



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 2025/057

Région de la capitale nationale

Modèle de population intégré pour le stock de bélugas des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson (BEL-EBH)

Joanie Van de Walle¹, M. Tim Tinker² et Caroline Sauvé¹

¹Institut Maurice-Lamontagne
Pêches et Océans Canada
850, route de la Mer
Mont-Joli (Québec) G5H 3Z4

²Nhydra Ecological Consulting
Baie St. Margaret (N.-É.) B3Z 2G6

Avant-propos

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

Publié par :

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

<http://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/>
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 978-0-660-78551-6 N° cat. Fs70-5/2025-057F-PDF

La présente publication doit être citée comme suit :

Van de Walle, J., Tinker, M.T., et Sauvé, C. 2025. Modèle de population intégré pour le stock de bélugas des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson (BEL-EBH). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/057. iv + 54 p

Also available in English :

Van de Walle, J., Tinker, M.T., and Sauvé, C. 2025. An Integrated Population Model for the Belcher Islands - Eastern Hudson Bay (BEL-EHB) Beluga Whale Stock. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2025/057. iv + 51 p.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
INTRODUCTION	1
MATÉRIEL ET MÉTHODES	2
CYCLE VITAL DU BÉLUGA.....	3
SOURCES DE DONNÉES.....	3
Abondance d'après les relevés aériens	3
Taux de gestation.....	3
Taux de récolte	4
Composition génétique de la récolte.....	4
Structure d'âge et de sexe dans la récolte	5
Proportion de femelles en lactation dans la récolte	5
ÉLABORATION DU MODÈLE	6
Modèle de processus	6
La survie en tant que risques concurrents	8
Taux de gestation.....	11
MODÈLE DE DONNÉES	11
A PRIORI	14
ANALYSE DU MODÈLE	14
Ajustement et validation du modèle	14
Analyses du modèle et scénarios	15
RÉSULTATS.....	15
DYNAMIQUE DE POPULATION D'APRÈS LE MODÈLE INTÉGRÉ DE POPULATION	15
COMPARAISON ENTRE LE MODÈLE INTÉGRÉ DE POPULATION ET LE MODÈLE DE PRODUCTION EXCÉDENTAIRE	17
DISCUSSION.....	18
RÉFÉRENCES CITÉES	22
TABLEAUX	28
FIGURES	33
ANNEXE	45
CONSTRUCTION DU MODÈLE MULTI-ÉTATS	45
TRANSITIONS DES INDIVIDUS VIVANTS	45
PROCESSUS DE REPRODUCTION.....	46

RÉSUMÉ

Le stock de bélugas des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson (BEL-EBH) est l'un des huit stocks présents au Canada. Il s'agit de l'un des stocks les moins abondants, et le béluga de l'est de la baie d'Hudson est actuellement désigné comme espèce menacée par le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada (COSEPAC). Le stock BEL-EBH est chassé à des fins de subsistance par les communautés du Nunavik et par la communauté Sanikiluaq du Nunavut. Des modèles de population sont utilisés pour estimer l'abondance et la tendance démographique du stock BEL-EBH, et pour fournir des avis scientifiques sur les niveaux de prises compatibles avec les objectifs de gestion établis. Le stock BEL-EBH a été évalué pour la dernière fois à l'aide d'un modèle de production excédentaire bayésien stochastique intégrant des renseignements sur la récolte, la composition génétique des prises, et des estimations par relevés aériens. Plusieurs autres sources de renseignements sont maintenant disponibles et peuvent être utilisées pour produire une évaluation plus complète du stock. Nous avons élaboré un nouveau modèle intégré de population pour le stock de bélugas BEL-EBH qui intègre dans la structure du modèle l'état reproducteur des femelles, ainsi que la composition des prises selon le sexe et selon l'âge comme sources de renseignements supplémentaires. De plus, la stochasticité annuelle a été ajoutée au modèle intégré de population en tant que composante de la mortalité, en plus de la récolte. Nous présentons la structure du modèle intégré de population nouvellement élaborée, puis comparons les tendances modélisées de population et les estimations de l'abondance à celles du modèle de production excédentaire utilisé dans les évaluations précédentes. Le modèle intégré de population et le modèle de production excédentaire ont permis de prédire des abondances et des tendances globales similaires. Cependant, les incertitudes des prédictions de modèle étaient réduites avec le modèle intégré de population , et les estimations les plus récentes de l'abondance divergeaient entre les deux types de modèles. Le modèle intégré de population prédisait une abondance du stock BEL-EBH de 3 600 en 2023, avec un taux de décroissance correspondant à 2,24 % entre 2014 et 2023. L'estimation de l'abondance du stock BEL-EBH en 2023 obtenue à l'aide du modèle de production excédentaire était de 2 600 et le taux de décroissance entre 2014 et 2023 était de 3,82 %. Les deux modèles fournissaient des prévisions similaires des prises et de la capacité de charge des bélugas du stock BEL-EBH. Le modèle intégré de population a fourni de nouveaux renseignements sur le stock BEL-EBH qui ne pouvaient pas être obtenus avec le modèle de production excédentaire. Par exemple, le modèle intégré de population a permis de mieux comprendre comment les taux de survie et de gestation variaient selon l'âge et dans le temps. De plus, le modèle intégré de population estimait que la mortalité liée à la chasse (qui comprend aussi les animaux abattus, mais perdus) représentait entre 19 % et 43 % de la mortalité annuelle totale, avec une tendance à la hausse au cours des dernières années.

