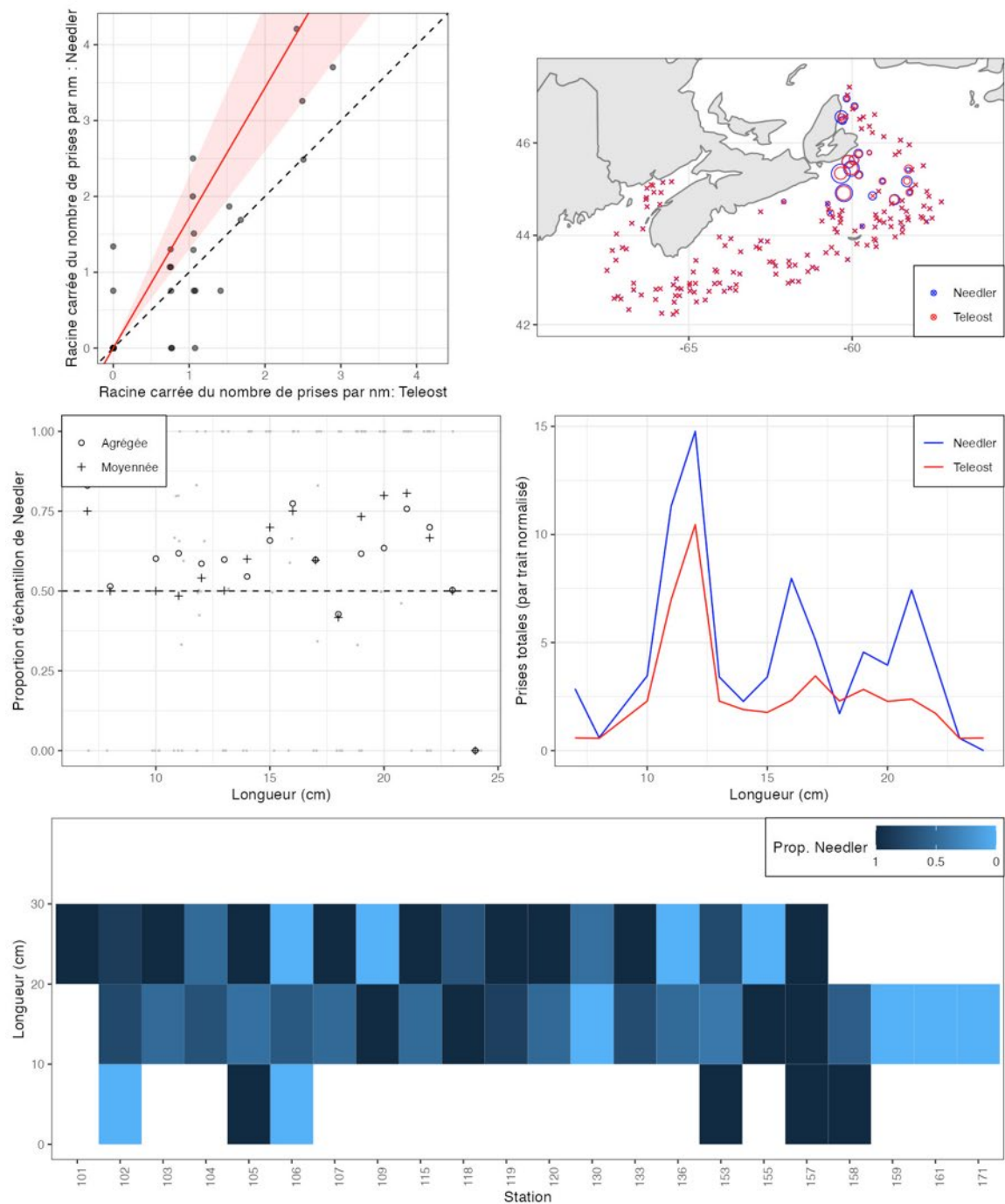


Figure 35a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Leptagonus decagonus* (350).



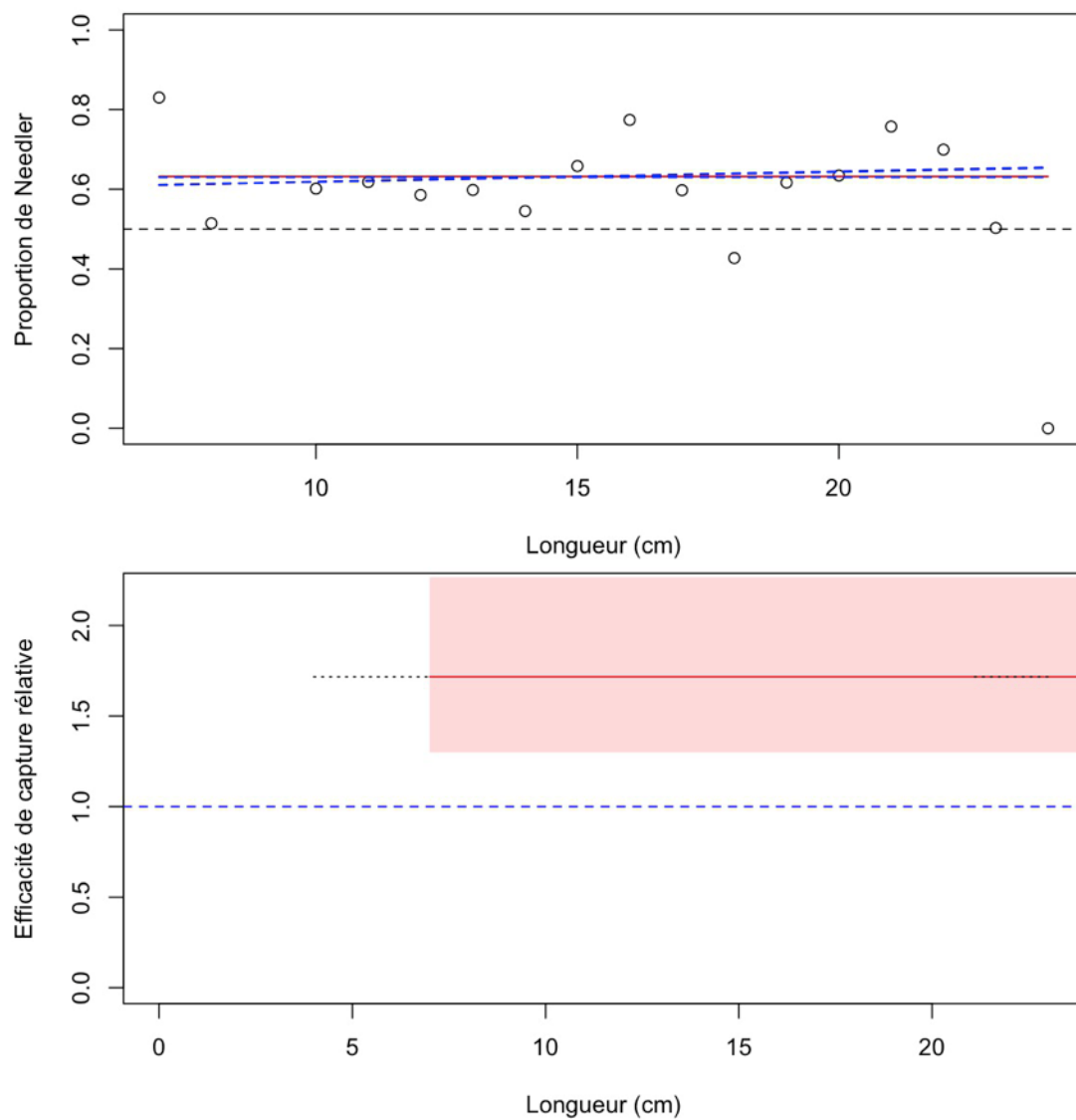


Figure 35b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Leptagonus decagonus* (350).

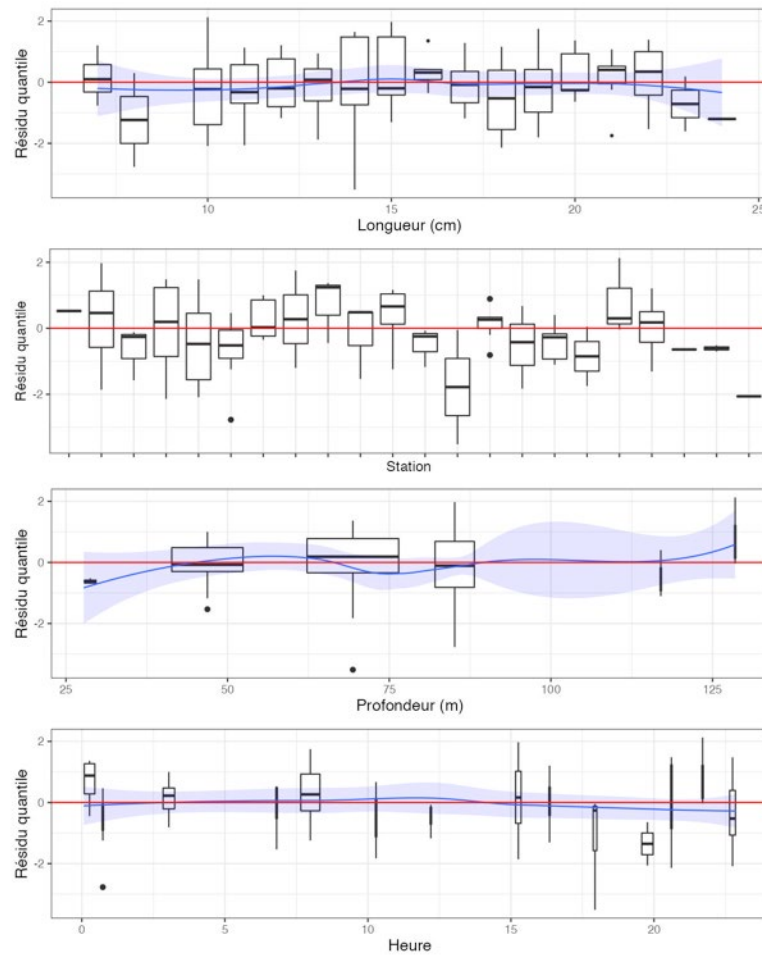


Figure 35c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Leptagonus decagonus* (350).

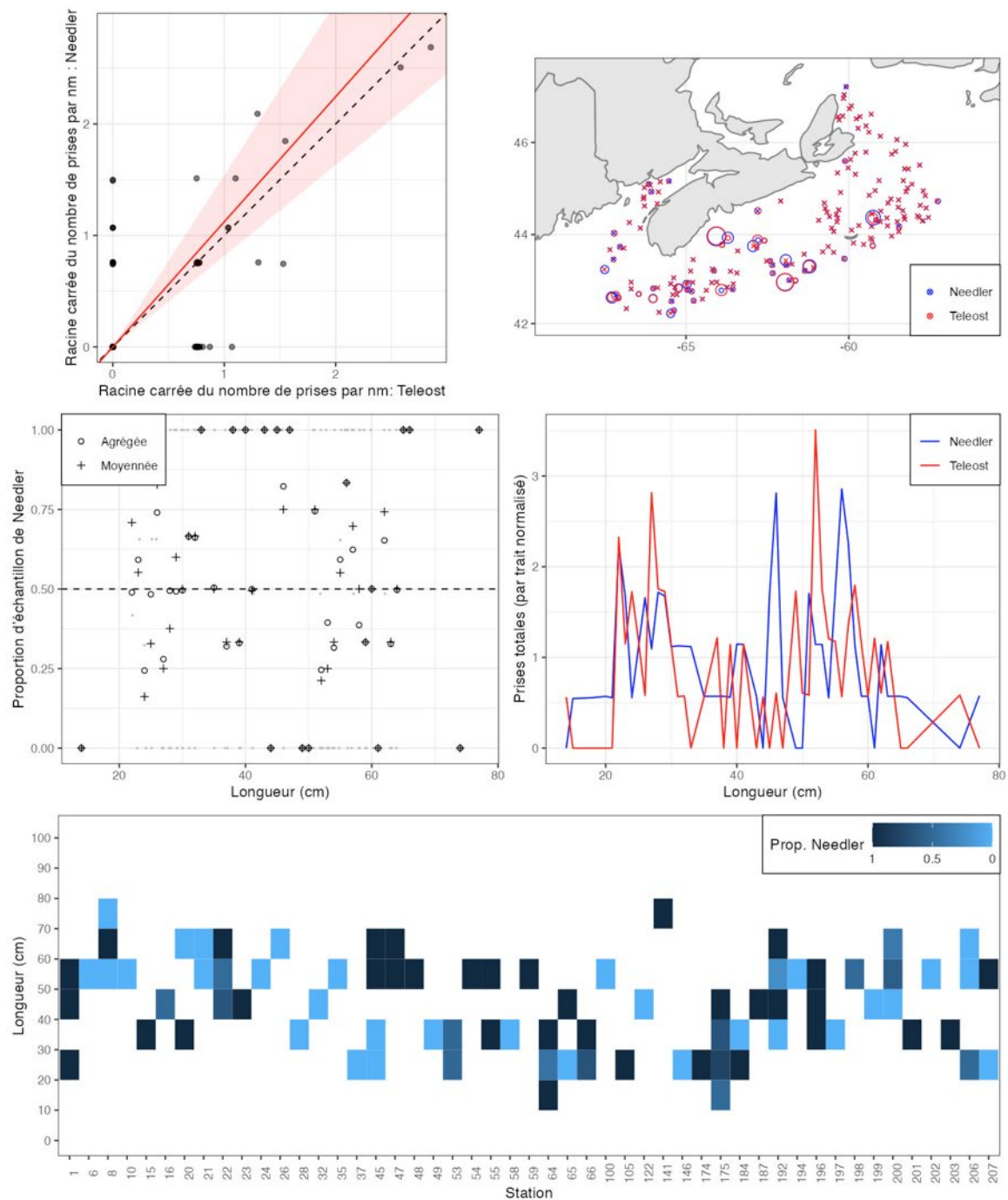


Figure 36a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lophius americanus* (400).

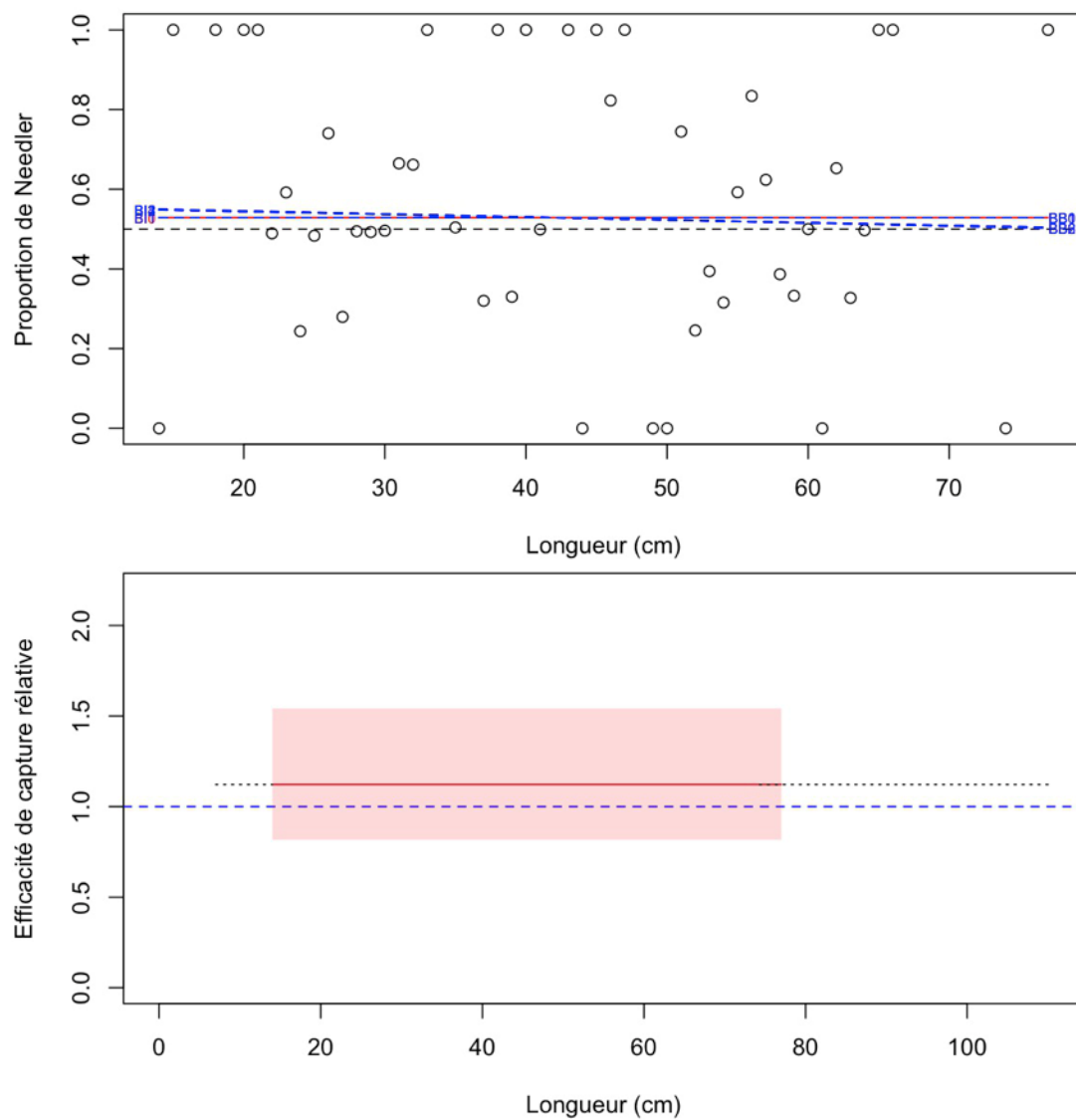


Figure 36b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lophius americanus* (400).

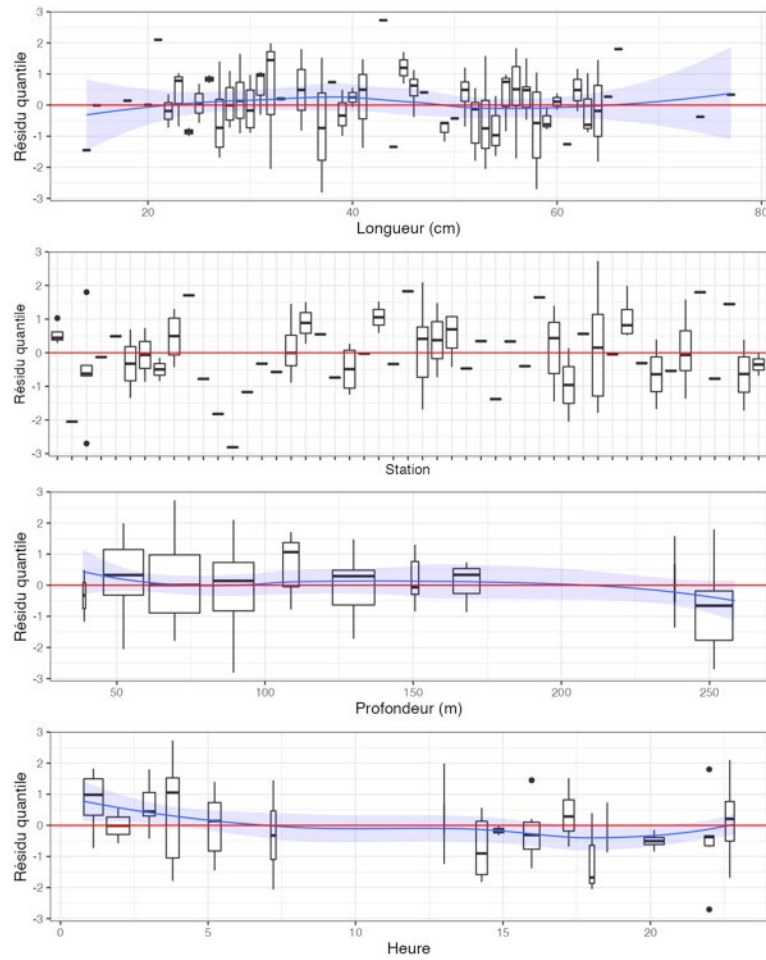


Figure 36c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Lophius americanus* (400).

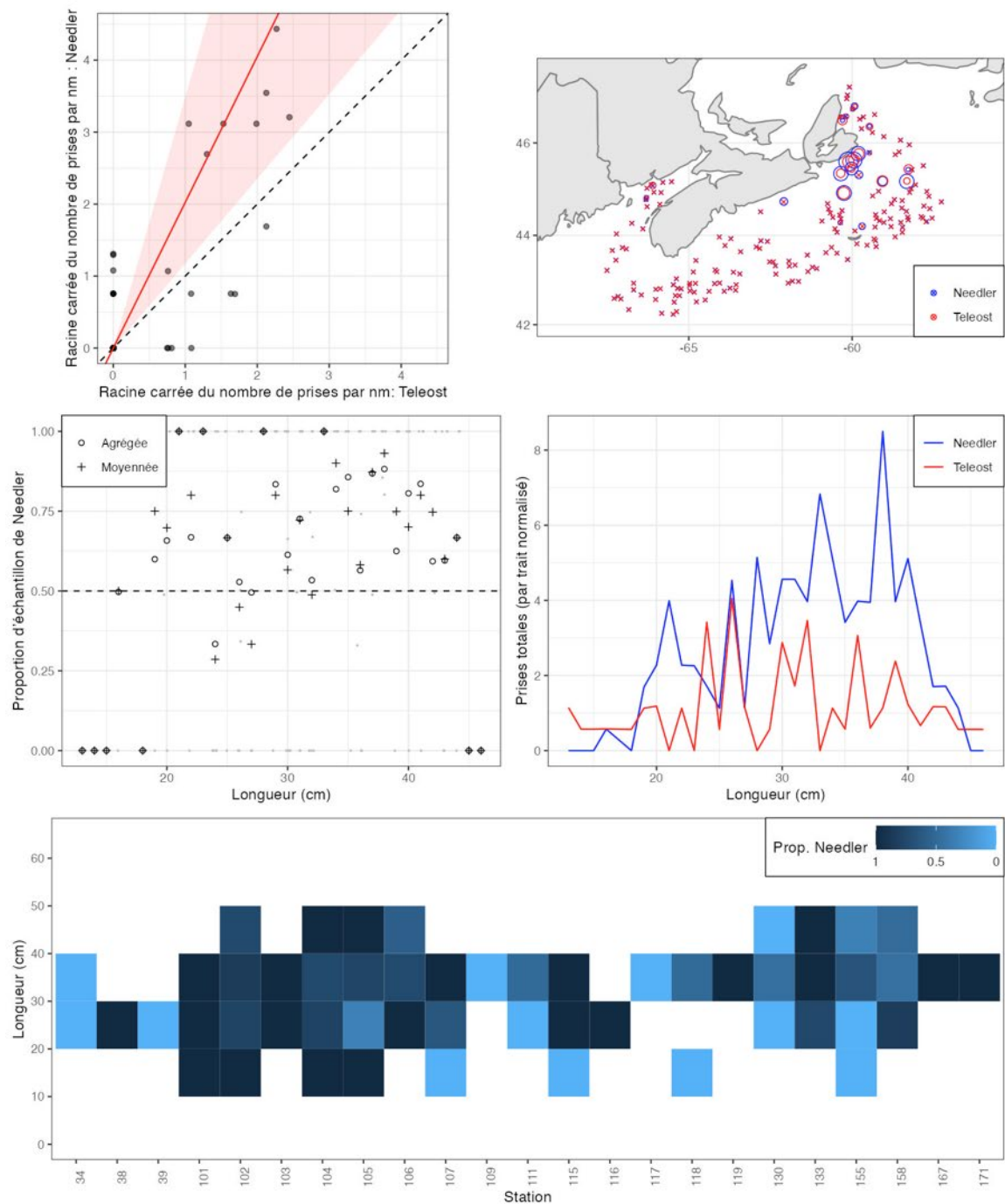


Figure 37a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lumpenus lumpretaeformis* (622).