INTRODUCTION

Le béluga (*Delphinapterus leucas*) a une large répartition dans les eaux arctiques et subarctiques, et une proportion importante de son aire de répartition mondiale se trouve dans les eaux canadiennes (NAMMCO 2018; Hobbs *et al.* 2019). La délimitation des unités désignables, des populations et des stocks de gestion est fondée sur la répartition fragmentée des regroupements estivaux (Sergeant 1973; Finley *et al.* 1982; Reeves et Mitchell 1987; Richard 2010). Ces divisions sont étayées par des preuves que les bélugas présentent une forte fidélité intra et interannuelle aux aires d'estivage, d'après des observations comportementales (Caron et Smith 1990), de la télémétrie (Bailleul *et al.* 2012a), des analyses d'isotopes stables et de contaminants (Rioux *et al.* 2012) et des études génétiques Brennin *et al.* 1997; Brown Gladden *et al.* 1997, 1999; de March *et al.* 2002, 2004; de March et Postma 2003; Postma *et al.* 2012; Turgeon *et al.* 2012; Colbeck *et al.* 2013; Parent *et al.* 2023).

Le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada (COSEPAC) a identifié huit unités désignables de bélugas au Canada, dont quatre se trouvent dans les eaux adjacentes au Nunavik (nord du Québec) à différentes périodes de l'année : l'ouest de la baie d'Hudson (OHB), l'est de la baie d'Hudson (EBH), la baie James (BJ) et la baie d'Ungava (BU) (COSEPAC 2016). L'unité désignable de l'est de la baie d'Hudson est l'une des moins abondantes et est actuellement désignée comme menacée (COSEPAC 2020). Depuis le dernier examen de l'unité désignable du béluga par le COSEPAC en 2020, une nouvelle analyse génétique effectuée par Pêches et Océans Canada (MPO) a permis d'identifier deux populations génétiquement distinctes de bélugas dans l'aire géographique de répartition estivale de l'unité désignable de l'est de la baie d'Hudson : la population de l'est de la baie d'Hudson et la population des îles Belcher (Parent *et al.* 2023). Puisque les populations génétiques BEL-EBH se chevauchent fortement dans l'aire de répartition estivale et ne peuvent pas être distinguées lors de relevés aériens pour produire des estimations distinctes de l'abondance du béluga dans la région, elles sont gérées ensemble en tant que stock BEL-EBH (Hammill *et al.* 2023b; Sauvé *et al.* 2024).

Le béluga a une importance culturelle pour les Inuits du Nunavik, car il sert de source de nourriture et fait partie intégrante des pratiques traditionnelles et de cohésion sociale (Tyrrell 2007, 2008; Lemire *et al.* 2015; Breton-Honeyman *et al.* 2016). Depuis la signature de l'Accord sur les revendications territoriales des Inuits du Nunavik en 2006, la chasse du béluga dans les eaux du nord du Québec est gérée conjointement par le MPO et les conseils de gestion des ressources fauniques (c.-à-d. le Conseil de gestion des ressources fauniques de la région marine du Nunavik (CGRFRMN) dans la zone soumise à l'Accord sur les revendications territoriales des Inuits du Nunavik, et le Conseil de gestion des ressources fauniques de la région marine d'Eeyou dans les zones où les revendications territoriales se chevauchent), afin de trouver l'équilibre entre les droits de récolte et les objectifs de conservation.

Les bélugas du stock BEL-EBH passent l'été dans les estuaires et les eaux de mer ouverte de l'est de l'arc de la baie d'Hudson (c.-à-d. le segment incurvé du sud-est de la baie d'Hudson, qui s'étend des îles Hopewell jusqu'à la jonction avec la baie James) et peuvent être observés jusqu'à 60 km à l'ouest des îles Belcher (figure 1; Bailleul *et al.* 2012b). Dans le passé, les rassemblements les plus importants étaient observés en juillet et en août dans le lac Tasiujaq (anciennement connu sous le nom de golfe de Richmond), la Grande rivière de la Baleine, la Petite rivière de la Baleine et la rivière Nastapoka (Smith et Hammill 1986; Caron et Smith 1990). La surexploitation commerciale a décimé les bélugas estivant dans la Grande rivière de la Baleine au 19^e siècle (Reeves et Mitchell 1987). Bien que des observations occasionnelles soient encore signalées dans l'estuaire de la rivière Nastapoka, aucun béluga n'y a été observé dans les relevés aériens effectués depuis 2004 (Gosselin *et al.* 2017;

COSEPAC 2020; St-Pierre *et al.* 2024). À l'heure actuelle, l'estuaire de la Petite rivière de la Baleine semble être le principal site de rassemblement des bélugas dans l'est de l'arc de la baie d'Hudson. À l'automne, les bélugas de l'est de la baie d'Hudson migrent le long de la côte du Nunavik, dans le détroit d'Hudson, entrant parfois dans la baie d'Ungava, avant d'hiverner dans le détroit d'Hudson et le long de la côte du Labrador, où ils se mêlent aux bélugas d'autres stocks (Lewis *et al.* 2009; Bailleul *et al.* 2012a; Parent *et al.* 2023).

Les bélugas du stock BEL-EBH sont capturés par les chasseurs du Nunavik et du Nunavut (Sanikiluaq) dans leurs aires d'estivage et le long de leur voie de migration (figure 2). Compte tenu de la présence de bélugas provenant d'autres unités désignables du Nunavik, la proportion de bélugas BEL-EBH dans les prises totales de bélugas diffère selon les zones de gestion et les saisons. Depuis les années 1980, les chasseurs du Nunavik et du Nunavut ont fourni des échantillons de peau sur les bélugas récoltés, qui ont été utilisés pour mieux comprendre la structure génétique du béluga dans l'Arctique canadien. Des échantillons provenant du Nunavik et de Sanikiluaq ont été utilisés pour estimer la proportion relative des différents stocks de bélugas trouvés lors de la chasse dans les différentes zones de gestion (Brown Gladden *et al.* 1997; de March *et al.* 2002, 2004; de March et Postma 2003; Turgeon *et al.* 2009, 2012; Postma *et al.* 2012; Postma 2017; Parent *et al.* 2023).

L'état du stock BEL-EBH a été évalué pour la dernière fois en 2021 à l'aide d'un modèle de production excédentaire bayésien stochastique intégrant des renseignements sur les prises, la composition génétique des stocks et les estimations par relevés aériens (Hammill *et al.* 2023b). Cependant, la disponibilité de plusieurs nouvelles sources de données permet désormais une évaluation plus complète. Plus précisément, en plus d'un échantillon de peau et de l'information sur le sexe et la localisation de l'échantillon, les chasseurs fournissent une dent (qui peut être utilisée pour estimer l'âge) et un échantillon de graisse. Des progrès récents dans la quantification des taux de progestérone dans la graisse nous permettent maintenant d'estimer l'état de gestation chez les bélugas (Goertz *et al.* 2019; Renaud *et al.* 2023).

Dans le but d'améliorer notre compréhension de la dynamique du stock de bélugas BEL-EBH, nous avons élaboré un modèle intégré de population pour les bélugas BEL-EBH qui intègre dans la structure du modèle des données sur la composition de la récolte (c.-à-d. âge, sexe et état reproducteur des femelles) comme sources de renseignements supplémentaires. Ce nouveau modèle fait suite aux récentes avancées en matière de modélisation des populations de phoques gris (Hammill *et al.* 2023a), de phoques du Groenland (Tinker *et al.* 2023) et de bélugas de l'estuaire du Saint-Laurent (Tinker *et al.* 2024). En plus d'optimiser l'utilisation de l'information disponible sur les bélugas échantillonnés et d'accroître l'uniformité des méthodes appliquées pour modéliser les stocks de mammifères marins à l'échelle nationale, ce nouveau modèle fournit un cadre qui peut intégrer la stochasticité environnementale comme facteur influençant la dynamique des populations, ce qui répond à une demande des partenaires de cogestion. L'objectif de ce document est de présenter la structure du modèle intégré de population nouvellement élaborée pour le béluga BEL-EBH, puis de comparer les tendances démographiques modélisées et les estimations de l'abondance à celles du modèle de production excédentaire utilisé dans les évaluations précédentes (p. ex. Hammill *et al.* 2023b).

MATÉRIEL ET MÉTHODES

La section relative aux méthodes est divisée en quatre sous-sections qui portent respectivement sur le cycle vital du béluga, les différentes sources de données qui sont utilisées pour alimenter le modèle de population, la structure du modèle et, enfin, les méthodes utilisées pour la validation et l'ajustement du modèle, y compris la comparaison des estimations du modèle avec celles du modèle de production excédentaire du stock de bélugas BEL-EBH.