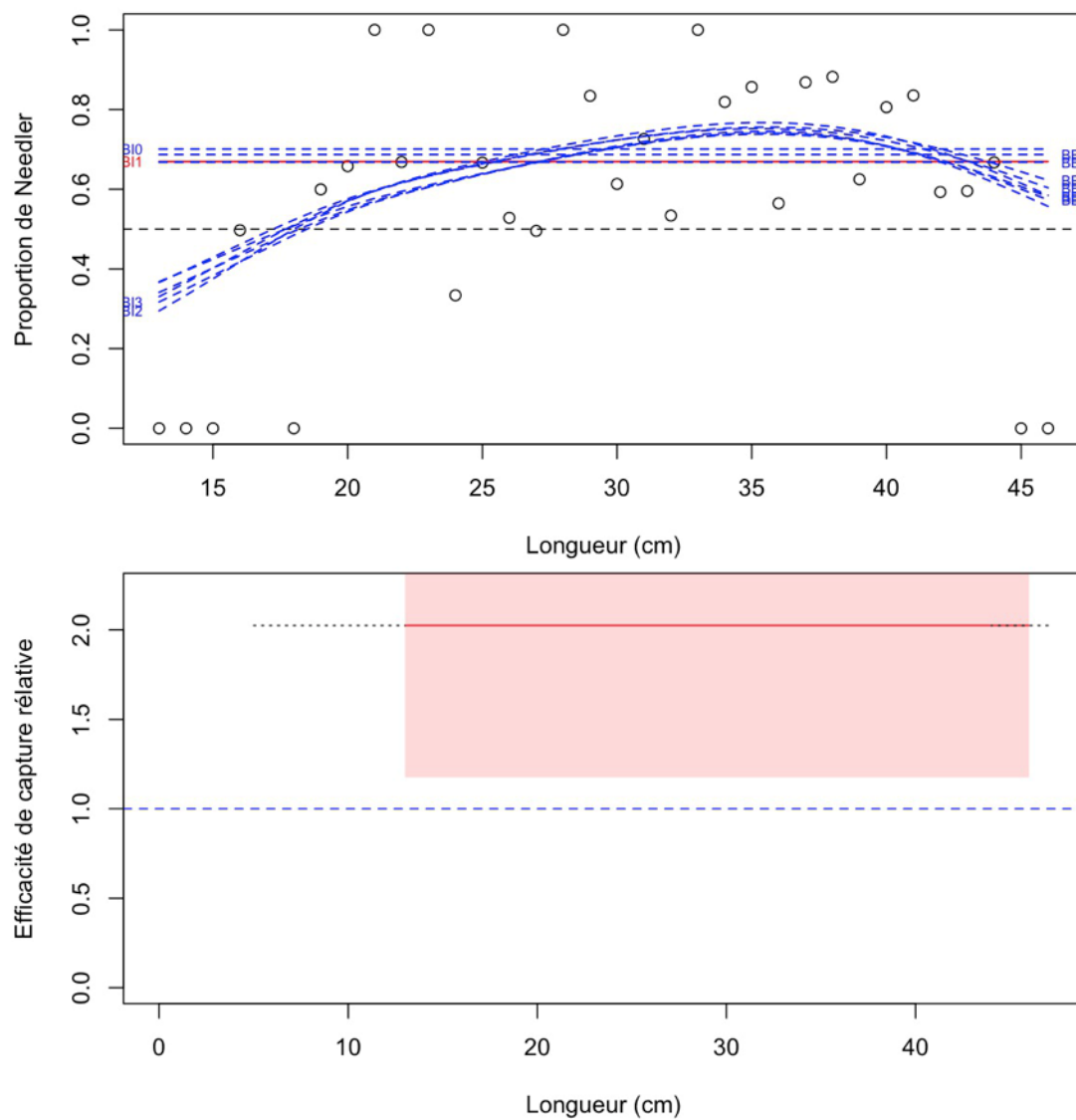


Figure 37b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lumpenus lumpraeformis* (622).

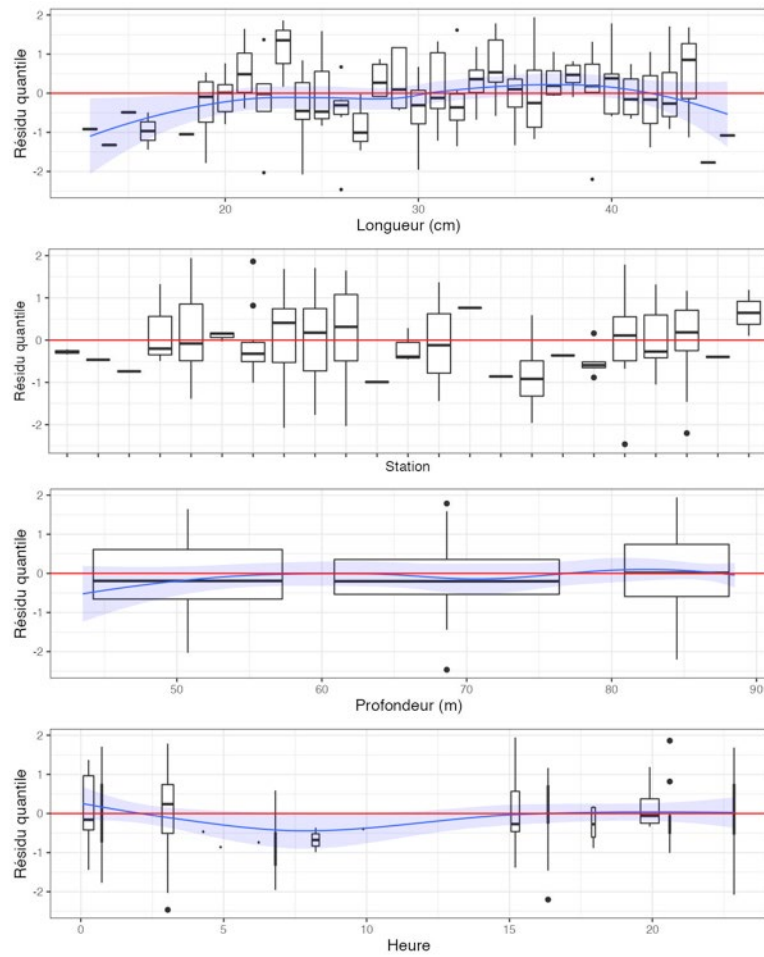


Figure 37c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Lumpenus lumpretaeformis* (622).



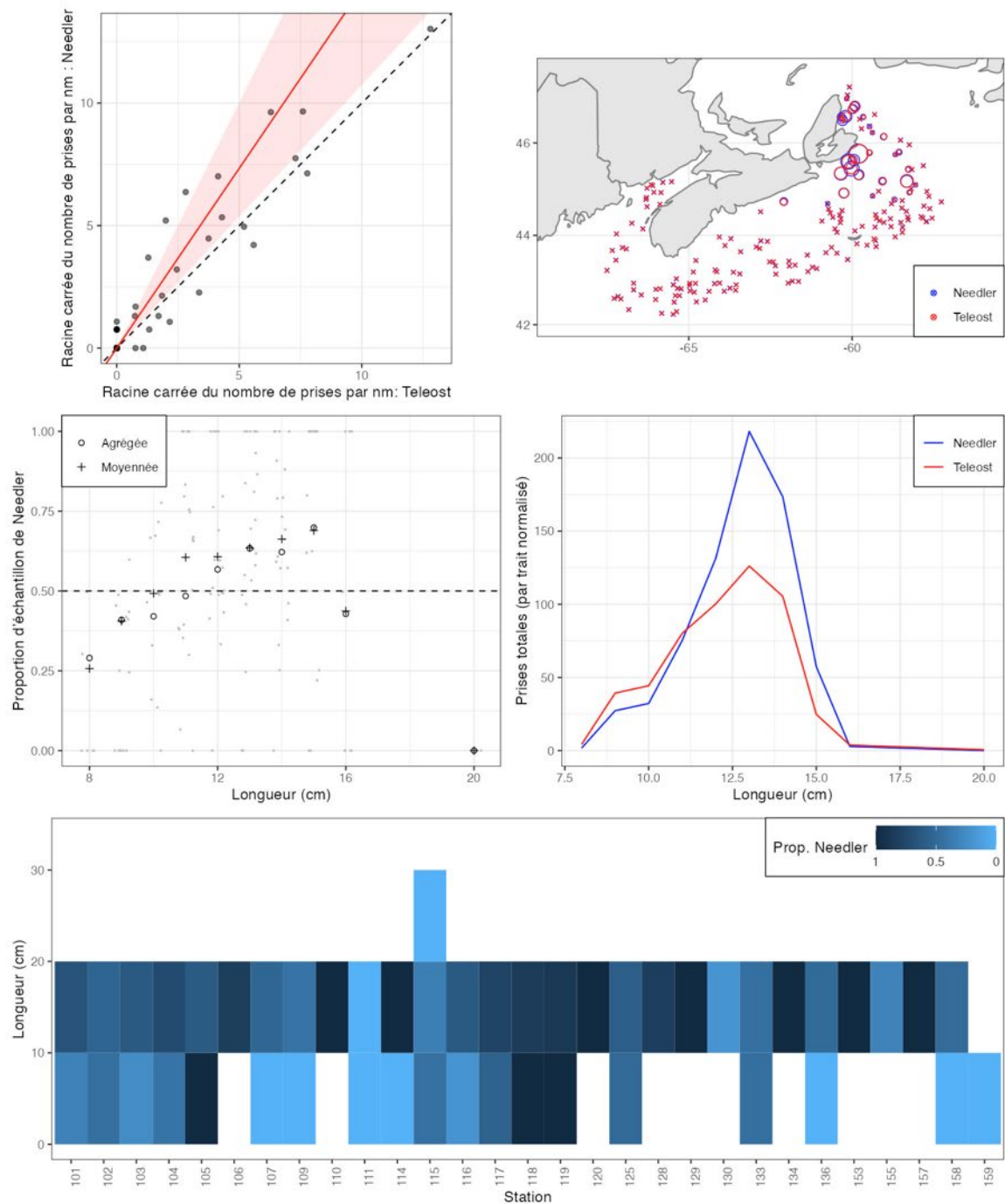


Figure 38a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lumpenus maculatus* (623).

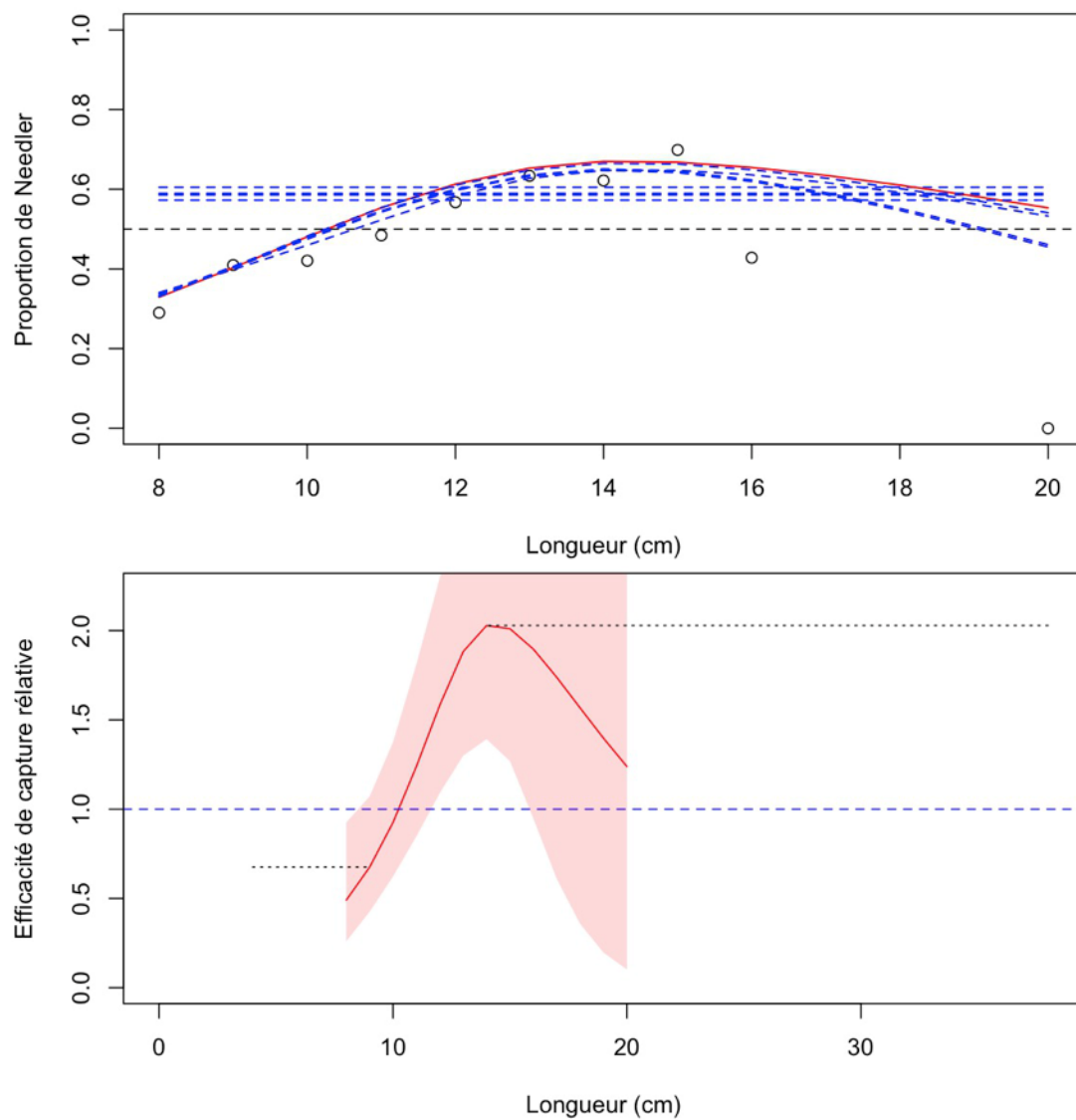


Figure 38b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lumpenus maculatus* (623).

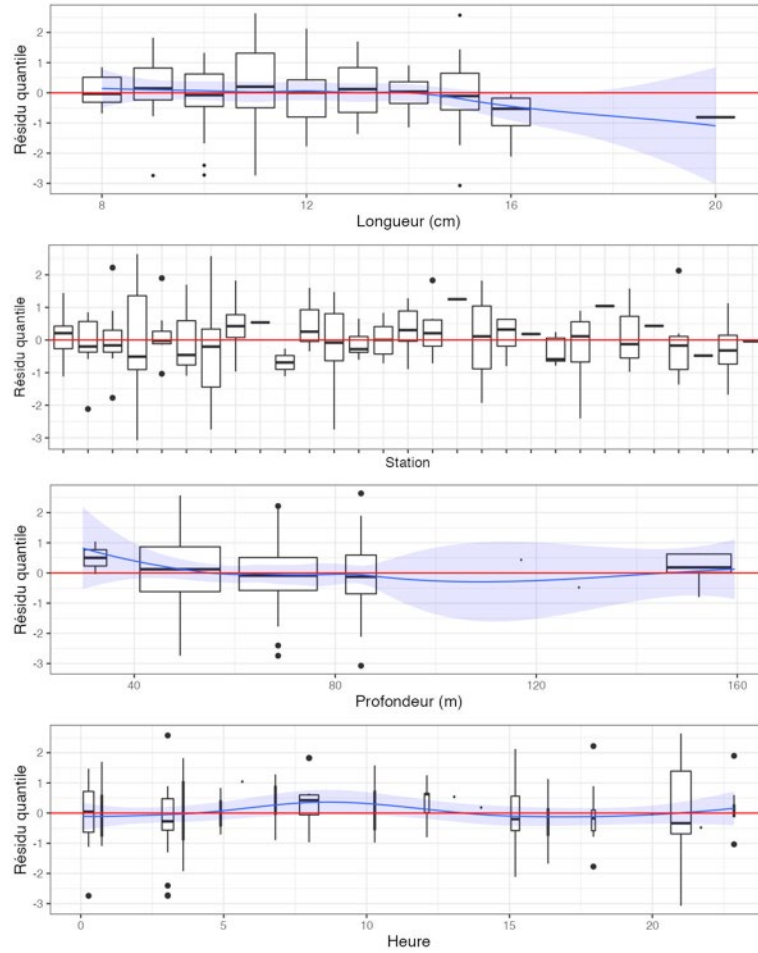


Figure 38c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Lumpenus maculatus* (623).

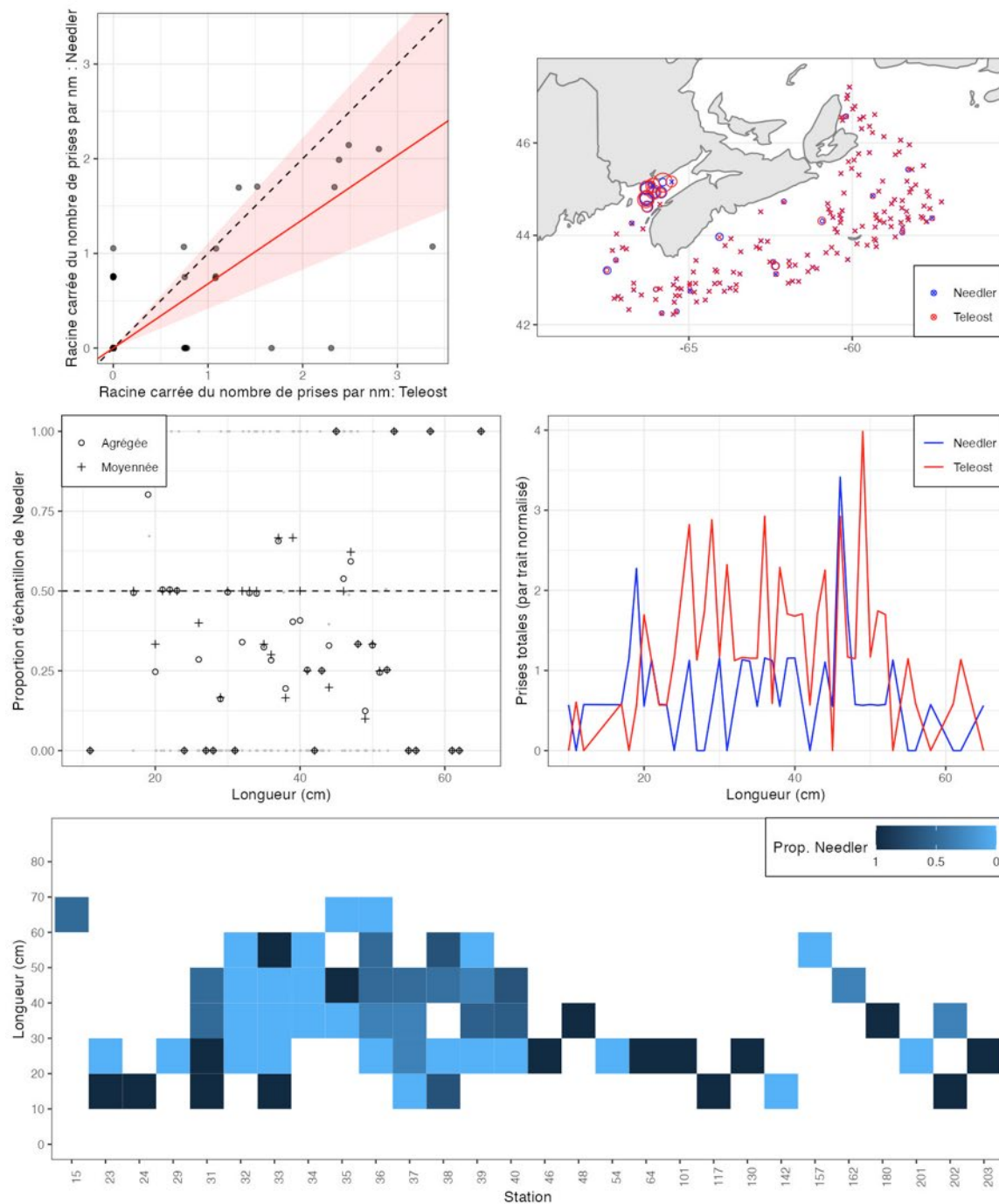


Figure 39a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Zoarces americanus* (640).