CYCLE VITAL DU BÉLUGA

Les femelles bélugas atteignent la maturité sexuelle entre l'âge de 8 et 14 ans (Sergeant 1973; Doidge 1990; Ferguson *et al.* 2020). Le moment de l'accouplement et de la mise bas varie d'une population à l'autre, mais l'accouplement a généralement lieu à la fin de l'hiver et au printemps, tandis que la mise bas a lieu en été. On pense que les bélugas de l'est de la baie d'Hudson s'accouplent au début du mois de mai. Les naissances ont lieu l'année suivante, de la fin mai au mois d'août, avec un pic en juin (Doidge 1990). Les femelles donnent naissance à un seul petit après une durée de gestation d'environ 12,8 à 15 mois (Doidge 1990; Matthews et Ferguson 2015). La lactation dure généralement environ deux ans (Doidge 1990; Matthews et Ferguson 2015), de sorte que l'intervalle entre les naissances (en supposant que le veau survive) est d'environ trois ans (Doidge 1990; Matthews et Ferguson 2015). Cependant, si le veau meurt, la femelle peut redevenir gestante, ce qui réduit le cycle de reproduction à deux ans (Mosnier *et al.* 2015). Les bélugas naissent avec une coloration gris foncé ou brune et acquièrent graduellement une coloration blanche entre l'âge de 10 et 20 ans (COSEPAC 2020). Leur longévité se situe entre 45 et 89 ans (McAlpine *et al.* 1999; Lesage *et al.* 2014; Hobbs *et al.* 2015; Ferguson *et al.* 2020). Le béluga est l'une des rares espèces dont les femelles montrent une vie post-reproductive (Ellis *et al.* 2018). Cependant, il existe une variabilité quant à l'âge de la sénescence reproductive, qui peut être dès 35 à 50 ans, bien que des femelles gestantes âgées de 60 à 70 ans aient été observées (Burns et Seaman 1986; Ellis *et al.* 2018; Ferguson *et al.* 2020).

SOURCES DE DONNÉES

Le modèle intégré de population s'appuie sur six sources de données :

1. Abondance d'après les relevés aériens
2. Taux de gestation
3. Taux de récolte
4. Composition génétique de la récolte
5. Structure d'âge et de sexe dans la récolte
6. Proportion de femelles adultes en lactation dans la récolte

Abondance d'après les relevés aériens

L'abondance du béluga dans l'est de la baie d'Hudson est estimée à partir de relevés visuels aériens systématiques par transects linéaires. Ces relevés sont effectués par avion, de la côte est de la baie d'Hudson jusqu'à 60 km à l'ouest des îles Belcher, et sont donc considérés comme un inventaire des populations BEL et EBH (c'est-à-dire du stock BEL-EBH) sur toute l'étendue de leur aire de répartition estivale. Au total, huit relevés estivaux ont été effectués depuis 1985 (1985, 1993, 2001, 2004, 2008, 2011, 2015 et 2021), comme le résument les travaux de St-Pierre *et al.* (2024). Voir le tableau 1 pour connaître les estimations des relevés et les incertitudes connexes.

Taux de gestation

Les taux de gestation annuels ont été estimés en quantifiant les taux de progestérone dans des échantillons de graisse prélevés sur 118 bélugas adultes femelles (c.-à-d. âgés de plus de huit ans, l'âge étant déterminé à partir d'analyses dentaires; Doidge 1990; Heide-Jørgensen et Teilmann 1994) récoltées le long de la côte du Nunavik de 2010 à 2022. En bref, les femelles gestantes ont un taux de progestérone plus élevé que les femelles au repos et allaitantes

(Goertz *et al.* 2019). Le taux de progestérone peut rester élevé pendant un certain temps après la mise bas (Renaud *et al.* 2023). De plus, comme la gestation s'étend sur plus d'un an, des bélugas femelles en début et en fin de gestation sont présentes pendant l'été. Afin d'éviter de surestimer les taux de gestation annuels et de classer à tort les femelles ayant mis bas comme étant gestantes, nous n'avons pris en compte que les échantillons prélevés entre les mois d'octobre et d'avril. L'extraction et la quantification de la progestérone dans la graisse ont suivi les méthodes décrites dans Renaud *et al.* (2023). Un taux de progestérone de 100 ng/g de tissu a été utilisé comme seuil pour présumer la gestation, une méthode qui a été associée dans le passé à un taux d'erreur de classification de 6 % (Renaud *et al.* 2023). Les femelles présumées gestantes et non gestantes ont été additionnées séparément pour chaque année. La taille des échantillons pour les taux de reproduction annuels variait entre 2 et 30 (tableau 2).

Taux de récolte

Des données sur la récolte ont été recueillies chaque année auprès de chaque communauté par l'intermédiaire d'un réseau de gardiens locaux au Nunavik (1974 à 2023) et par l'intermédiaire de la Sanikiluaq Hunters and Trappers Association (1977 à 2023), puis ont été combinées pour obtenir le taux de récolte pour les zones de gestion où le béluga du stock BEL-EBH est chassé : Sanikiluaq (SAN), l'est de la baie d'Hudson, y compris la zone pilote de Kuujjuarapik et la zone de fermeture volontaire du nord-est de la baie d'Hudson (appelée arc), le nord-est de la baie d'Hudson, à l'exception de la zone de fermeture volontaire, le détroit d'Hudson et la baie d'Ungava (figure 2; tableau 3). Pour Sanikiluaq, la récolte non estivale a été divisée en différentes périodes : le printemps (du 1^{er} avril au 30 juin), l'automne (du 1^{er} septembre au 30 novembre) et l'hiver (du 1^{er} décembre au 31 mars). Avant 2023, la récolte totale annuelle de Sanikiluaq a été divisée par saison en fonction de la proportion relative de tous les échantillons génétiques prélevés au cours de chaque saison. En 2023, le taux de récolte de Sanikiluaq était disponible pour chaque mois, ce qui a permis de compiler directement les chiffres par saison. Pour le détroit d'Hudson, le nord-est de la baie d'Hudson et la baie d'Ungava, les prises ont été attribuées aux périodes de migration printanière (du 1^{er} février au 31 août) et automnale (du 1^{er} septembre au 31 janvier). Seules les prises annuelles totales étaient disponibles pour le détroit d'Hudson jusqu'en 2008, tandis que des chiffres par saison (printemps ou automne) sont disponibles depuis 2009. Nous avons rétrocyclé la proportion des prises effectuées au printemps par rapport à celles de l'automne pour la période allant de 1974 à 2008 en utilisant les proportions globales propres à la saison de la période allant de 2009 à 2023.

Composition génétique de la récolte

Les zones de Sanikiluaq et de l'arc combinées correspondent aux aires d'estivage des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson. Par conséquent, tous les bélugas récoltés dans ces zones sont définis comme des bélugas du stock BEL-EBH. En revanche, les zones du nord-est de la baie d'Hudson, du détroit d'Hudson et de la baie d'Ungava sont situées le long de la voie migratoire et des aires d'hivernage du stock BEL-EBH, qui sont également partagées avec d'autres stocks de bélugas. Les prises dans ces zones représentent donc un mélange de bélugas appartenant à divers stocks. Des échantillons de tissu datant de 1982 à 2021 ont été haplotypés pour la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (Parent *et al.* 2023). Des échantillons prélevés pendant l'été (juillet et août) dans les zones de Sanikiluaq et de l'arc ont été utilisés comme groupe de référence pour la composition de l'haplotype du béluga BEL-EBH, qui a été introduit comme intrant pour une analyse du mélange génétique (AMG), afin d'évaluer la proportion de bélugas BEL-EBH pendant d'autres saisons et dans d'autres zones de gestion (Parent *et al.* 2023; tableau 4).

La taille de l'échantillon était insuffisante ($n < 10$) pour estimer la proportion de bélugas BEL-EBH provenant des prises effectuées dans le nord-est de la baie d'Hudson au printemps et dans la baie d'Ungava à l'automne. Pour ces récoltes, nous avons calculé une contribution proportionnelle des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson en fonction des estimations de l'automne et du printemps de la baie d'Hudson, respectivement. De plus, le taux de récolte à Sanikiluaq n'était disponible que sur une base annuelle jusqu'en 2022, mais la proportion des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson est évaluée pour chaque saison. Les taux de récolte ont donc été séparés par saison en fonction de la proportion relative des échantillons génétiques correspondant à chaque saison. Nous avons calculé la proportion des prises printanières et automnales pendant la période allant de 2009 à 2023 pour recalculer le taux de récolte par saison pendant la période allant de 1974 à 2008. Enfin, en utilisant les nombreux échantillons prélevés dans le détroit d'Hudson au cours de la série chronologique, Parent *et al.* (2023) ont constaté que la proportion de bélugas du stock BEL-EBH chassés dans la baie d'Hudson à l'automne diminue après la deuxième semaine de novembre. Par conséquent, nous avons divisé la saison d'automne en deux périodes, le « début de l'automne » (du 1^{er} septembre au 20 novembre) et la « fin de l'automne » (du 21 novembre au 31 janvier) à partir de 2018, moment auquel des rapports hebdomadaires sur les prises ont commencé à être disponibles, afin d'en tenir compte (tableau 4). Nous avons utilisé à la fois les estimations moyennes de la représentation proportionnelle du béluga BEL-EBH et les incertitudes connexes (variance de l'estimateur) pour calculer la mortalité lors des prises de béluga BEL-EBH dans notre modèle, tel qu'il est décrit ci-dessous.

Structure d'âge et de sexe dans la récolte

Pour une proportion de bélugas récoltés entre 1980 et 2023 (66 %; 2 203 sur 3 327), des renseignements sur le sexe et l'âge étaient disponibles. L'âge a été déterminé à partir d'une analyse dentaire comme dans Lesage *et al.* (2014) et a été utilisé pour déterminer la structure selon l'âge de l'échantillon de bélugas capturés (figure 3).