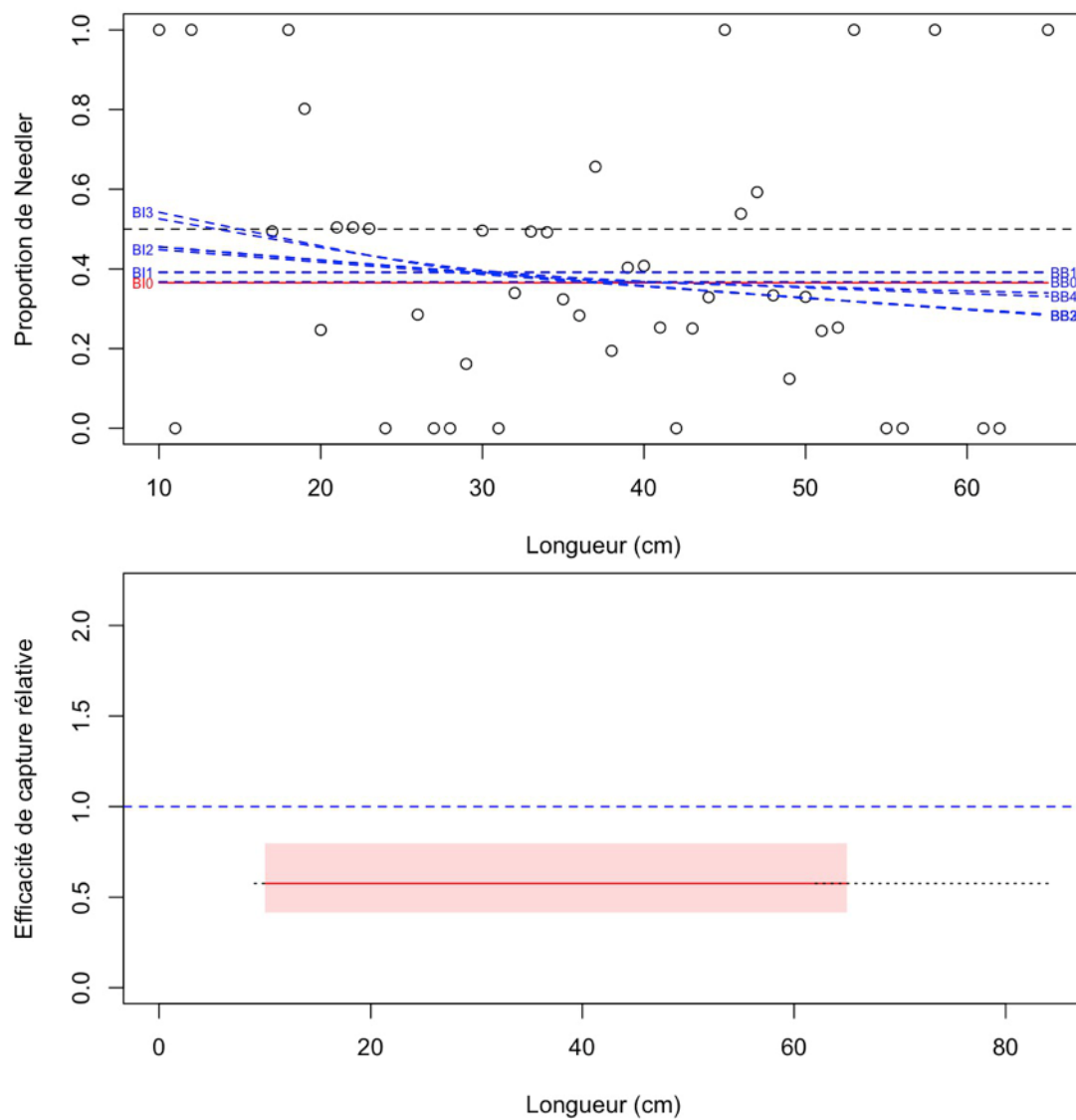


Figure 39b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Zoarces americanus* (640).

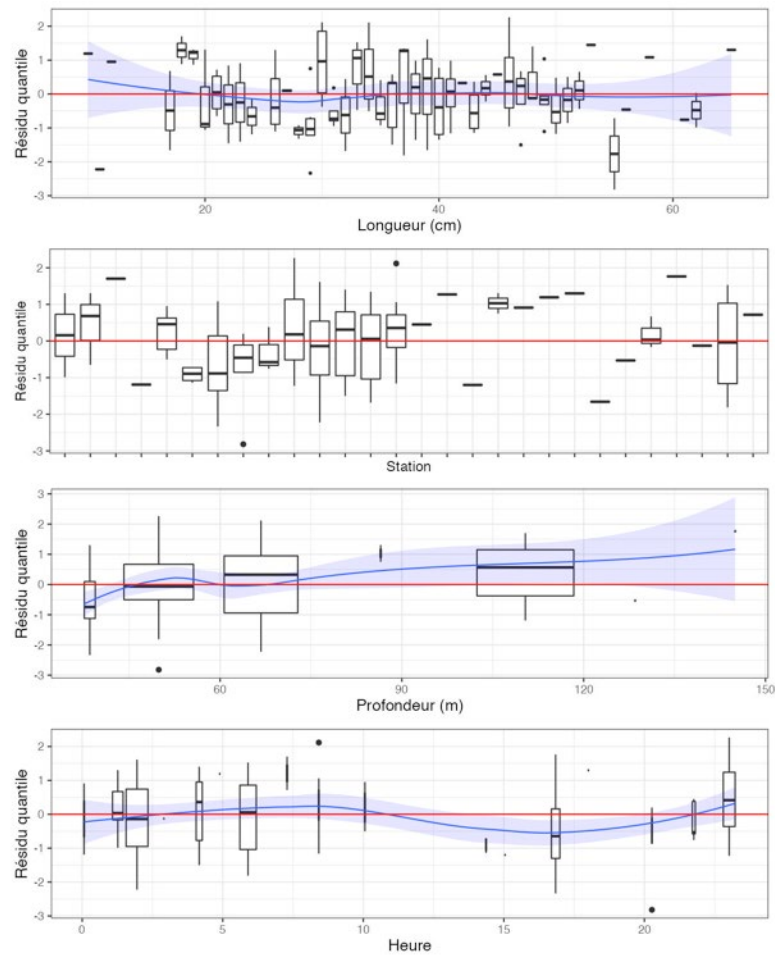


Figure 39c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Zoarces americanus* (640).

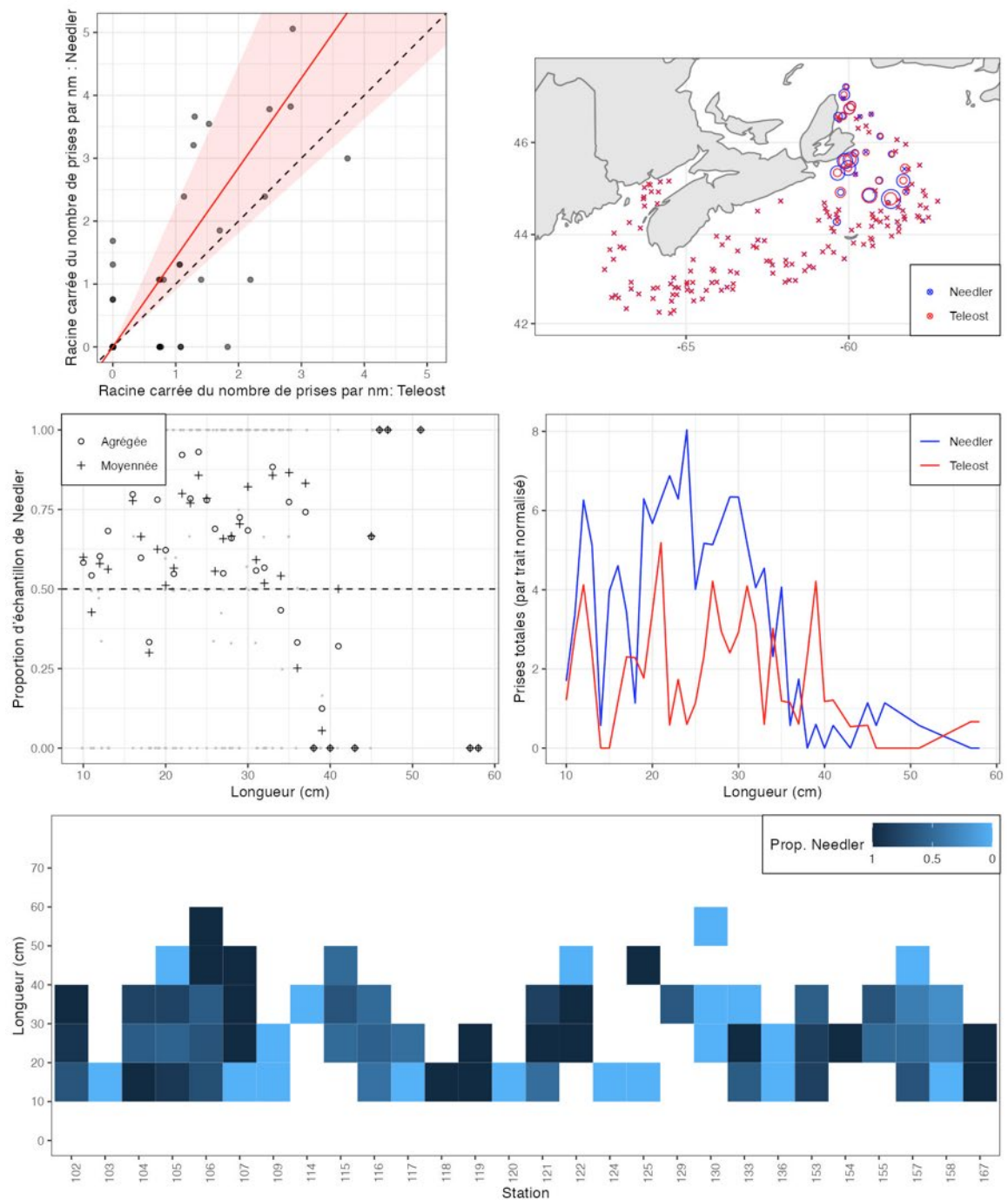


Figure 40a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lycodes vahlii* (647).

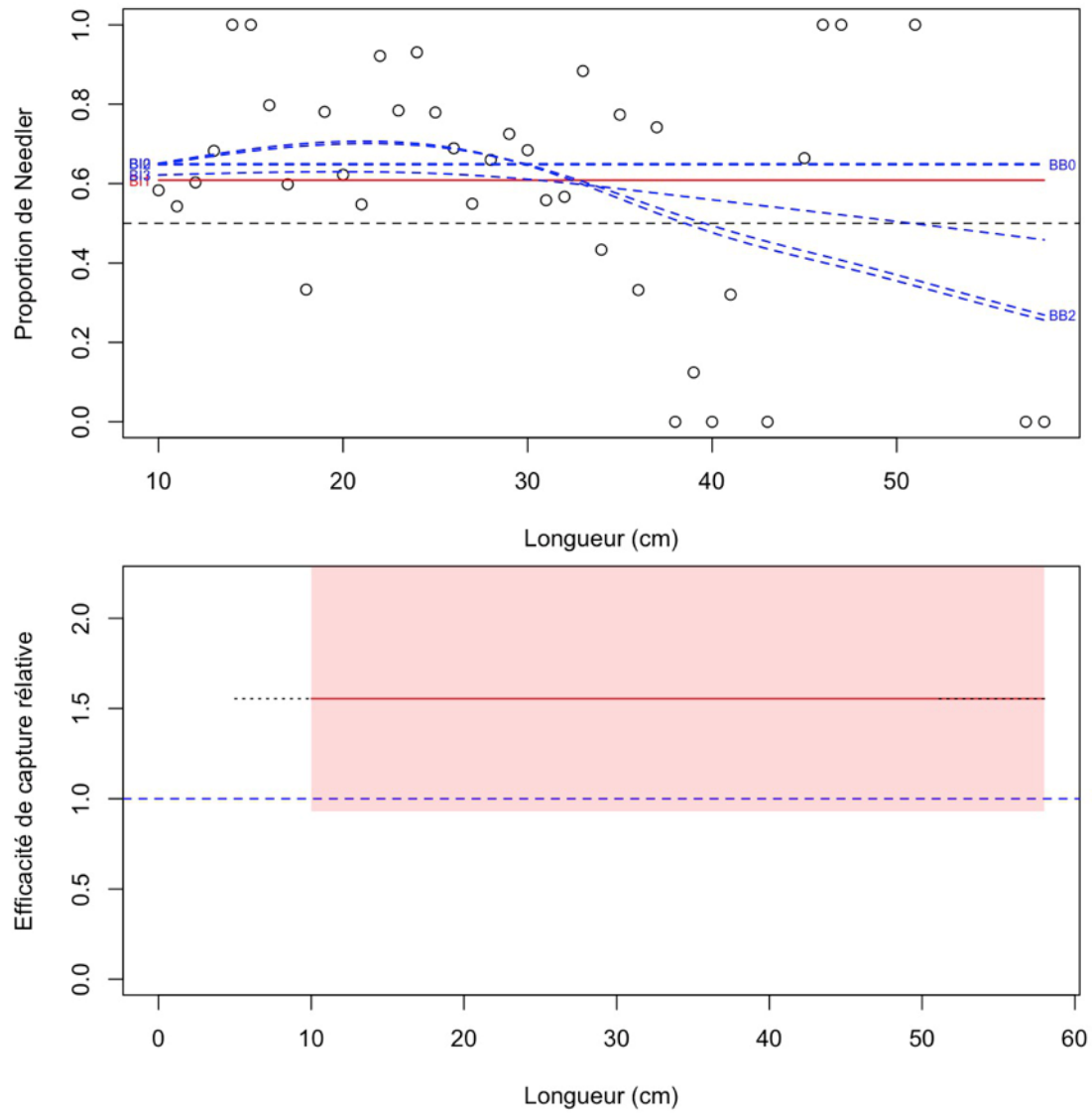


Figure 40b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lycodes vahlii* (647).



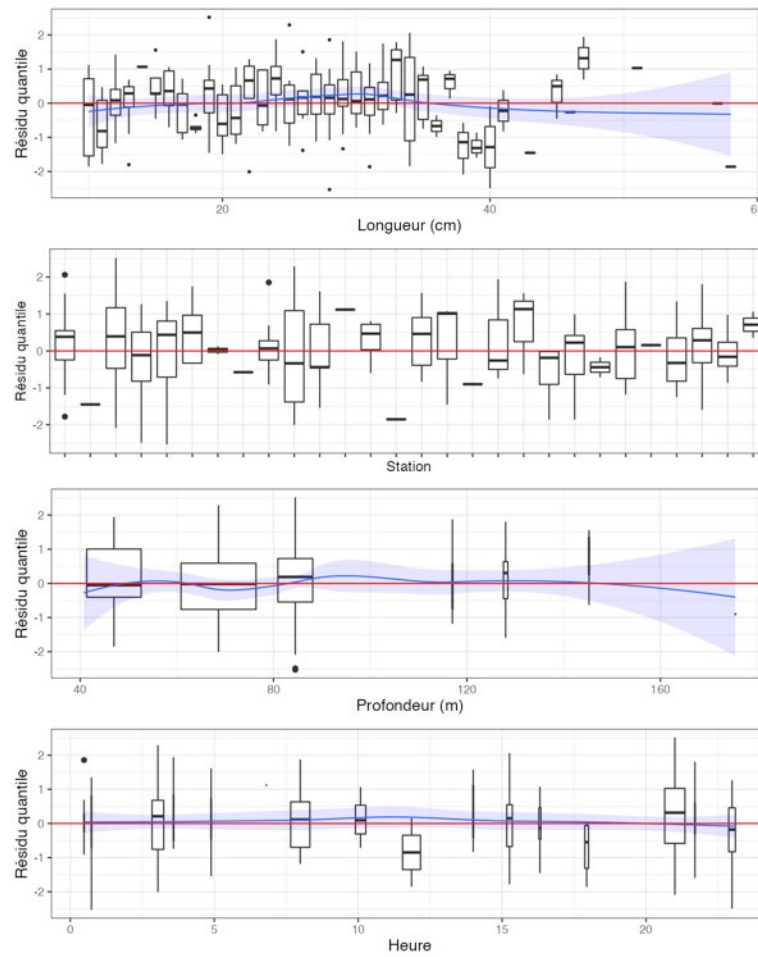


Figure 40c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Lycodes vahlii* (647).

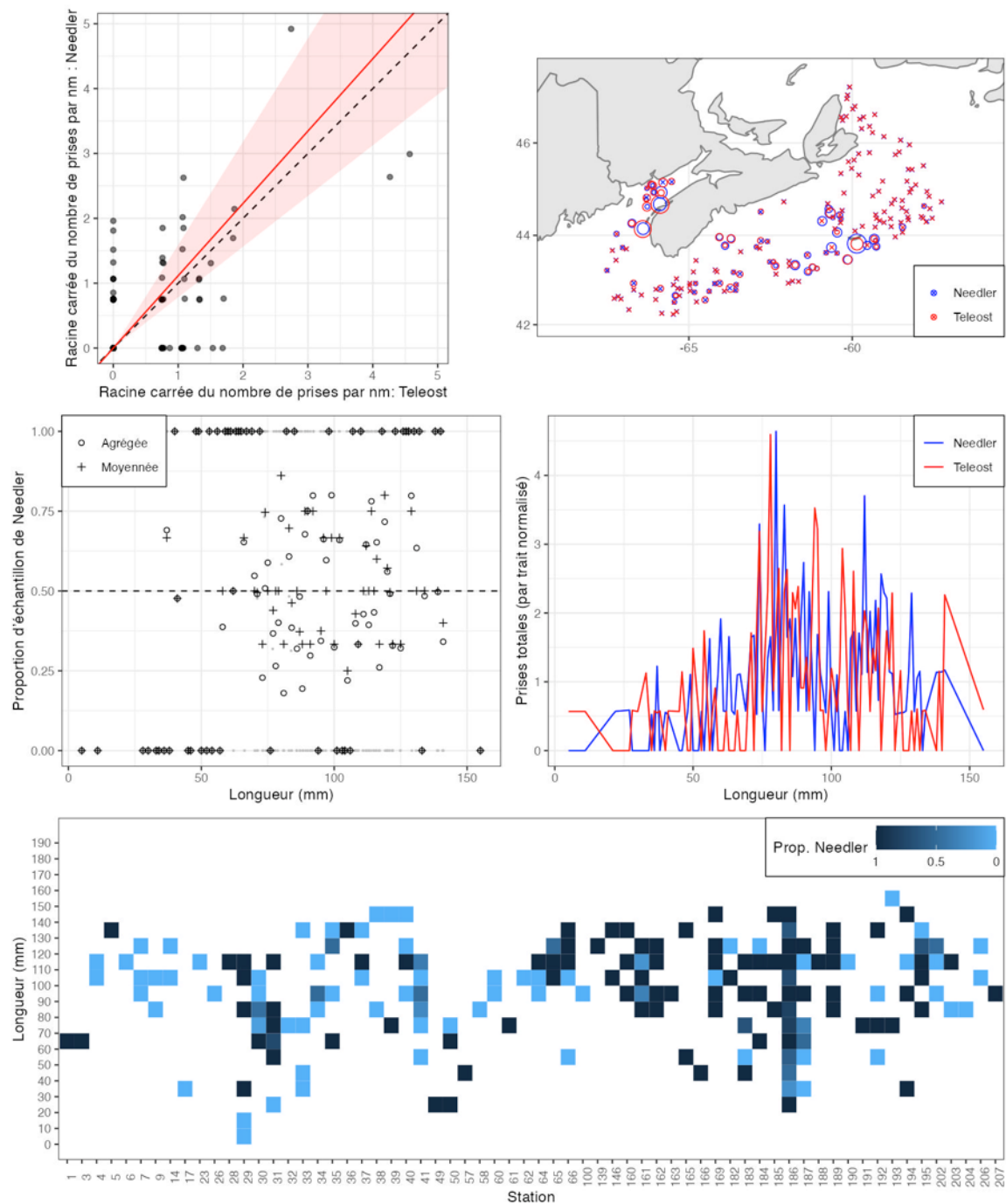


Figure 41a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Cancer borealis* (2511).

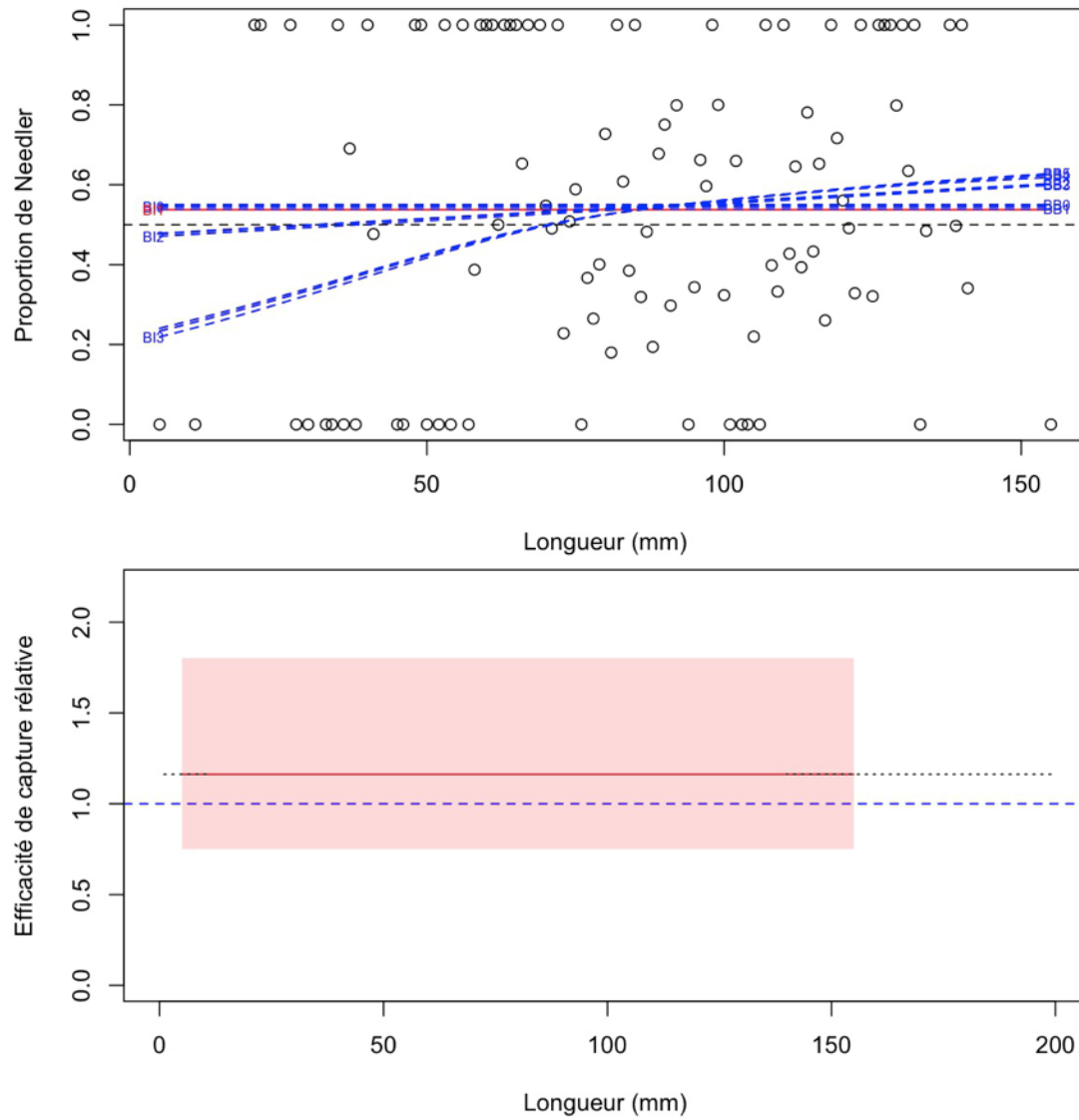


Figure 41b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Cancer borealis* (2511).

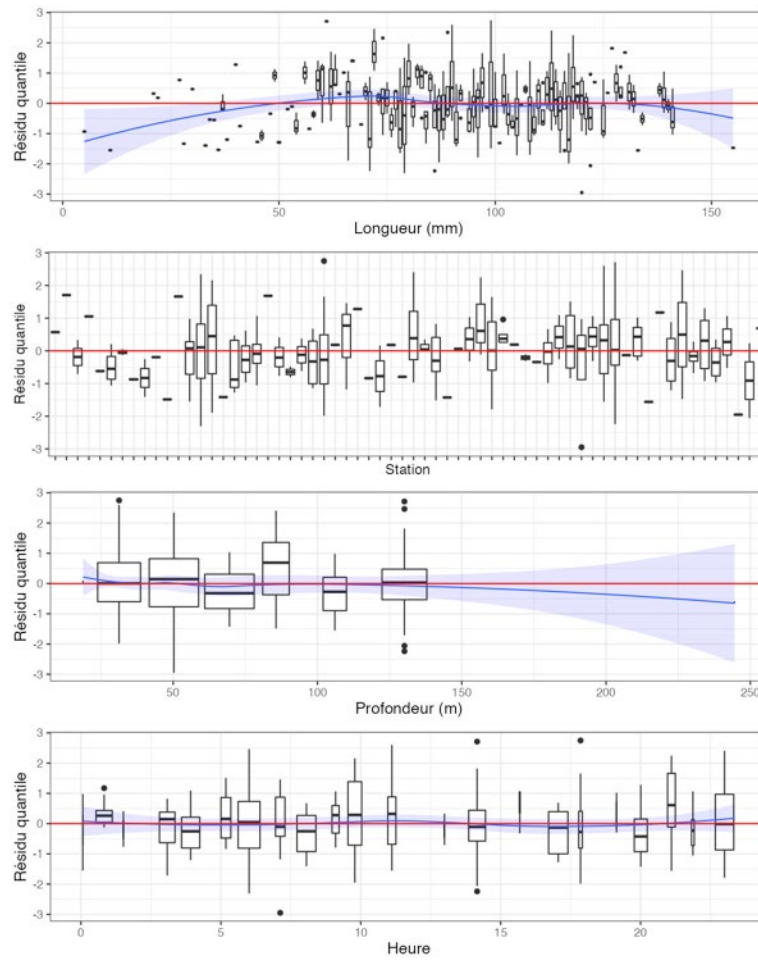


Figure 41c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Cancer borealis* (2511).

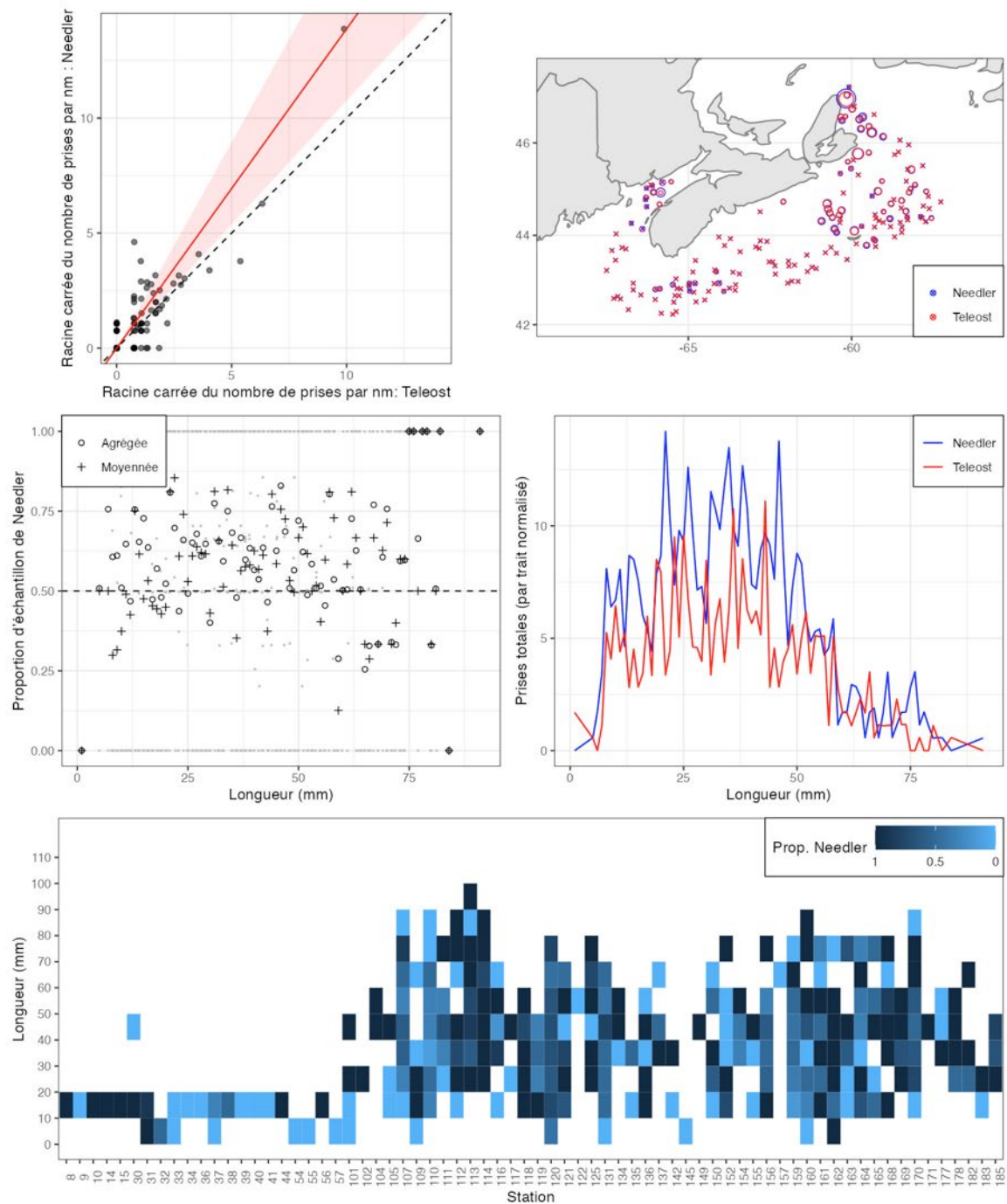


Figure 42a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hyas* sp. (2520).

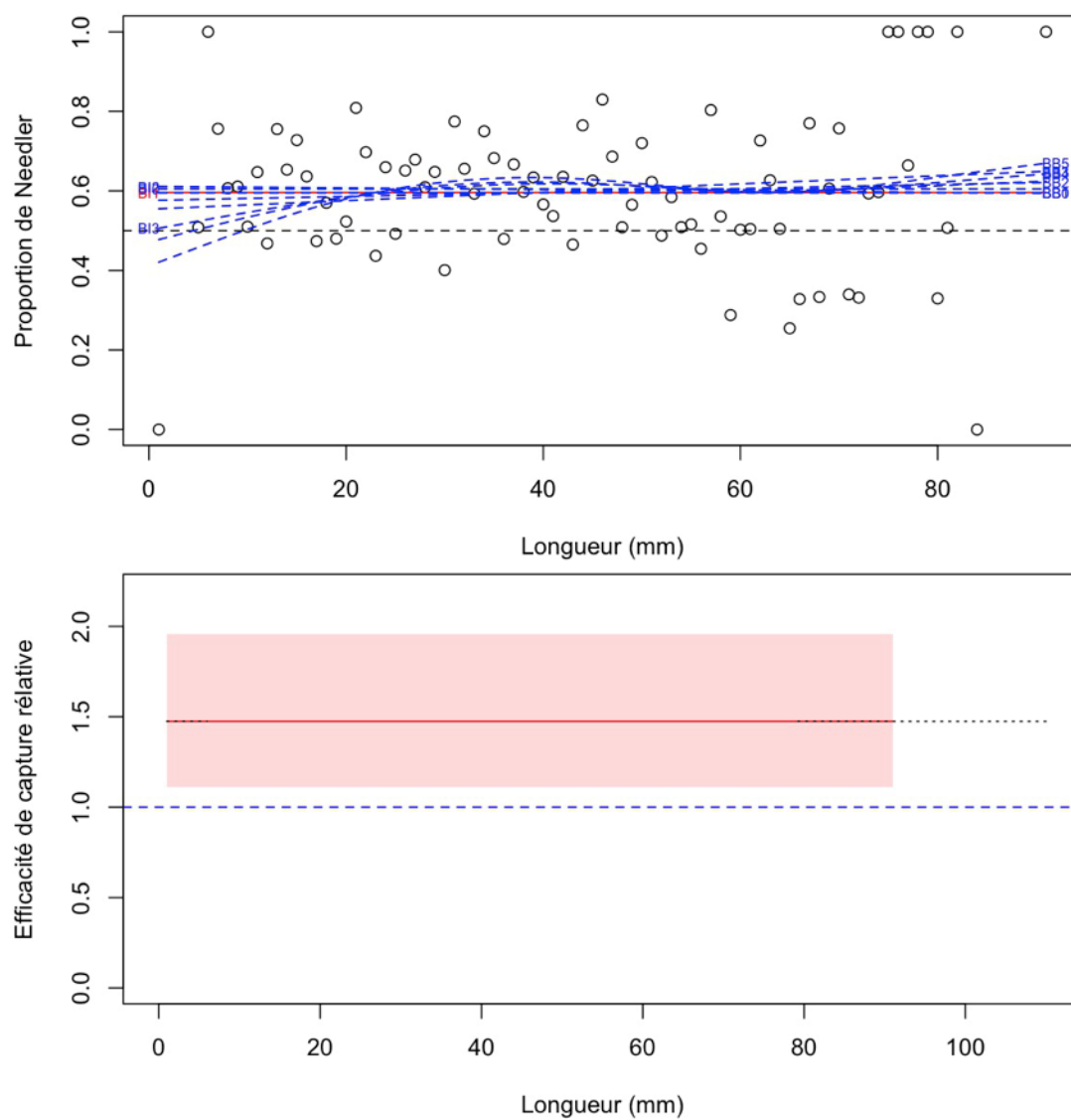


Figure 42b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hyas* sp. (2520).

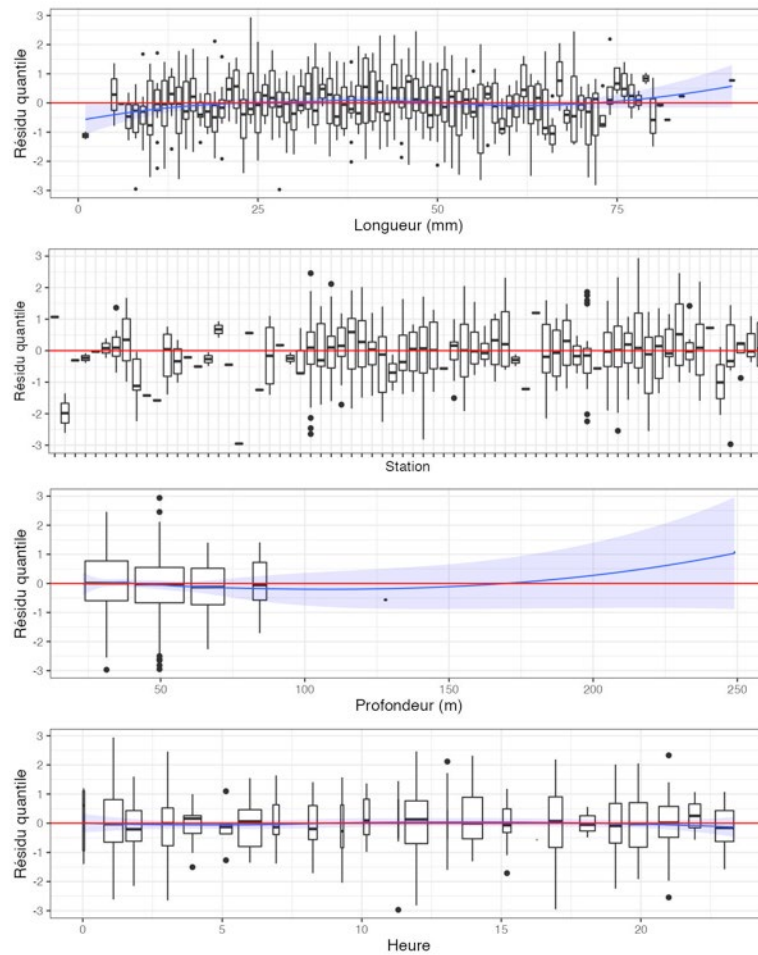


Figure 42c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hyas* sp. (2520).

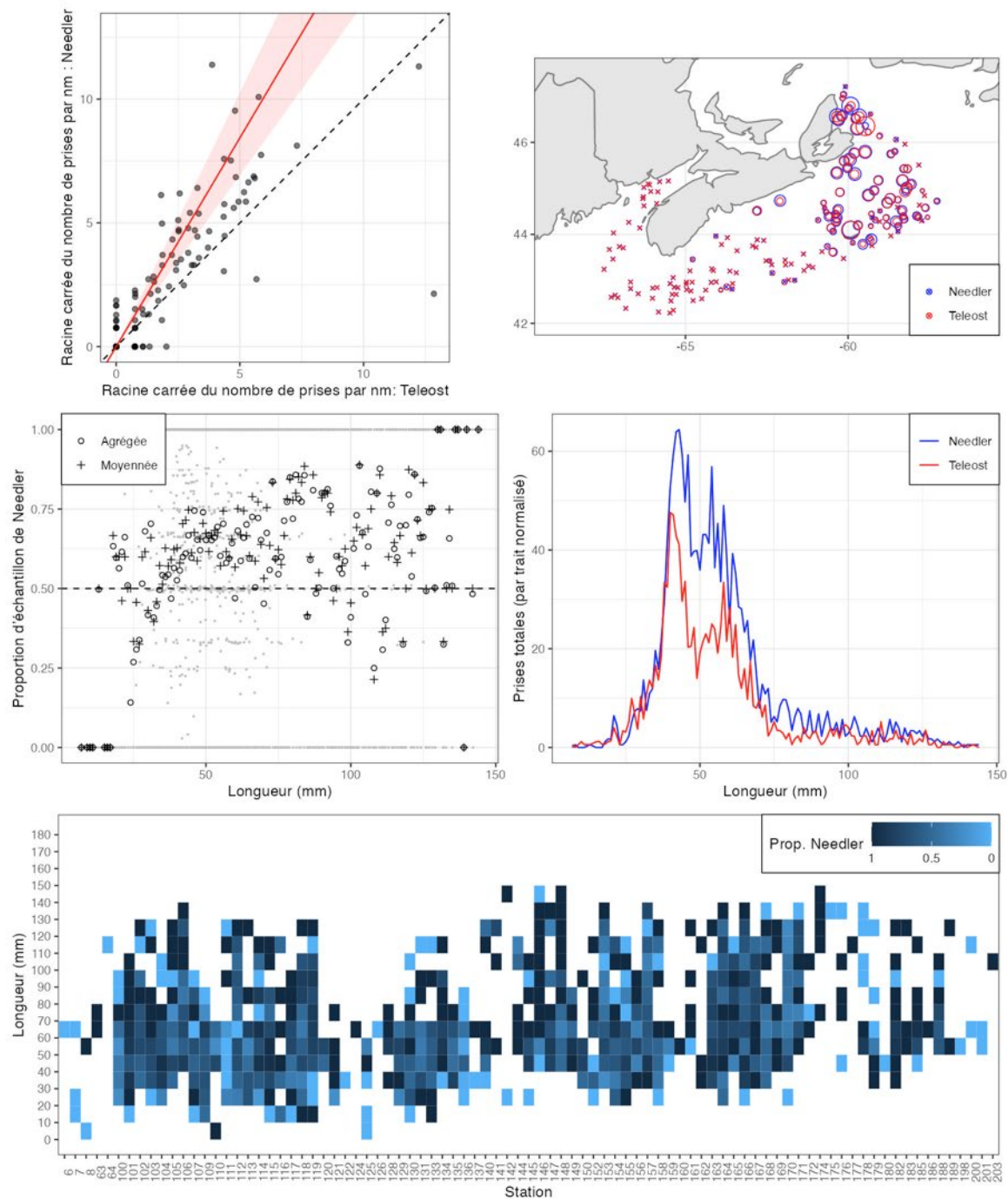


Figure 43a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Chionoecetes opilio* (2526).



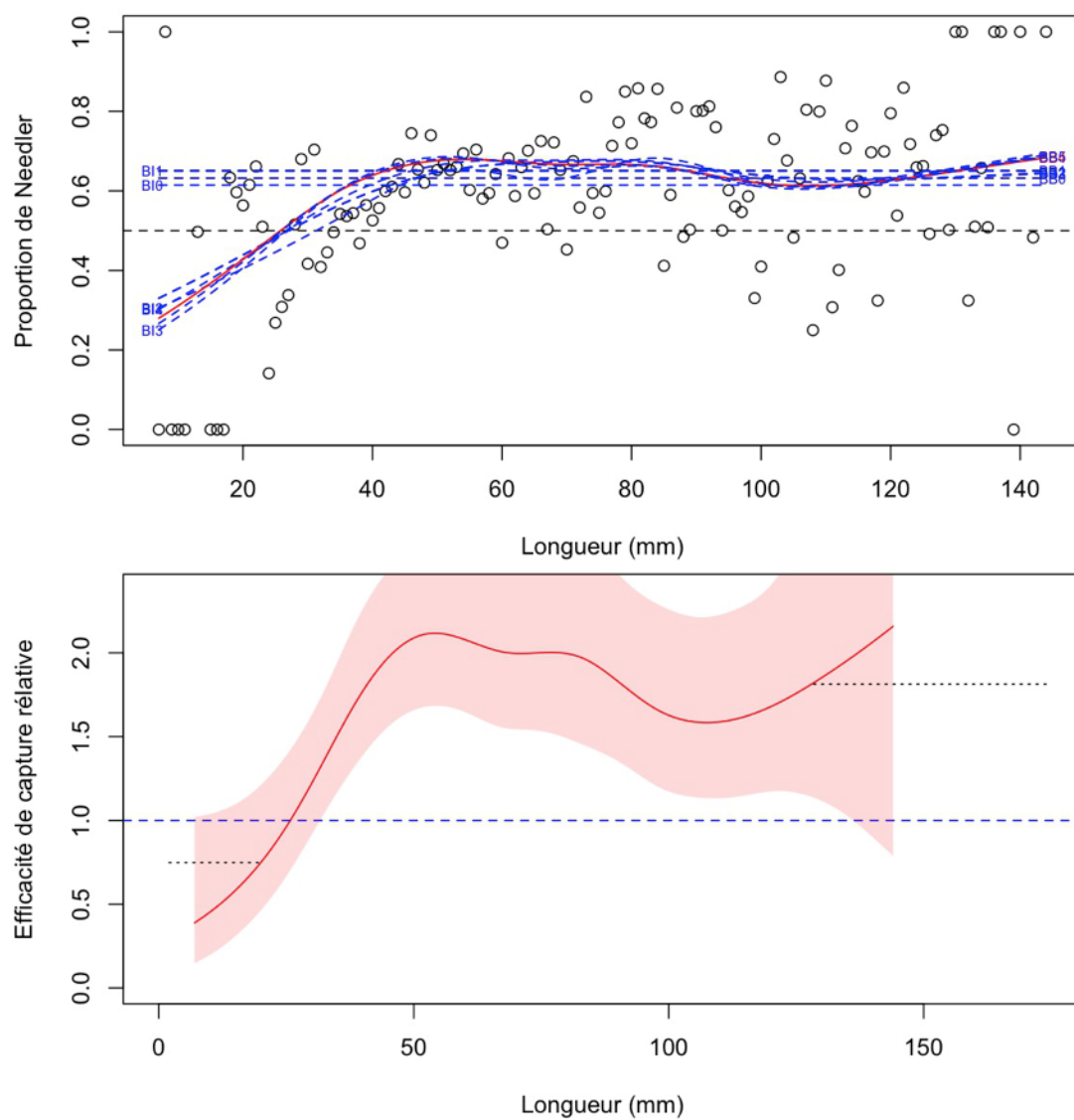


Figure 43b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Chionoecetes opilio* (2526).

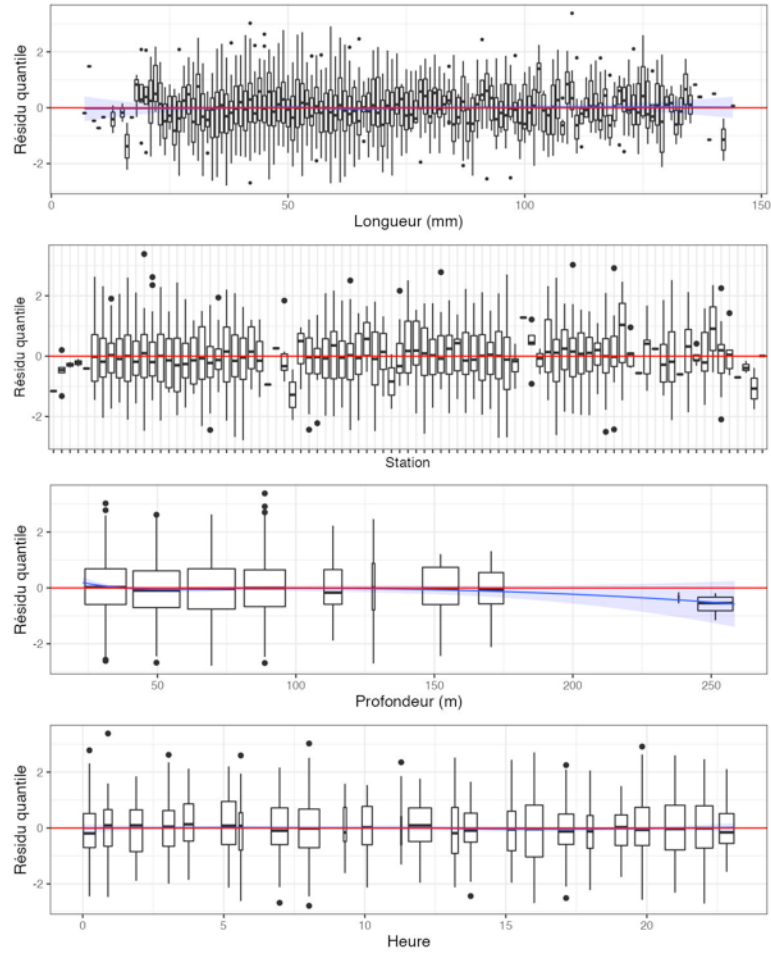


Figure 43c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Chionoecetes opilio* (2526).