Proportion de femelles en lactation dans la récolte

Le plan de gestion du béluga du Nunavik et le *Règlement sur les mammifères marins* stipulent qu'il est interdit de chasser un veau de béluga (de couleur foncée) ou un béluga adulte accompagné d'un veau. Par conséquent, on s'attend à un biais en faveur des femelles non lactantes dans la récolte, et le modèle intégré de population tient compte de l'évitemenent des femelles qui allaitent. Pour orienter le modèle relativement à ce facteur d'évitement, nous avons utilisé des données recueillies sur un sous-ensemble de femelles bélugas blanches et grises pâle récoltées à Quaqtaq en 2023 ($n = 21$) et en 2024 ($n = 17$), et nécropsiées par le personnel du MPO. Pour chaque femelle récoltée, le statut de lactation a été évalué par une inspection visuelle des glandes mammaires et la détection de lait dans les glandes. En 2023 et 2024, trois (18 %) et deux (10 %) des femelles nécropsiées étaient en lactation, respectivement.

ÉLABORATION DU MODÈLE

Nous avons utilisé un modèle intégré de population bayésien qui intègre de multiples sources de données pour estimer l'abondance de la population du stock BEL-EBH. Le modèle intégré de population comprend trois parties :

1. Modèle de processus
2. Modèle de données
3. Ajustement du modèle

Le modèle de processus est une série d'équations qui décrivent les transitions démographiques et qui, une fois résolues, estimate la dynamique de l'abondance de la population en fonction des valeurs des paramètres d'entrée. Le modèle de données décrit comment les jeux de données empiriques sont liés à la dynamique prédictive du modèle de processus. La partie sur l'ajustement du modèle décrit comment les paramètres d'entrée sont estimés. Par convention, les vecteurs et les matrices sont présentés en caractères gras et le symbole \odot représente la multiplication vectorielle élément par élément.

Modèle de processus

Nous avons utilisé un modèle de population à états multiples, tel que formulé par Caswell *et al.* (2018) et Roth et Caswell (2016). Dans cette formulation, les individus sont classés selon deux dimensions ou plus simultanément. Pour le béluga, nous avons caractérisé les individus selon deux dimensions distinctes : la classe d'âge (i) et une combinaison du sexe et de l'état reproducteur (ci-après appelé « état »; j).

$$\text{Dimension 1, } i, \in \{1, \dots, w\}$$

$$\text{Dimension 2, } j, \in \{1, \dots, b\}$$

Nous avons tenu compte de 61 classes d'âge ($w = 61$). Chaque classe d'âge était d'une durée d'un an, sauf la dernière qui était ouverte et comprenait les individus âgés de 60 ans ou plus, âge à partir duquel la gestation est rarement observée (Suydam 2009).

Nous avons pris en compte quatre états ($b = 4$) :

1. mâles (M),
2. femelles non reproductrices (A),
3. femelles gestantes (P) et
4. femelles avec un veau (W).

Le modèle inclut les mâles dans sa formulation en tant qu'état unique et distinct pour tenir compte des différences de survie propres au sexe. Le modèle suit l'abondance des mâles au fil du temps, mais les mâles ne sont pas séparés en fonction de leur état reproducteur. En revanche, les femelles sont séparées en trois états reproducteurs, selon la classification de Mosnier *et al.* (2015), afin de tenir compte des contraintes différentielles potentielles agissant sur les femelles à différents stades de leur cycle vital. Les femelles non reproductrices (A) comprennent les femelles immatures et les femelles adultes qui ne sont pas gestantes ou qui sont accompagnées d'un veau. Les femelles ne peuvent atteindre les états P et W qu'à l'âge minimum de 8 et 9 ans, respectivement. Des transitions entre les états se produisent au cours d'un intervalle d'un an, c'est-à-dire entre les périodes de recensement à des moments t et $t + 1$. Le moment du recensement est fixé au moment des relevés aériens, c'est-à-dire à la fin de l'été, d'où la prise en compte par le modèle d'un recensement post-reproduction. Par

conséquent, au moment du recensement, les jeunes de l'année sont nés et seules les femelles gestantes précoces sont présentes. Les transitions entre les états et les fécondités (c.-à-d. la production de nouveaux individus) sont présentées à la figure 4.

Le vecteur \tilde{n} contient le nombre d'individus de chaque combinaison de classe d'âge i et d'état j . Le vecteur \tilde{n} est de longueur k , avec $k = w \times b$. La matrice multi-états \tilde{A} projette le vecteur de population \tilde{n} dans le futur, du moment t au moment $t + 1$, tout en conservant la même structure,

$$\tilde{n}(t+1) = \tilde{A}(t)\tilde{n}(t) \quad (1)$$

L'élaboration de la matrice de projection multi-états repose sur la séparation des processus (c.-à-d. les transitions d'individus vivants et la production de jeunes par la reproduction) qui se produisent dans les différentes dimensions (c.-à-d. l'âge et l'état). Les transitions annuelles sont fonction des taux de survie propres à l'âge et à l'état et, pour les femelles, de la probabilité d'être gestantes selon l'âge. Plus de détails sur l'élaboration de la matrice de projection multi-états sont présentés à l'annexe 1. En bref, nous avons examiné quatre ensembles de matrices (deux processus se produisant selon deux dimensions) :

1. la progression en âge (matrices U),
2. les transitions d'état (matrices B),
3. la reproduction (matrices R) et
4. l'attribution du sexe de la progéniture (matrices F).