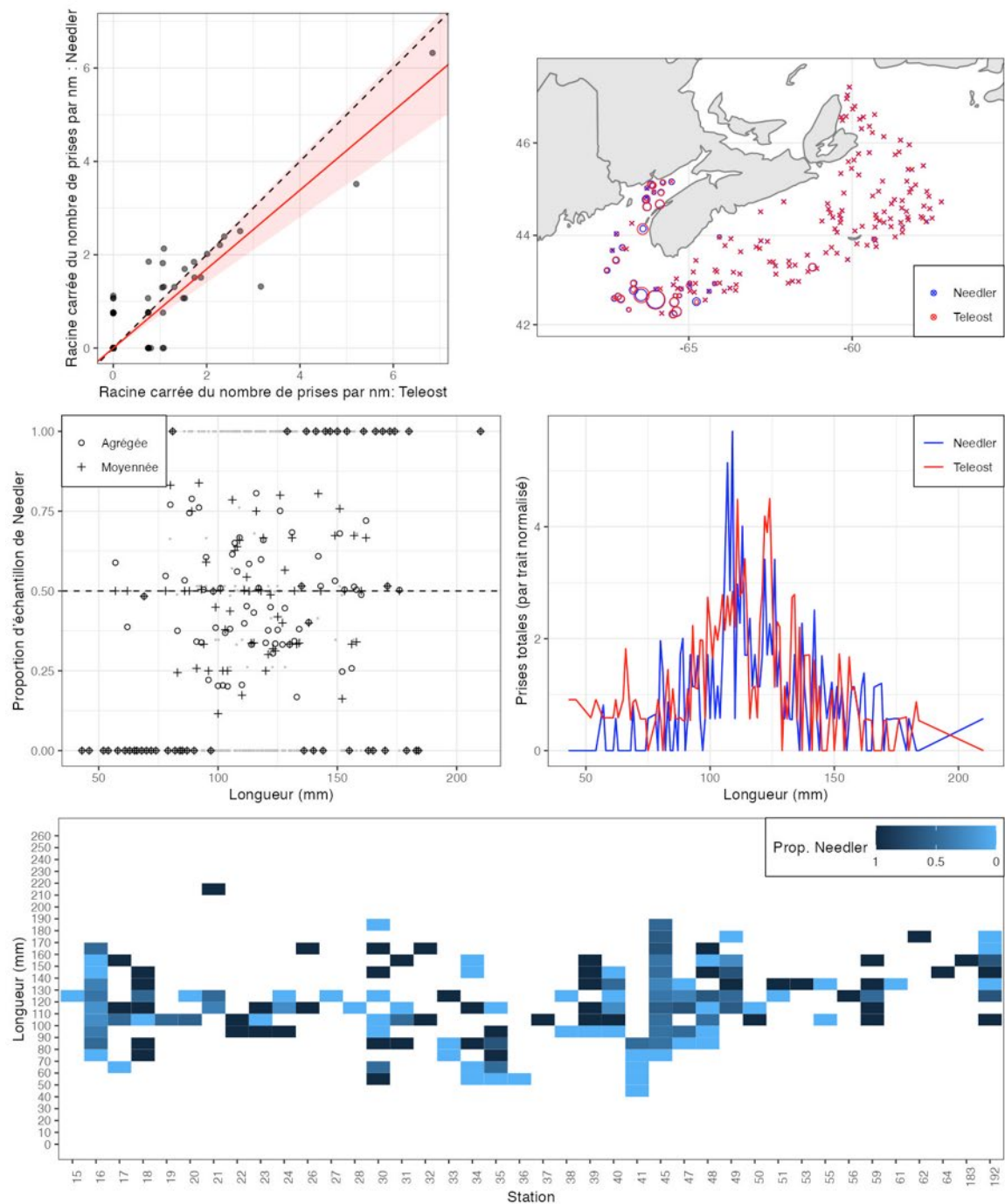


Figure 44a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Homarus americanus* (2550).

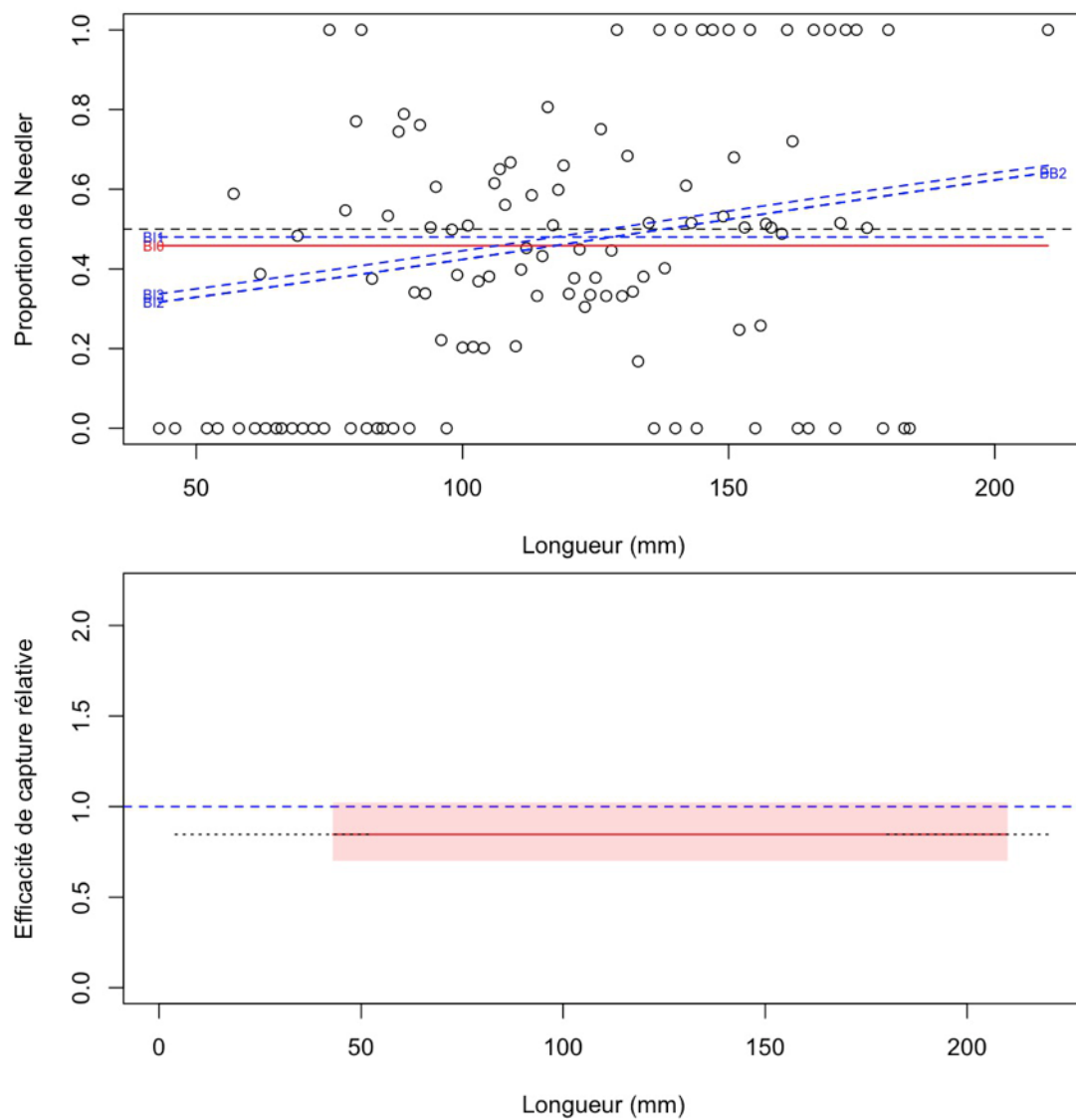


Figure 44b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Homarus americanus* (2550).

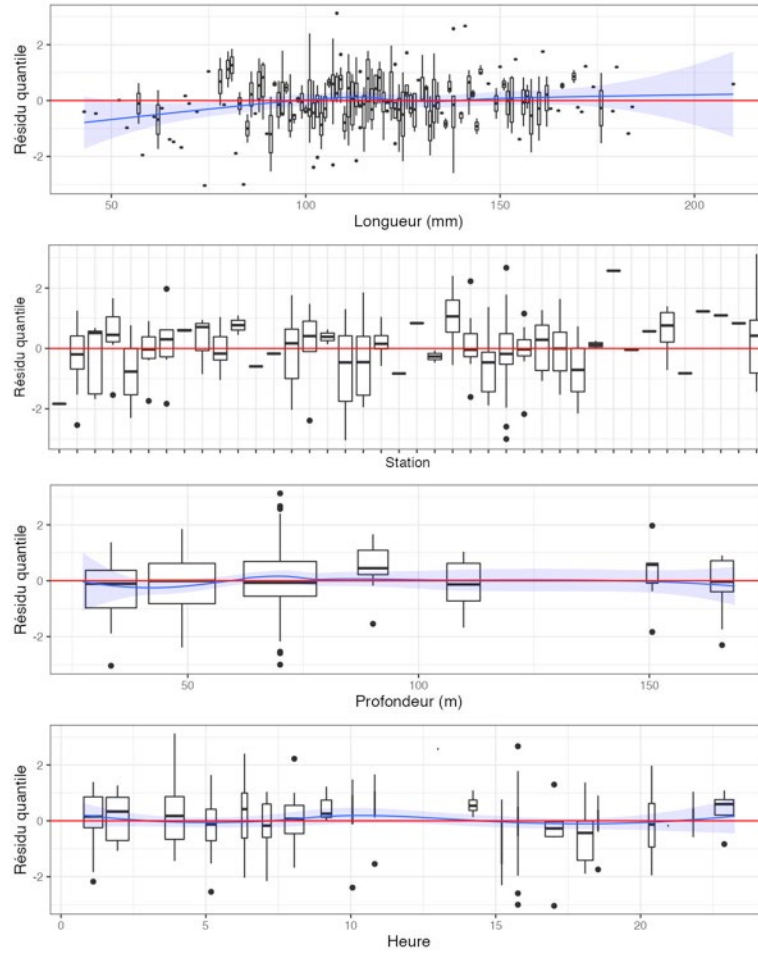


Figure 44c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Homarus americanus* (2550).

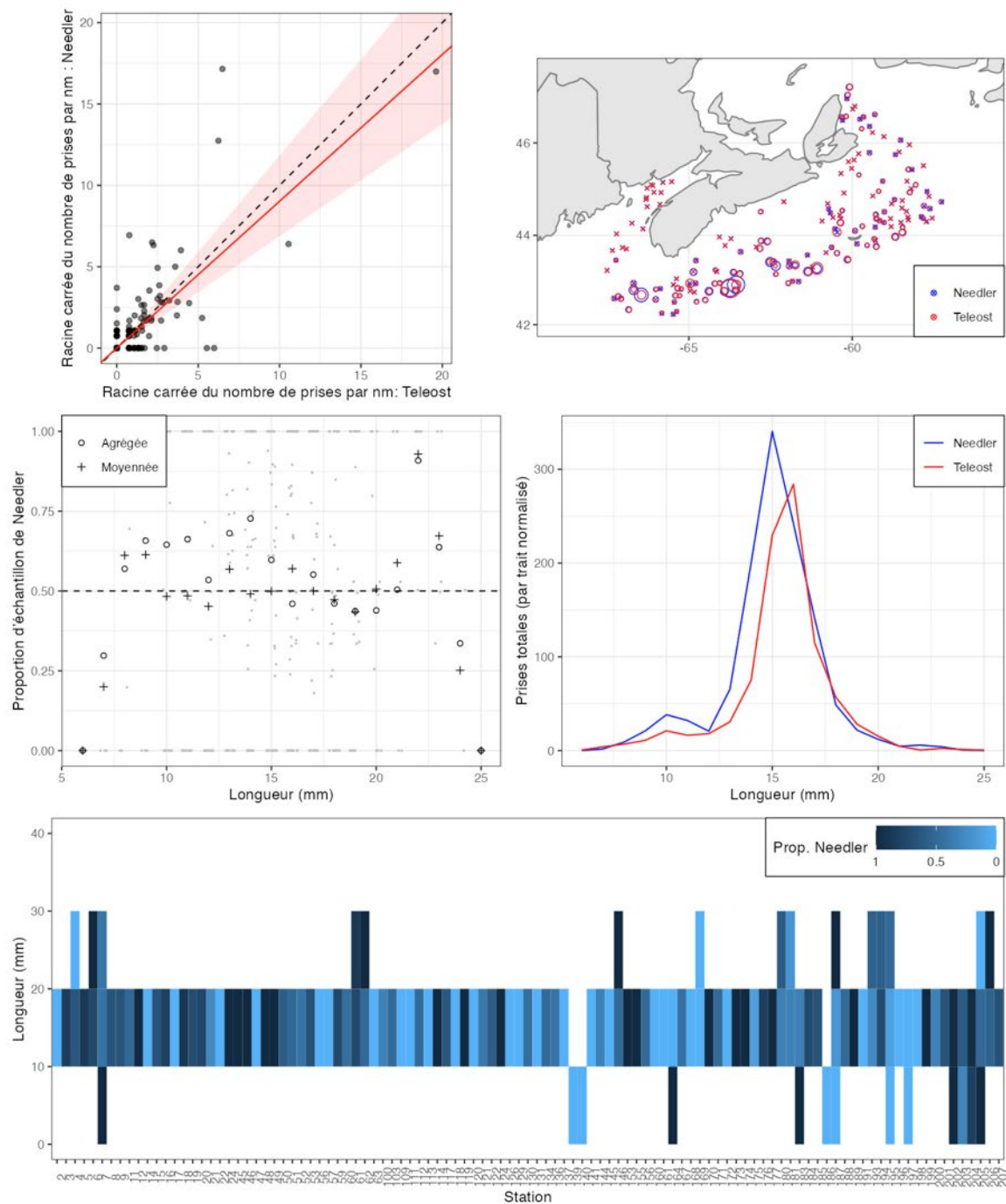


Figure 45a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Illex illecebrosus* (4511).

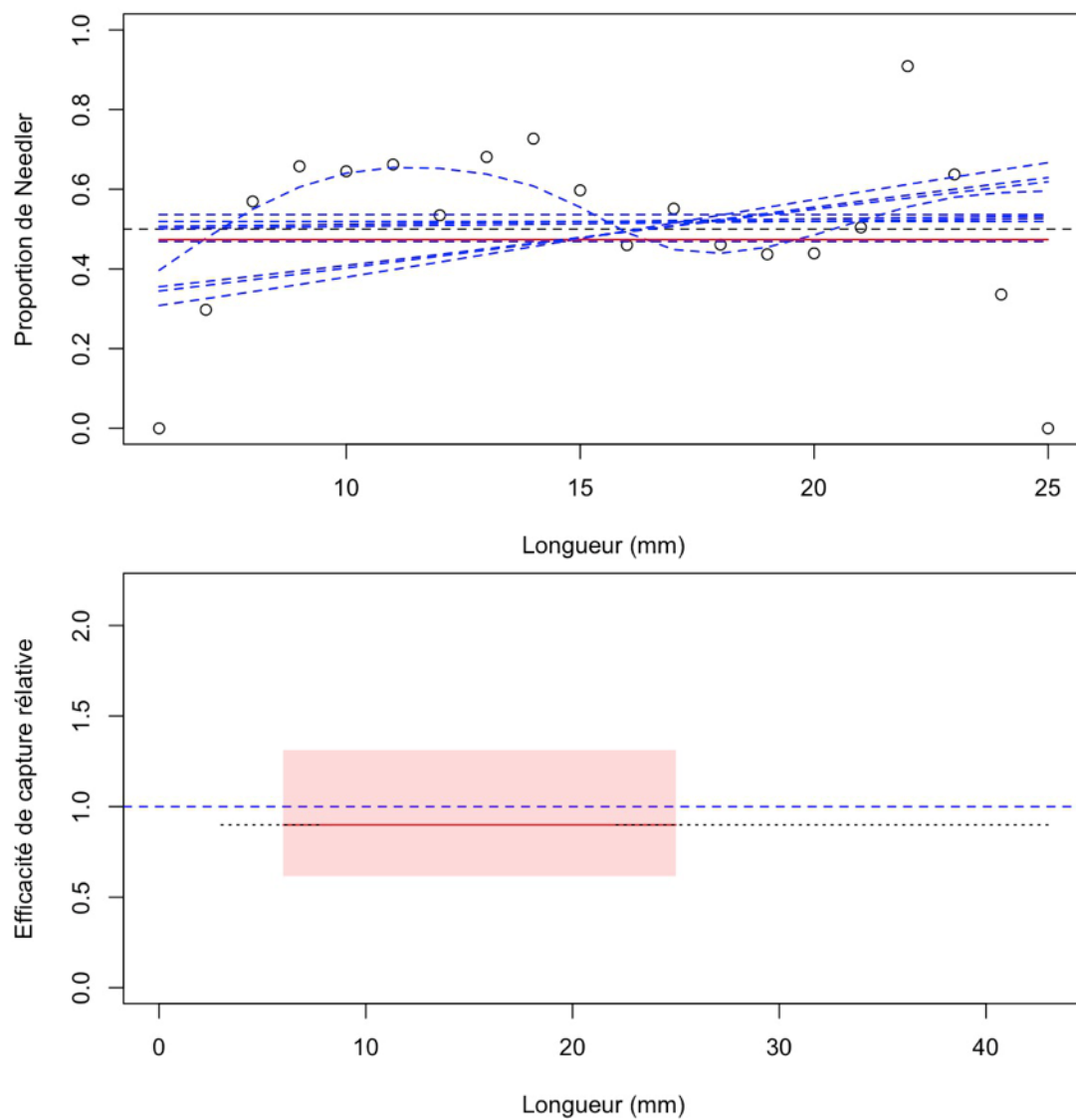


Figure 45b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Illex illecebrosus* (4511).

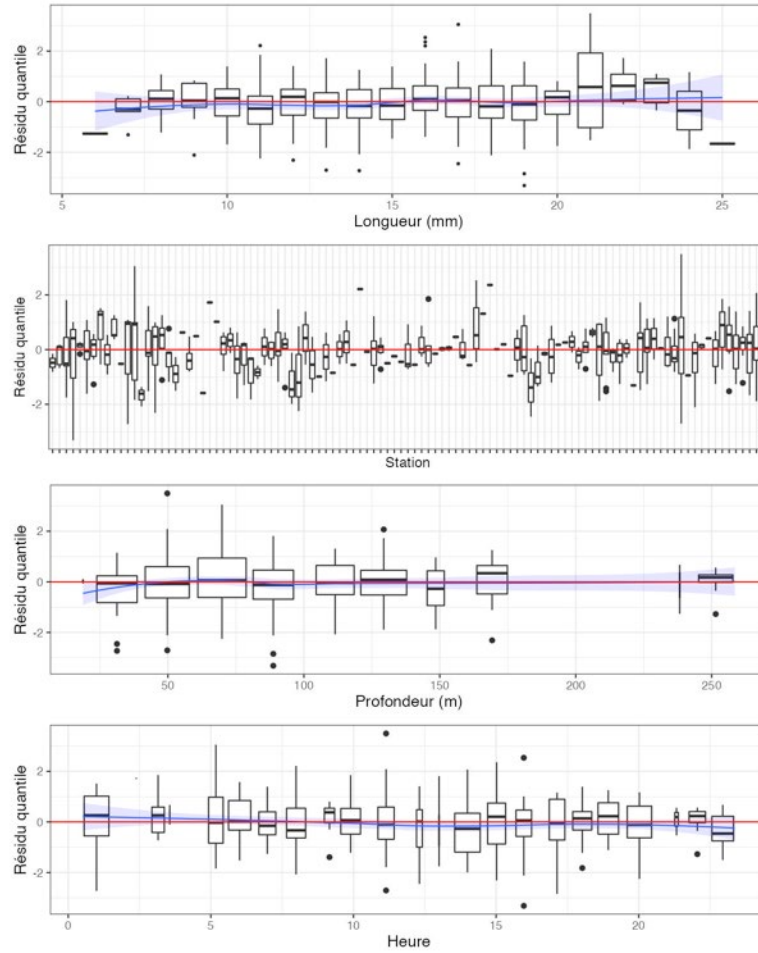


Figure 45c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Illex illecebrosus* (4511).



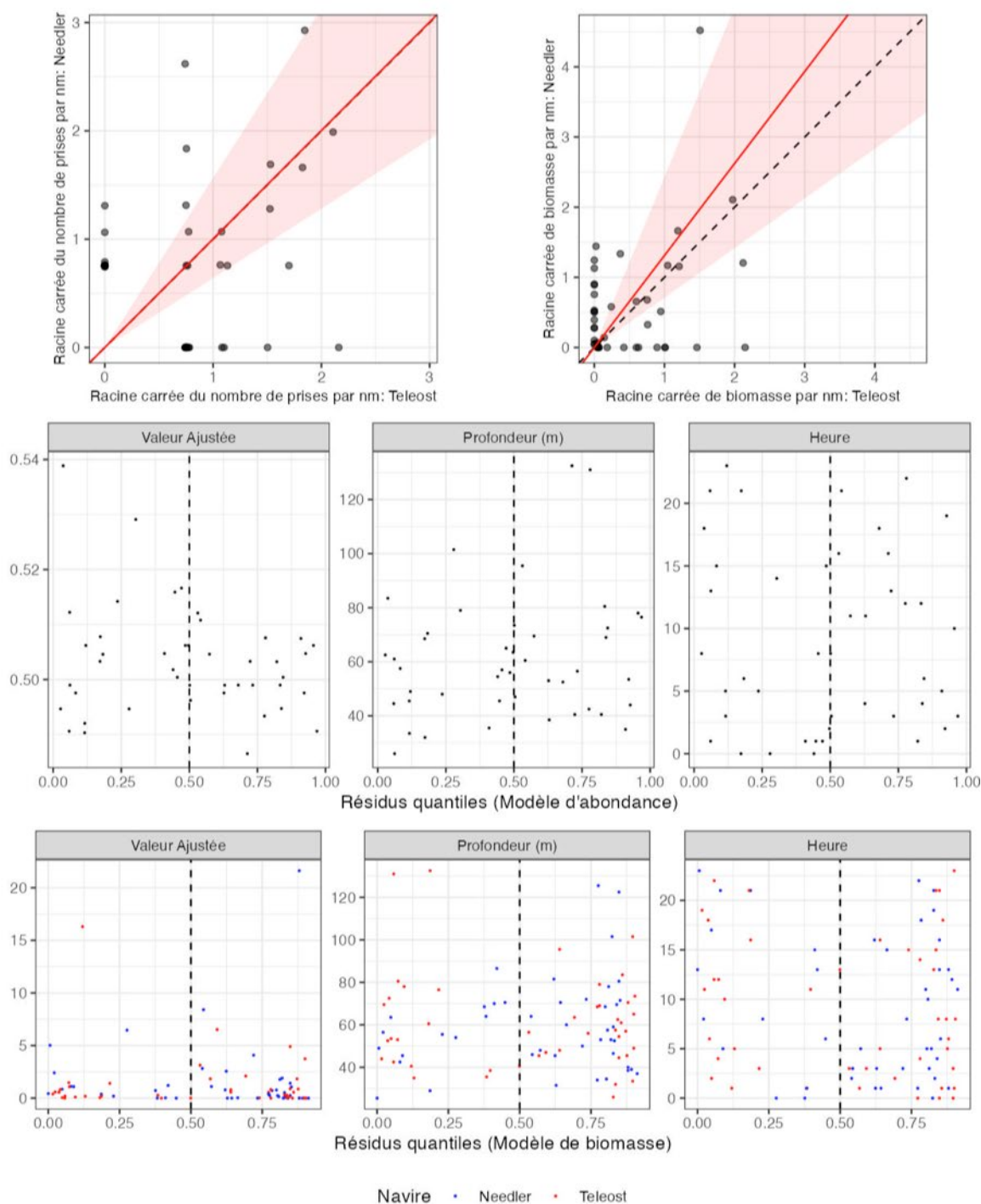


Figure 46. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Anarhichas lupus* (50).