Premièrement, les matrices U_j sont élaborées pour chaque état j à chaque intervalle t . Elles contiennent des probabilités de survie propres à l'âge et à l'état (S) sur la sous-diagonale.

$$U_j(t) = \begin{pmatrix} 0 & \dots & 0 & 0 & 0 \\ S_{1j}(t) \times SW & \dots & 0 & 0 & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & \dots & S_{w-2j}(t) & 0 & 0 \\ 0 & \dots & 0 & S_{w-1j}(t) & S_{wj}(t) \end{pmatrix} \quad (2)$$

Il convient de souligner que les bélugas atteignent la maturité sexuelle à l'âge de 8 ans. Par conséquent, comme la classe d'âge 1 est composée de jeunes d'âge 0, les femelles ne peuvent atteindre l'état P (femelle gestante) qu'à partir de la classe d'âge 9 (qui correspond à l'âge de 8 ans). L'état W (femelle avec un veau) ne peut alors être atteint qu'à partir de la classe d'âge 10. Par conséquent, le paramètre S a été défini comme étant 0 pour l'état P des classes d'âge 1 à 8 et pour l'état W des classes d'âge 1 à 9.

Les bélugas sont sevrés après un ou deux ans de lactation (Matthews et Ferguson 2015). Tandis que les veaux dépendent principalement de la lactation pendant leur première année, la plupart des bélugas consomment un mélange de lait et d'aliments solides au cours de leur deuxième année de vie, et un tiers des veaux sont complètement sevrés après leur première année. Cela laisse entendre que les bélugas peuvent dépendre entièrement de l'approvisionnement maternel au cours de leur première année de vie, mais peuvent devenir indépendants au cours de la deuxième année. Nous avons donc supposé que la survie des veaux (d'âge 0, ce qui correspond à la classe d'âge 1) jusqu'à l'année suivante dépendait de la survie de leur mère (SW). Le paramètre SW a été estimé comme la survie moyenne pondérée des femelles à l'état W, le poids correspondant à la proportion estimée de femelles à l'état W dans chaque catégorie d'âge durant l'année en cours.

Deuxièmement, les matrices \mathbf{B}_i sont élaborées pour chaque classe d'âge i à chaque intervalle t . Elles contiennent les probabilités de transition selon l'âge entre les quatre états (M, A, P et W), j , sachant que cette probabilité est nulle pour les mâles. Pour les femelles, ces probabilités dépendent du taux de gestation (Pr_i) et de la mortalité néonatale (S_n), car les femelles gestantes au moment t peuvent être de nouveau gestantes au moment $t + 1$ si elles perdent leur petit dans l'intervalle.

$$\mathbf{B}_i(t) = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 - Pr_i(t) & 1 - S_n(t) & 1 \\ 0 & Pr_i(t) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & S_n(t) & 0 \end{pmatrix} \quad (3)$$

Il convient de souligner que pour i dans $1 - 8$, Pr_i a été mis à zéro.

Troisièmement, les matrices \mathbf{R}_j sont élaborées pour chaque état j à chaque intervalle t . Elles contiennent les probabilités propres à l'état de produire un individu de la première classe d'âge, c'est-à-dire des veaux. Seules les femelles gestantes ($j = P$) peuvent produire des veaux. Par conséquent, \mathbf{R}_j pour $j \in (M, A, W)$ sont des matrices nulles. Dans la matrice \mathbf{R} des femelles gestantes, les femelles peuvent donner naissance à un veau au moment t et atteindre l'état W au moment $t + 1$, à condition qu'elles survivent (S) et que leur veau survive (S_n) jusqu'au recensement de la population.

$$\mathbf{R}_j(t) = \begin{pmatrix} S_{1,3}(t) \times S_n(t) & S_{2,3}(t) \times S_n(t) & \dots & S_{w,3}(t) \times S_n(t) \\ 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & 0 \end{pmatrix} \quad (4)$$

Quatrièmement, les matrices \mathbf{F}_i attribuent les veaux nouvellement née aux états M ou A :

$$\mathbf{F}_i = \begin{pmatrix} 0 & 0 & \tau & 0 \\ 0 & 0 & 1 - \tau & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (5)$$

τ représentant la probabilité qu'un veau nouvellement née soit un mâle. Nous avons supposé que le sex-ratio était égal à la naissance : τ est donc établi à 0,5.

Les matrices \mathbf{U} , \mathbf{B} , \mathbf{R} et \mathbf{F} sont combinées en blocs matriciels, puis multipliées entre elles pour produire une matrice de projection multi-états d'âge \times état (Roth et Caswell 2016; Caswell *et al.* 2018). Voir l'annexe 1 pour plus de détails sur la construction de la matrice de projection multi-états et la figure A1 pour une représentation visuelle de la matrice.