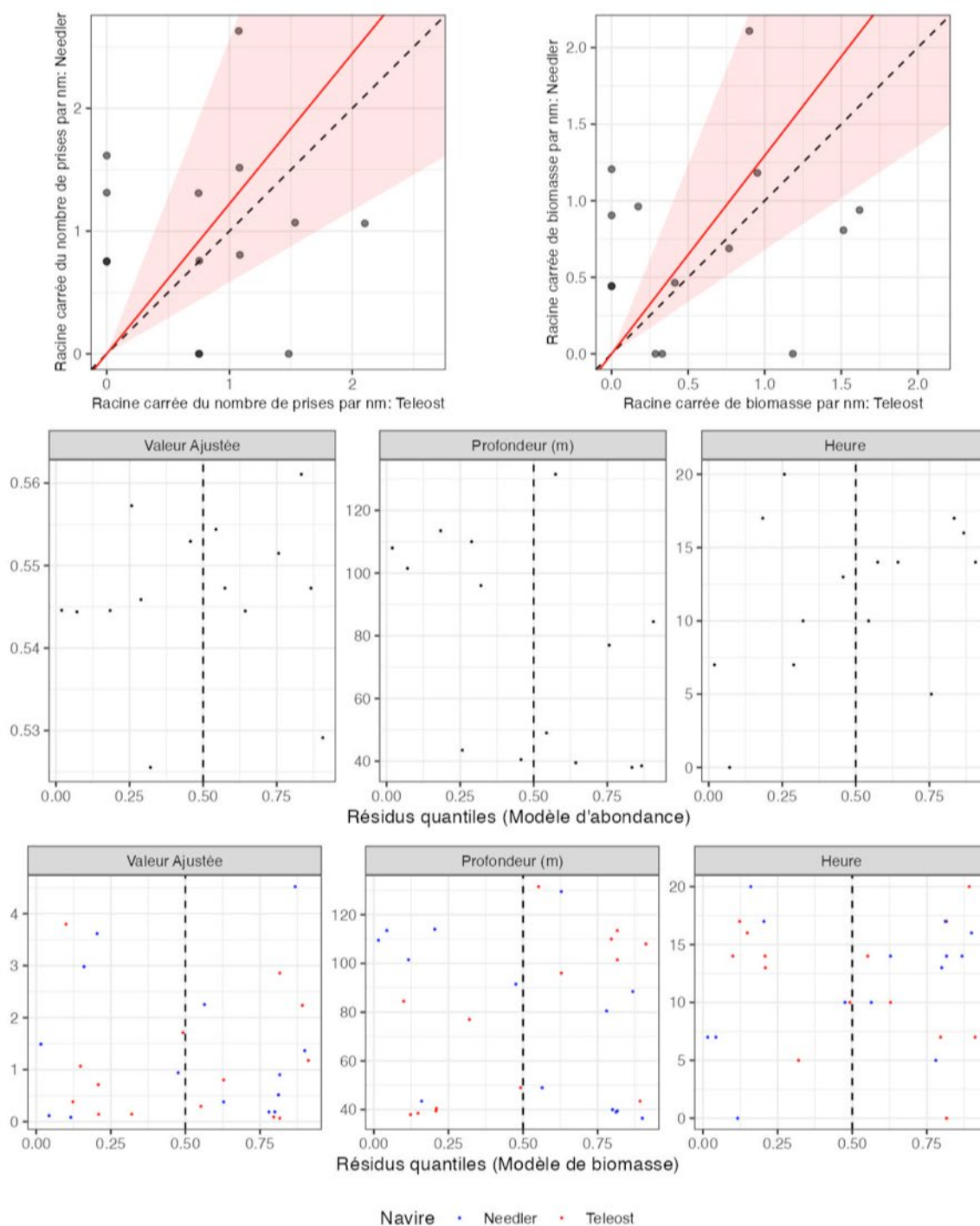


Figure 47. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Alosa sapidissima* (61).

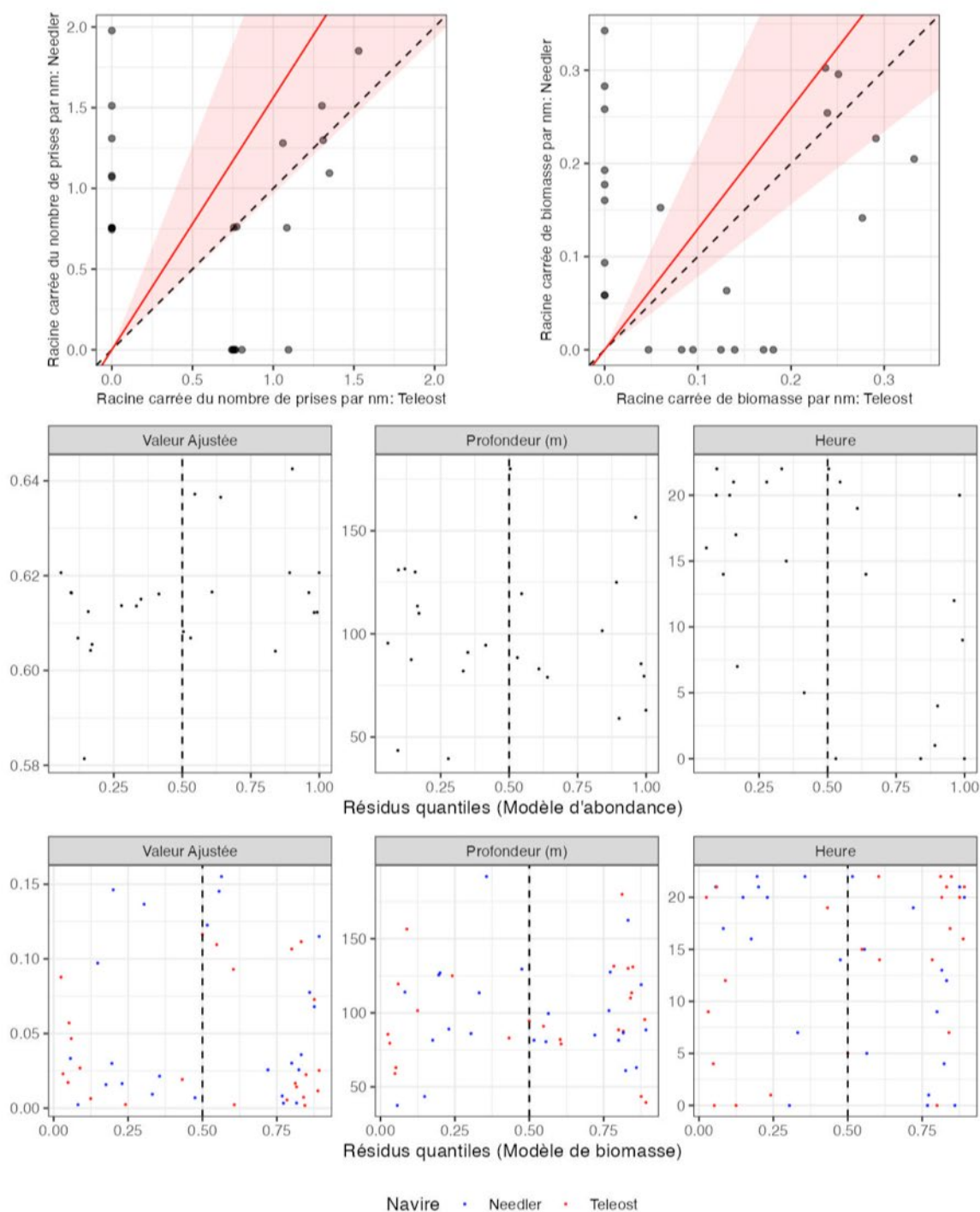


Figure 48. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Enchelyopus cimbrius* (114).

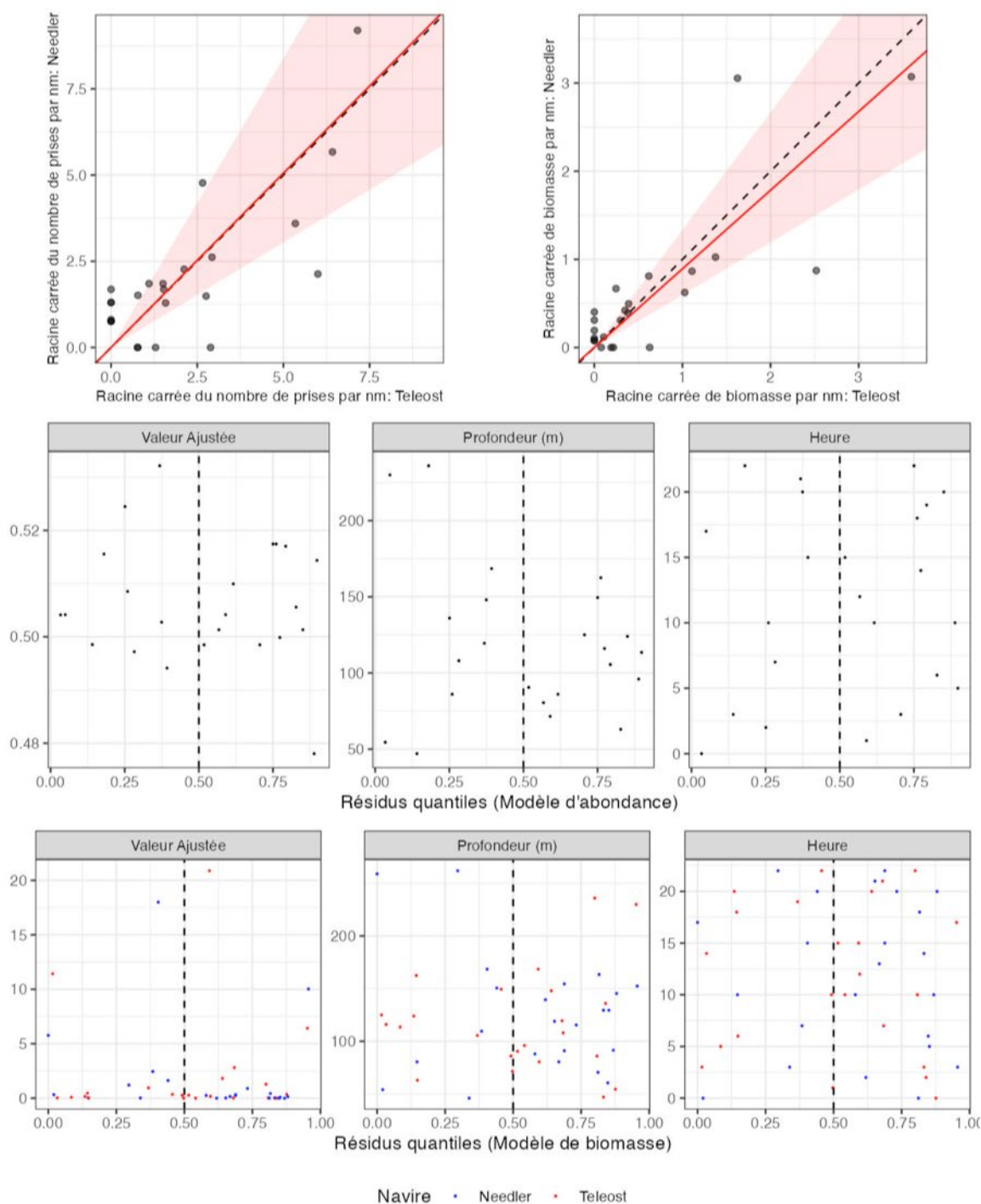


Figure 49. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Helicolenus dactylopterus* (123).

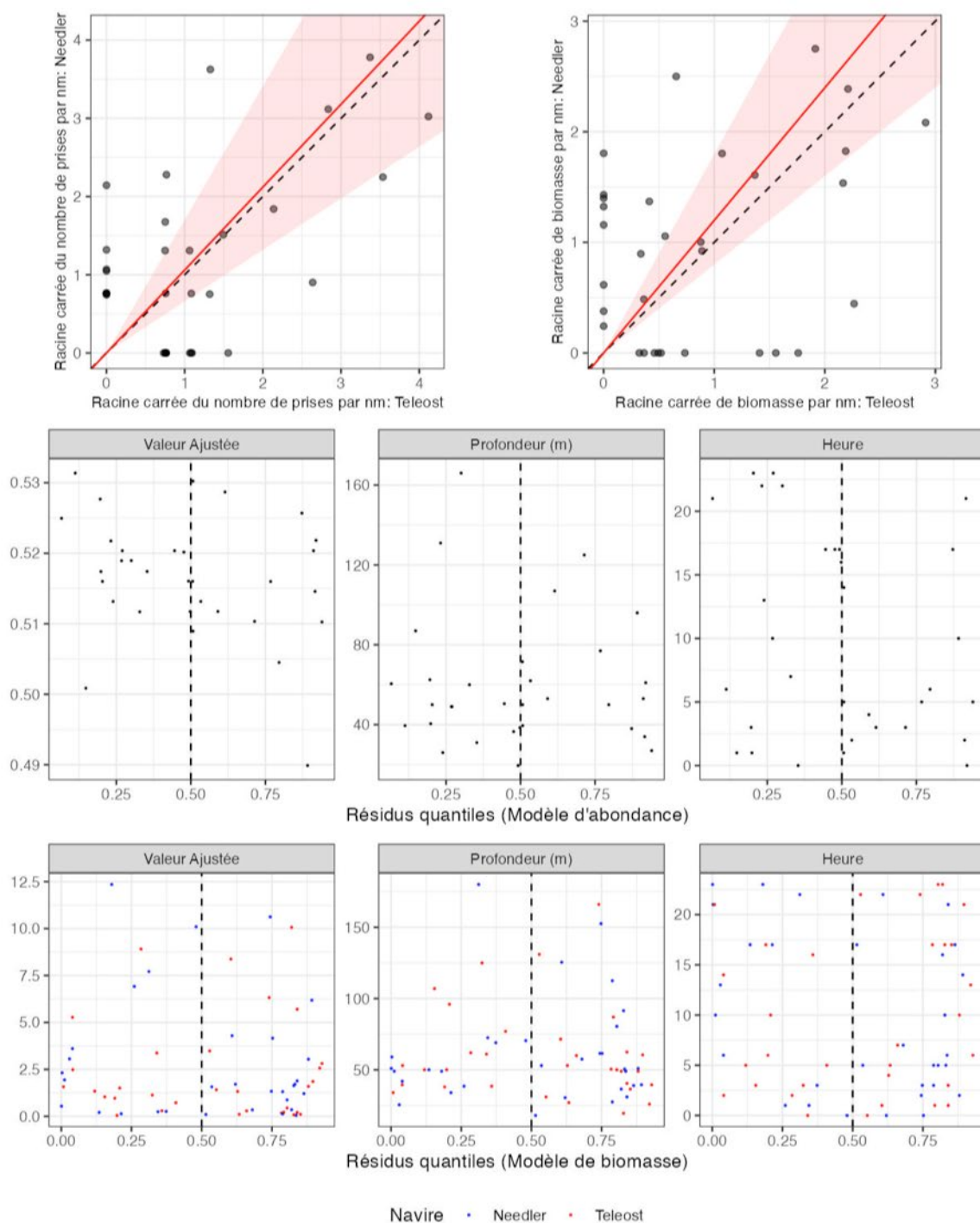


Figure 50. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Leucoraja erinacea* (203).

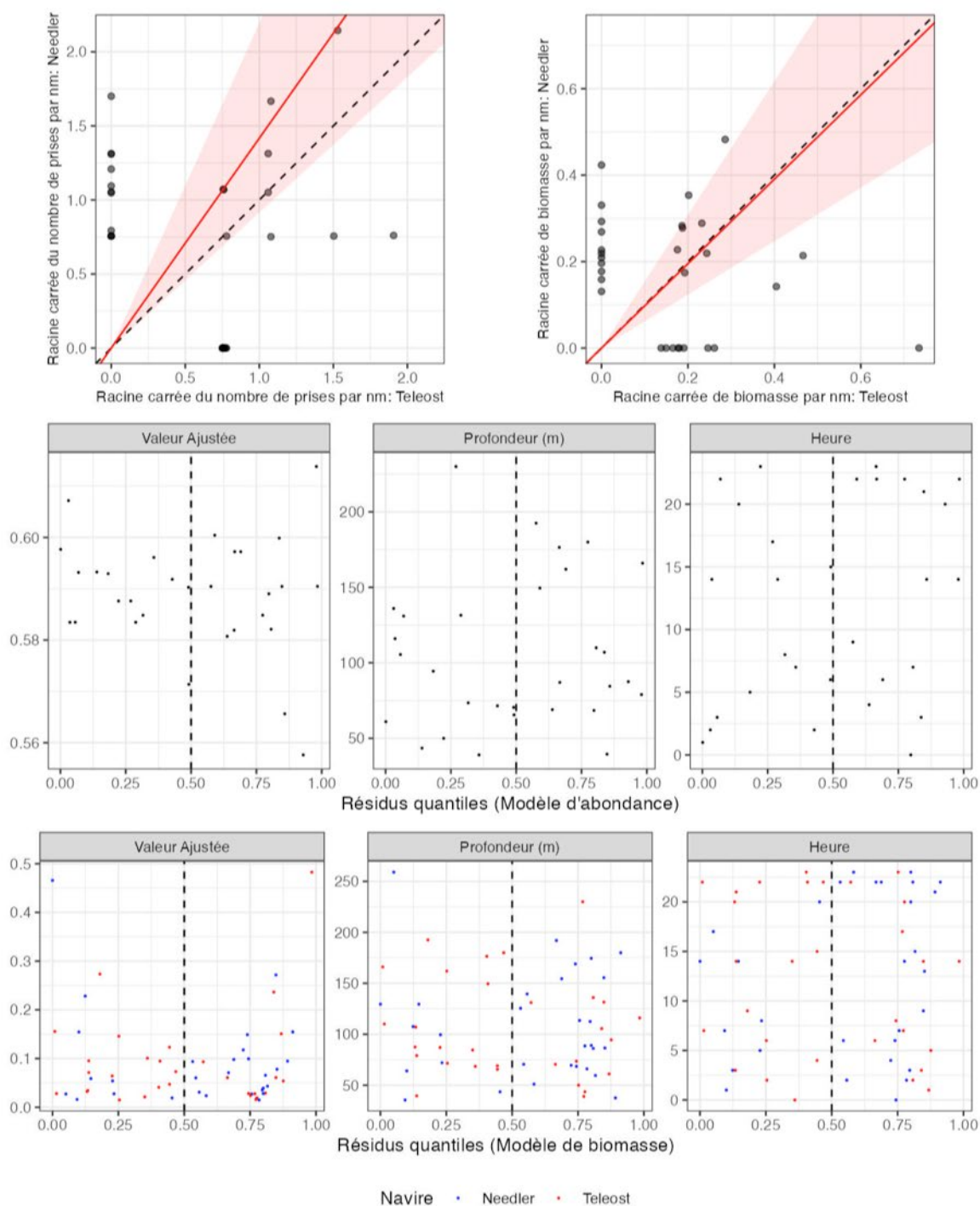


Figure 51. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Myxine glutinosa* (241).



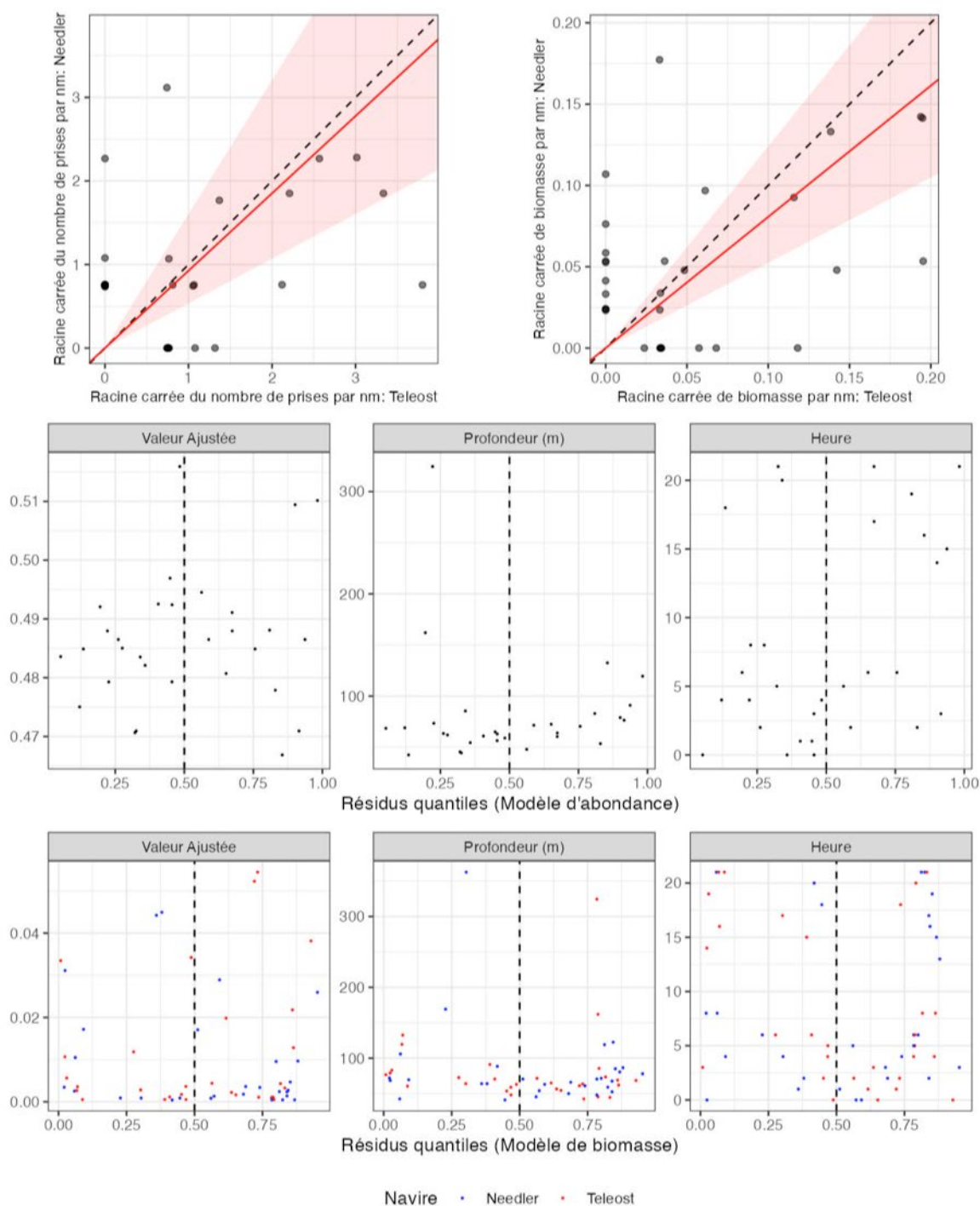


Figure 52. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Artediellus* sp. (323).

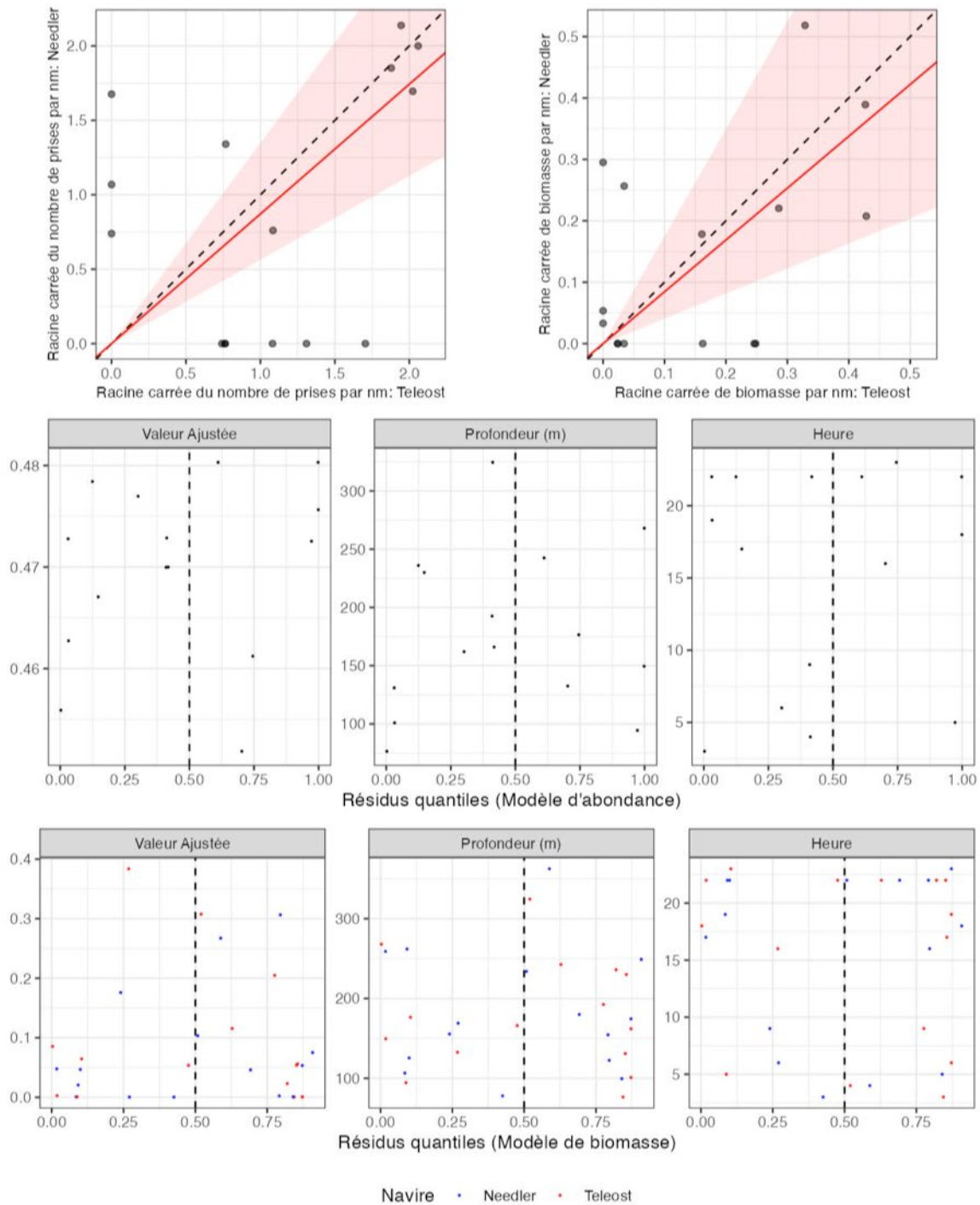


Figure 53. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Nezumia bairdii* (410).



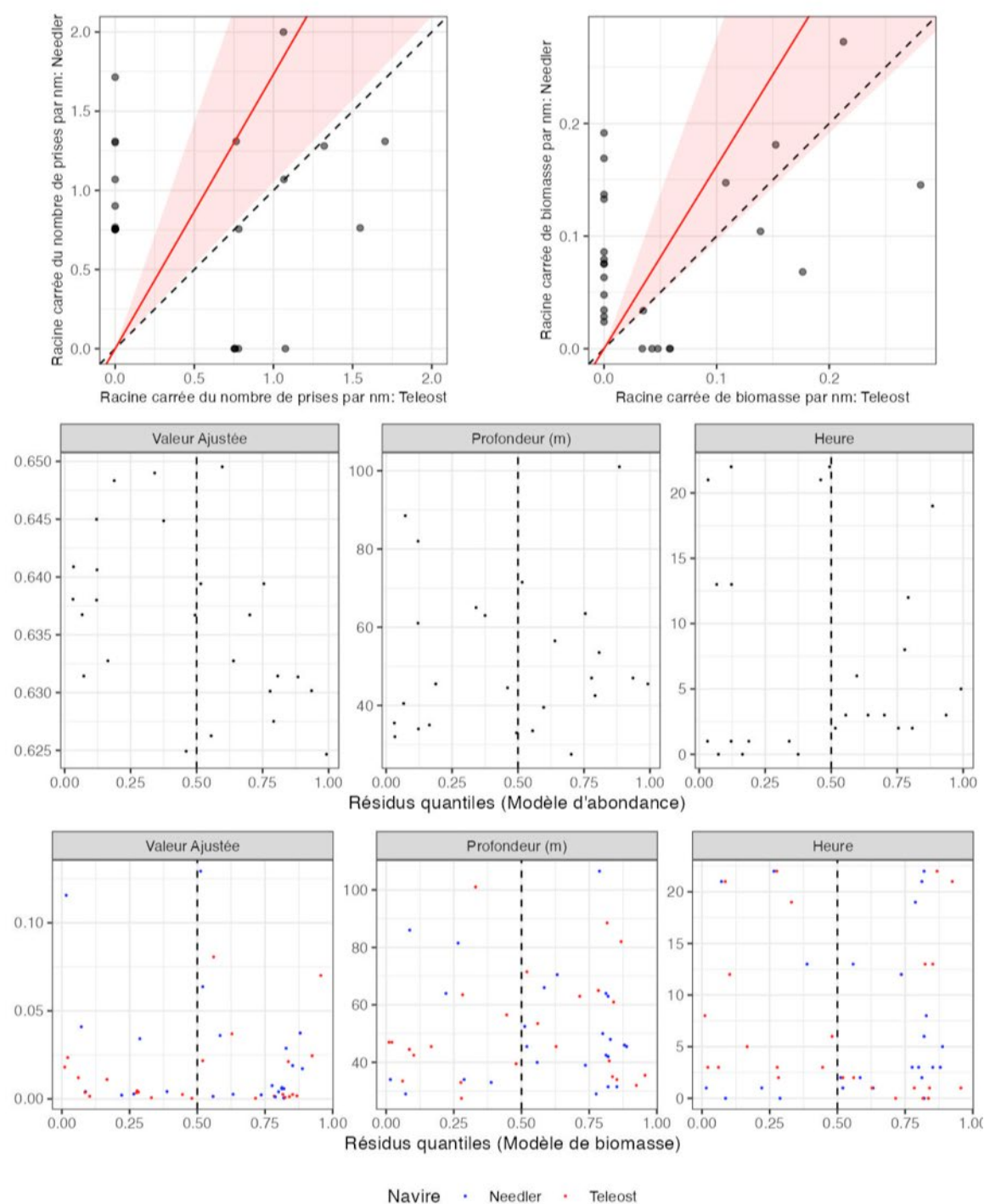


Figure 54. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Eumicrotremus spinosus* (502).

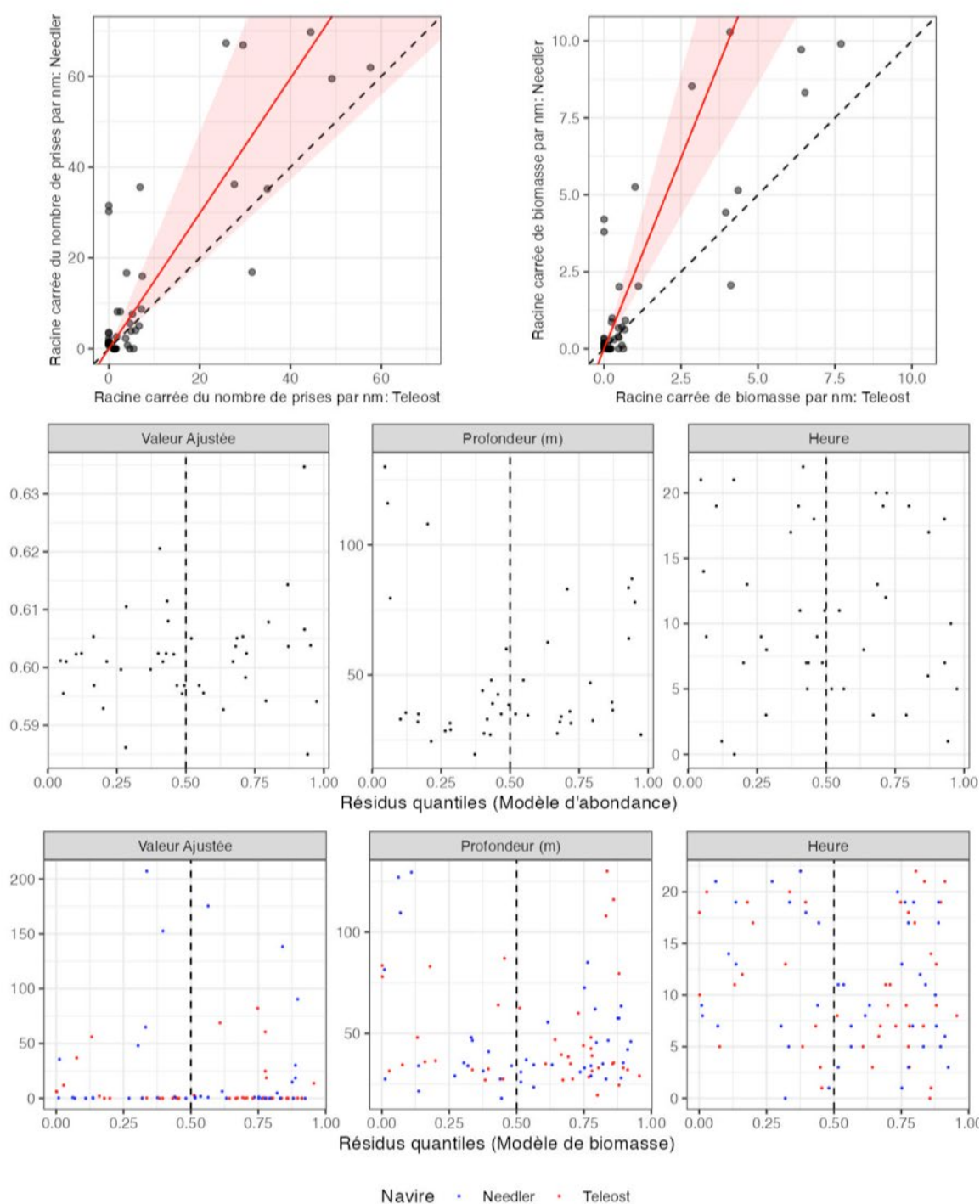


Figure 55. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Ammodytes dubius* (610).

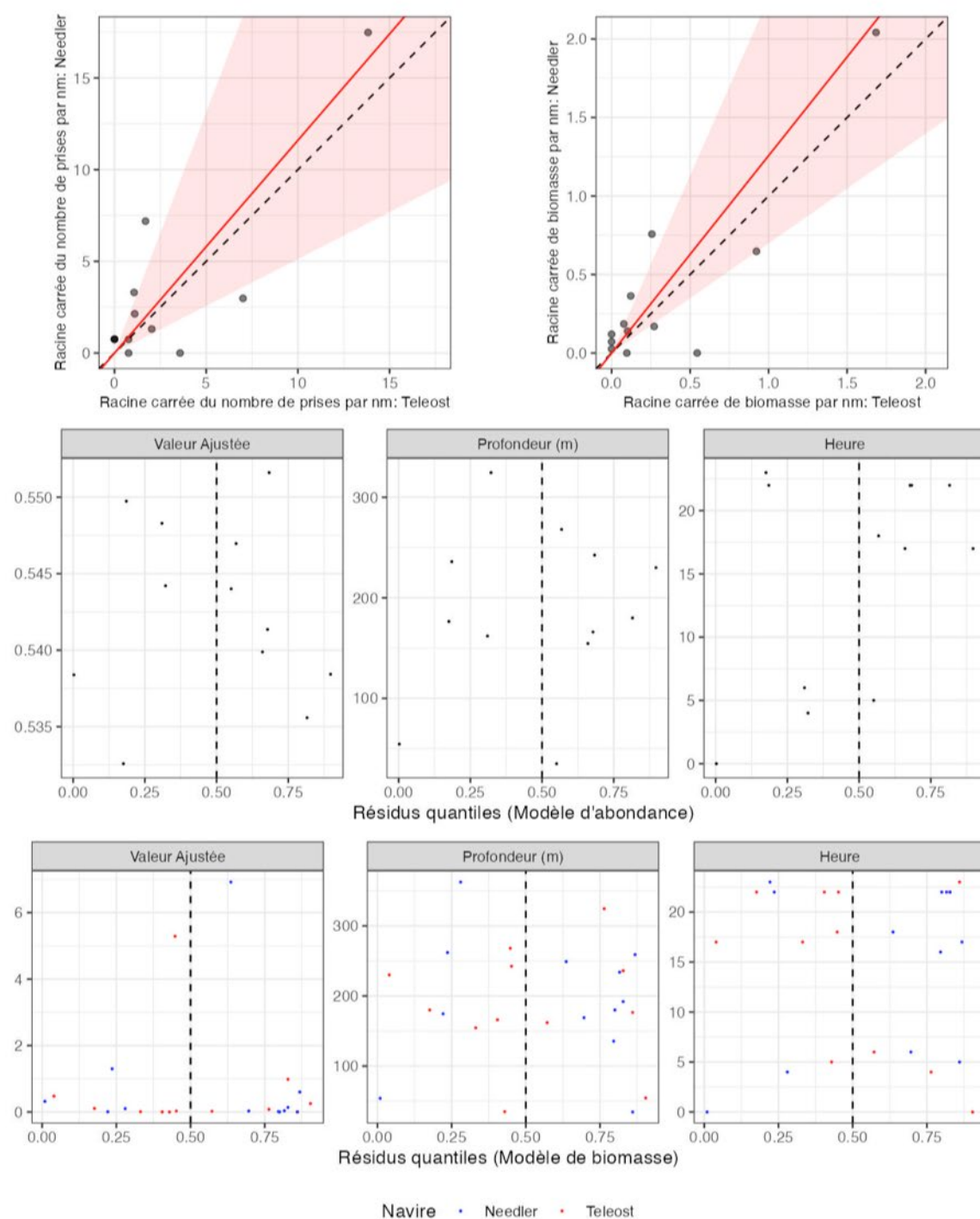


Figure 56. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Notolepis rissoi* (712).

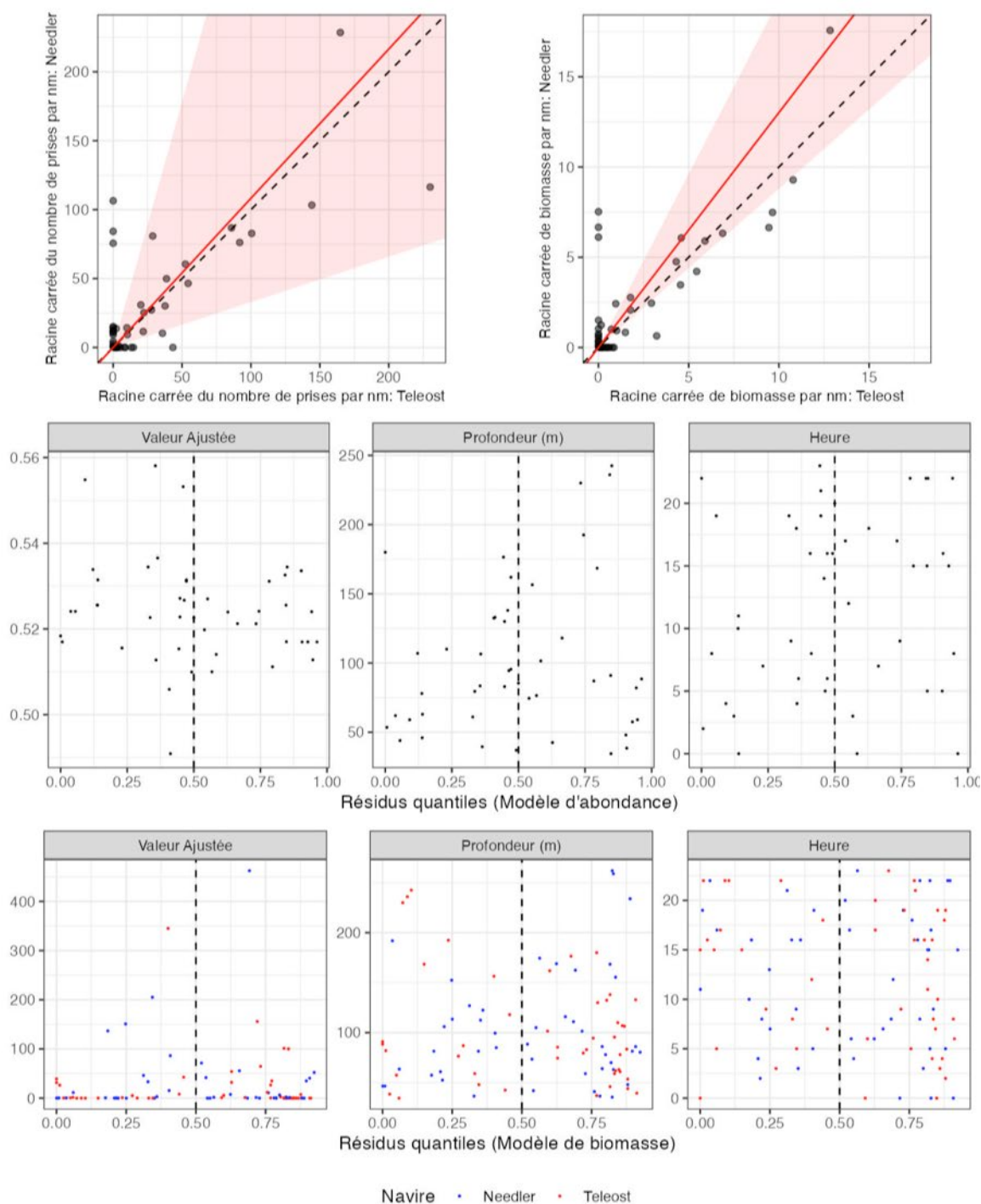


Figure 57. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Pandalus borealis* (2211).

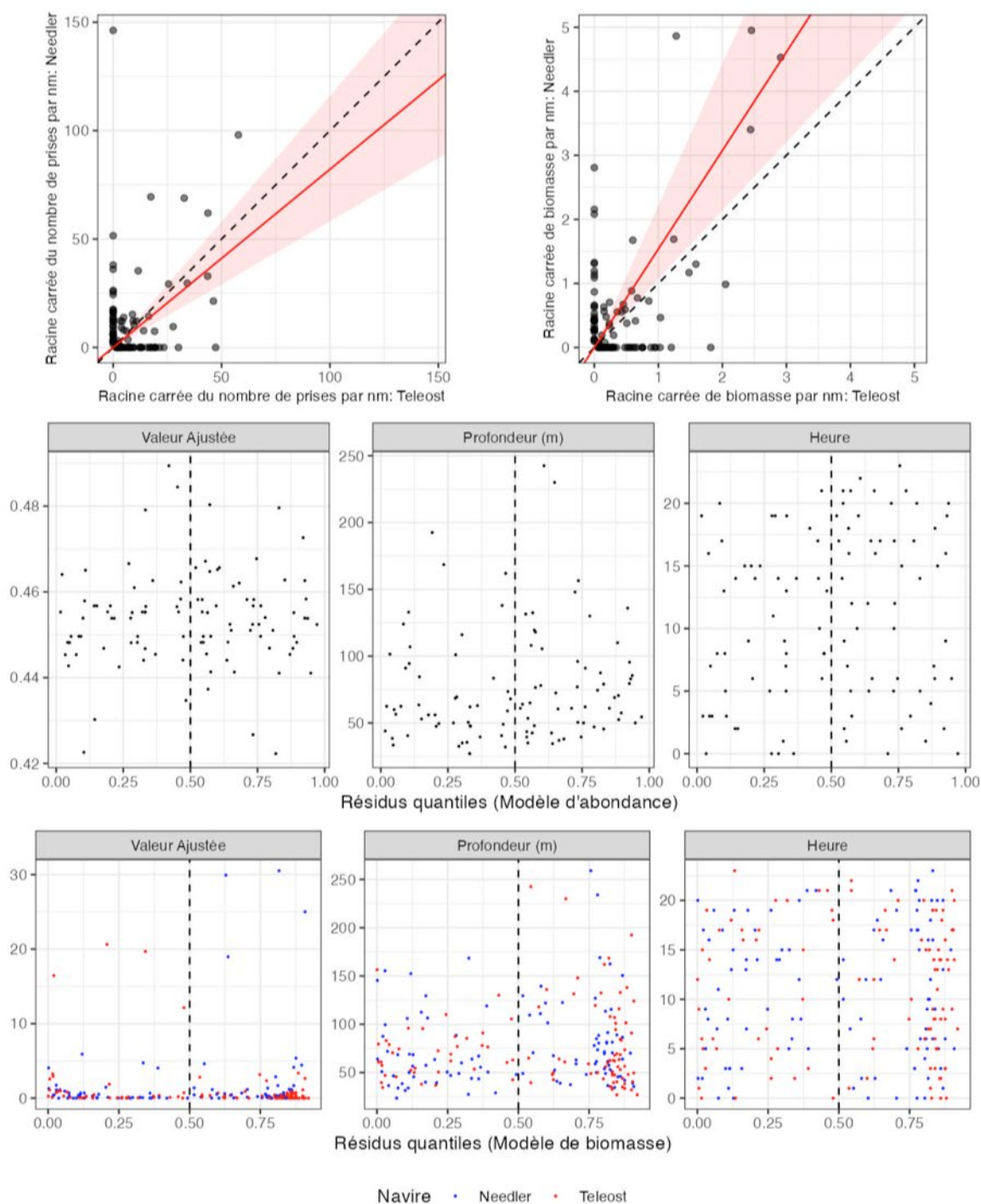


Figure 58. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Pandalus montagui* (2212).



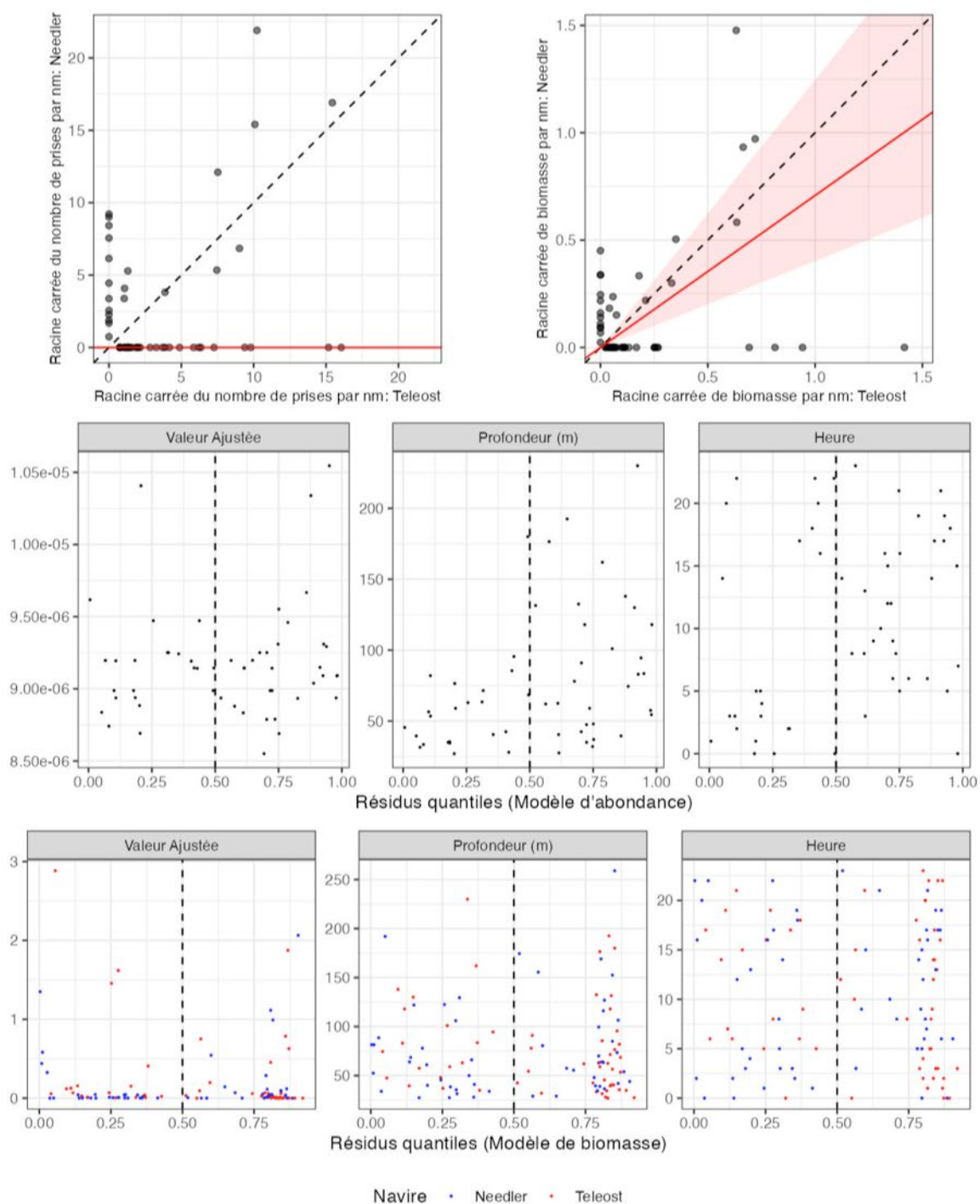


Figure 59. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Crangon sp.* (2416).

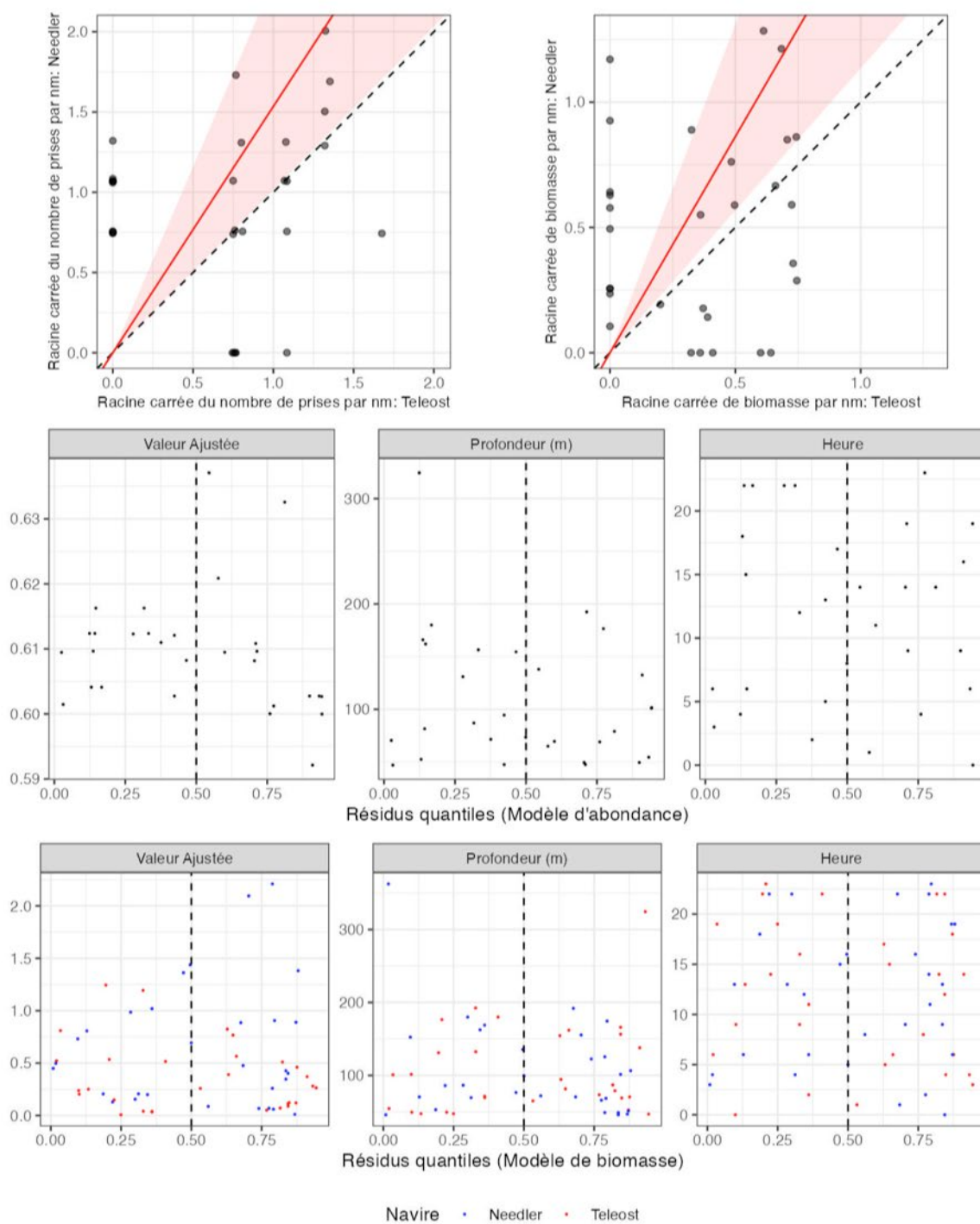


Figure 60. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Lithodes maja* (2523).

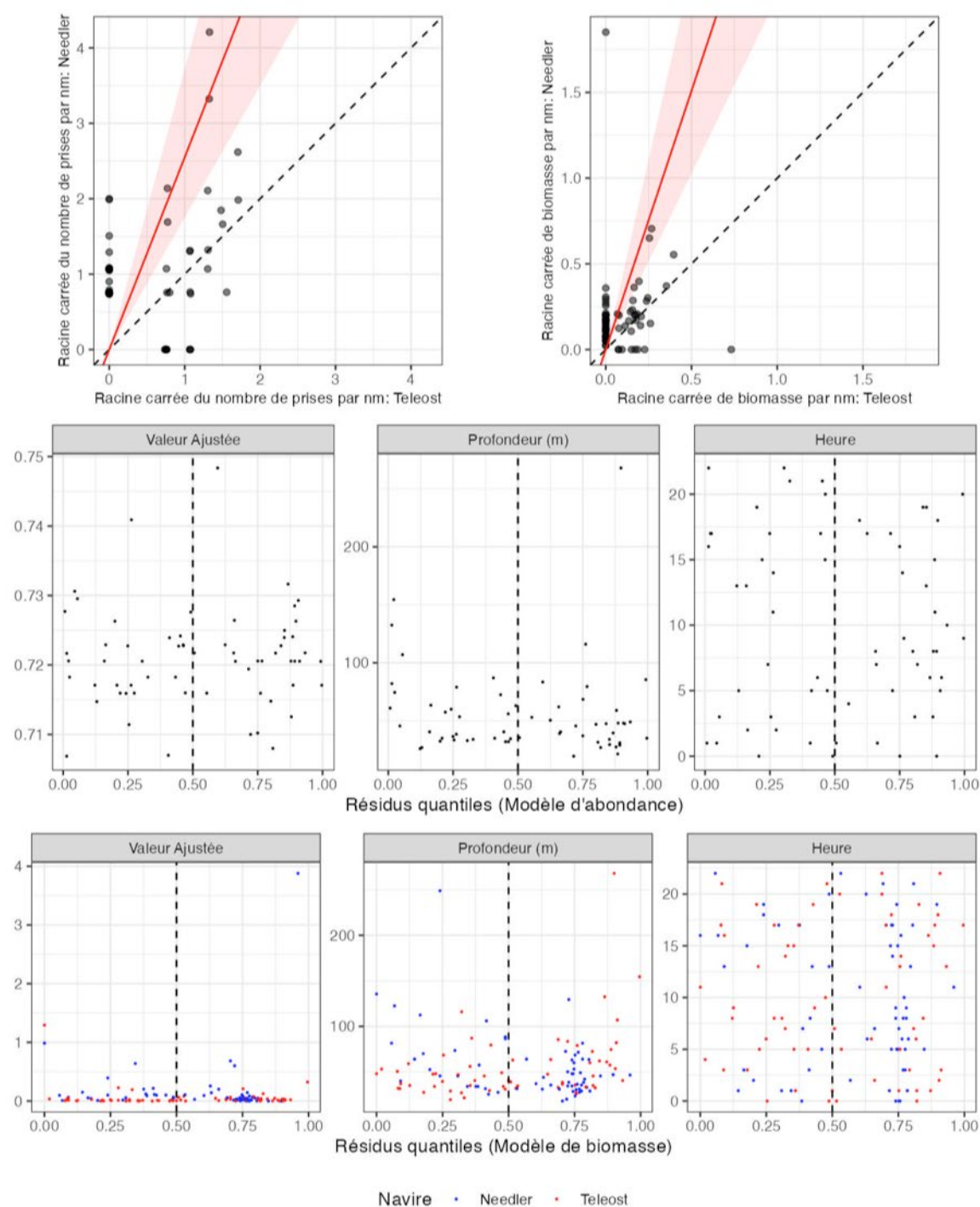


Figure 61. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour Paguridae. (2559).



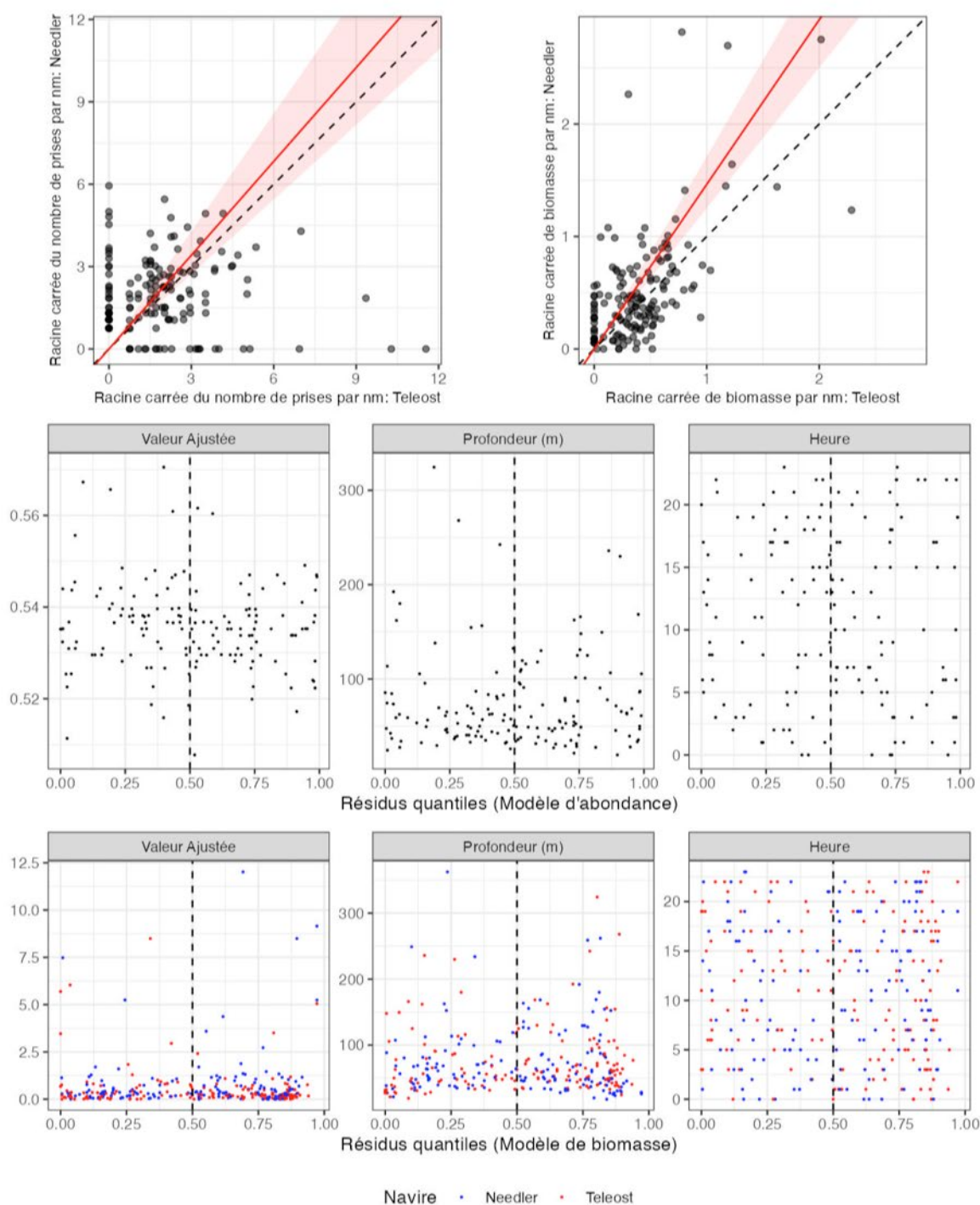


Figure 62. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Asteroidea*. (6100).

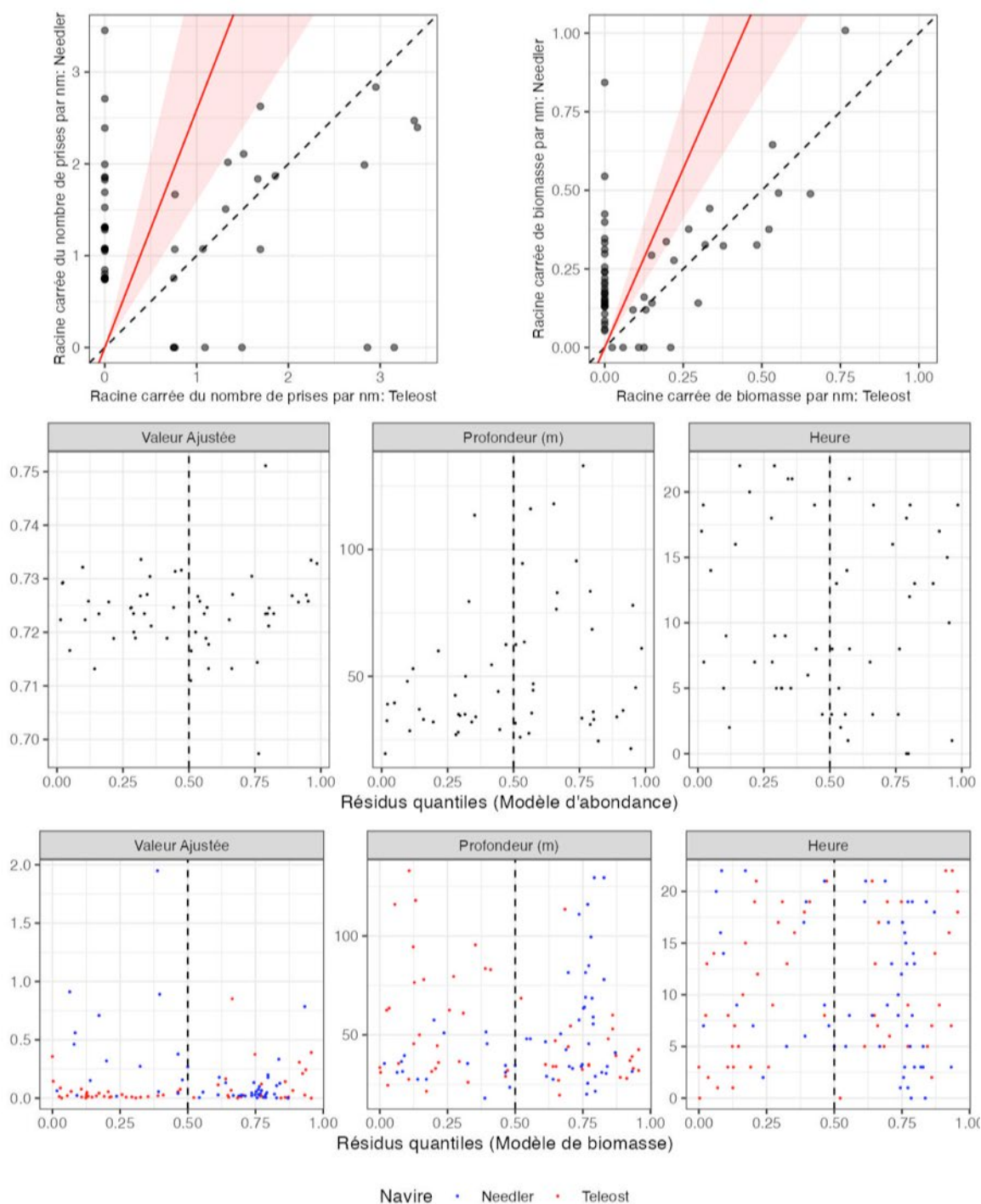


Figure 63. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Clypeasteroida*. (6500).

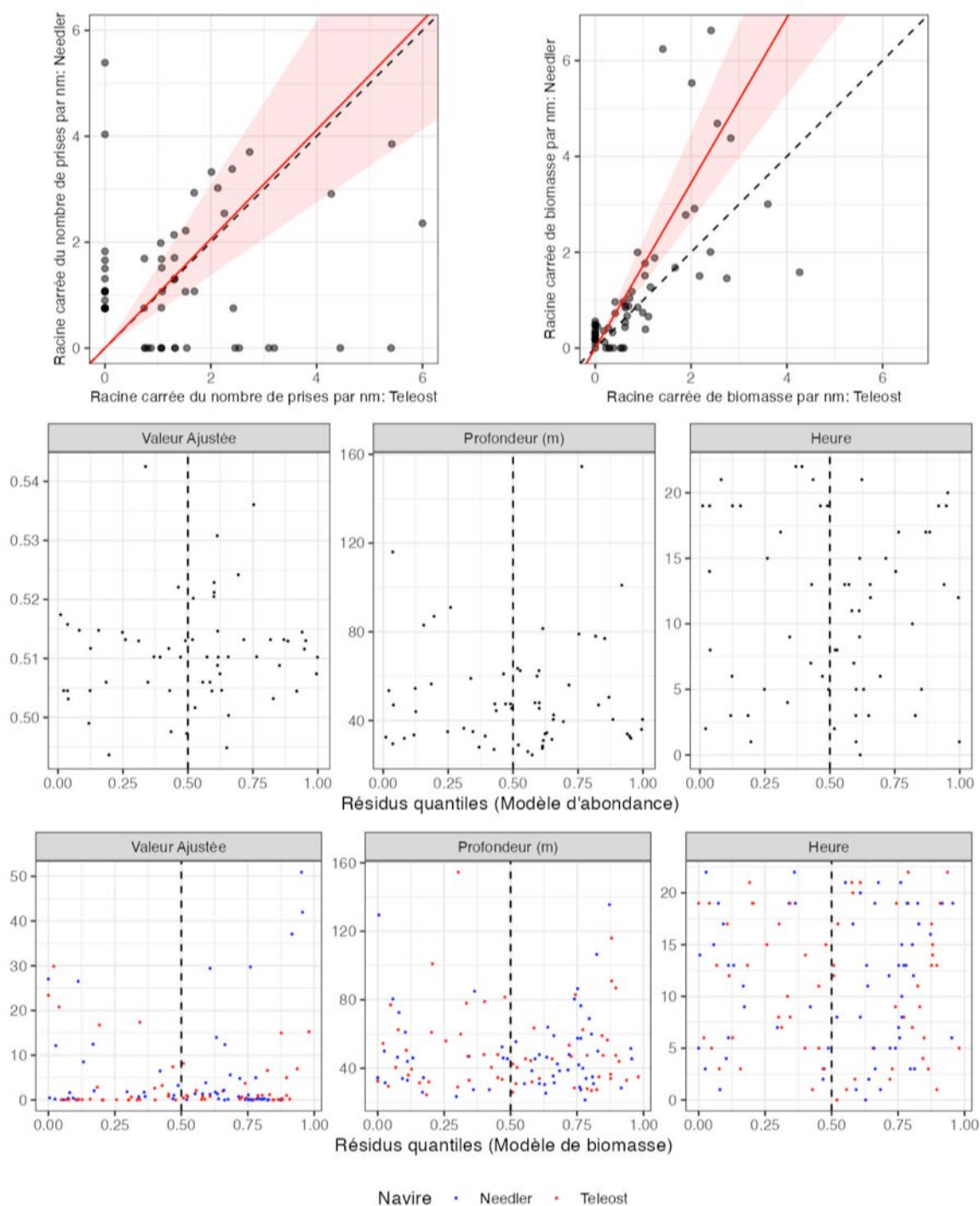


Figure 64. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des diagrammes de diagnostics résiduels pour *Holothuroidea c. (6600)*.