La survie en tant que risques concurrents

La survie a été calculée en termes de risques instantanés, selon Tinker *et al.* (2024). Dans ce cadre, la mortalité est le résultat de multiples risques concurrents (Λ). Chaque risque représente une source additive distincte de mortalité instantanée. Nous avons examiné deux sources de mortalité additive : 1) la mortalité naturelle ou environnementale (ci-après appelée risques de base, Λ_B); 2) la mortalité liée à la chasse (ci-après appelée risques liés à la chasse, Λ_H). Les risques sont présentés sous leur forme logarithmique, car cela permet d'inclure des variables prédictives sous forme de simples fonctions linéaires additives. Les taux de survie sont alors donnés par la fonction exponentielle de la somme négative de tous les risques instantanés. Chacune source de risque est détaillée ci-après.

Risques de base

Les risques de base propres à l'âge (Λ_B) sont calculés pour chaque état (j) à chaque intervalle (t) comme suit :

$$\log(\Lambda_{Bj}(t)) = \zeta + \gamma_0 + \gamma_1 \cdot \Delta_j + \gamma_2 \cdot \Omega_j + \gamma_3 \cdot \Gamma_j + \Delta_j \cdot \left[\phi \cdot \left(\frac{N(t)}{1000} \right) + \sigma_e \cdot \epsilon_e(t) \right] \quad (6)$$

Le paramètre ζ est un taux de risque logarithmique minimal fixé à une valeur arbitrairement faible (ici $\zeta = -10$, ce qui correspond à un taux de survie annuel $> 0,9999$). L'inclusion de ce paramètre permet d'interpréter tous les autres termes comme des ratios de risque logarithmique par rapport à ce minimum. Le paramètre γ_0 correspond à la mortalité de base des adultes. Les risques différentiels au début et à la fin de la vie sont capturés par les termes $\gamma_1 \cdot \Delta_j$ et $\gamma_2 \cdot \Omega_j$, respectivement. Les paramètres γ_1 et γ_2 correspondent aux effets des risques précoce et tardifs, respectivement, tandis que Δ_j et Ω_j sont des vecteurs modificateurs de l'âge de longueur w . Les vecteurs modificateurs de l'âge sont les mêmes pour toutes les valeurs de j et sont décrits plus en détail ci-dessous dans les équations 7 à 9.

Nous avons tenu compte des différences potentielles selon le sexe dans les taux de survie des adultes (Tinker *et al.* 2024) en intégrant le paramètre γ_3 , qui correspond au ratio de risque logarithmique pour les mâles adultes par rapport aux femelles adultes. Le paramètre γ_3 ne s'applique qu'aux mâles adultes, ce qui est assuré par le vecteur Γ_j qui pour $j \in \{A, P, W\}$ a des zéros dans toutes les entrées et pour $j = M$ a la valeur de un dans les entrées correspondant aux adultes et des zéros ailleurs.

Nous avons estimé l'ampleur des effets dépendants de la densité sur la mortalité à l'aide d'un paramètre ϕ , qui a été multiplié par la taille de la population en milliers, $N(t)/1000$. Nous avons tenu compte de la stochasticité environnementale en intégrant l'effet aléatoire $\sigma_e \cdot \epsilon_e(t)$, où σ_e représente l'ampleur de la stochasticité environnementale et $\epsilon_e(t)$ est une variable aléatoire normale avec variance unitaire. Les effets dépendants de la densité et la stochasticité environnementale sont plus susceptibles d'avoir une incidence sur la survie des groupes d'âge inférieurs (Eberhardt 2002; Lair *et al.* 2015). Par conséquent, nous avons mis ces effets à l'échelle en fonction de l'âge en les multipliant par un vecteur modificateur de l'âge, Δ_j , ce qui augmente les risques pour les individus plus jeunes :

$$\Delta_j = \frac{\widehat{\Delta}_j - \min(\widehat{\Delta}_j)}{\max(\widehat{\Delta}_j) - \min(\widehat{\Delta}_j)} \quad (7)$$

$$\text{et } \widehat{\Delta}_j = e^{\delta \cdot \log\left(\frac{1}{v_j}\right)} \quad (8)$$

Le vecteur modificateur de l'âge Ω_j , qui augmente les risques pour les individus les plus âgés, a été calculé comme suit :

$$\Omega_j = \frac{v_j^{\omega+1}}{\max(v_j)^{\omega+1}} \quad (9)$$

Dans les équations 8 et 9, le vecteur v_j est le vecteur des classes d'âge de longueur w , tandis que les paramètres δ et ω déterminent le degré de non-linéarité dans les formes fonctionnelles de Δ_j et Ω_j .

Risques liés à la chasse

La mortalité liée à la chasse a été incluse comme un risque distinct, Λ_H , pour chaque état j et chaque année t , comme suit :

$$\log(\Lambda_{Hj}(t)) = \zeta + \gamma_H + \sigma_H \cdot \epsilon_H(t) + \log(\theta_j) \quad (10)$$

Dans l'équation 10, ζ correspond au risque logarithmique minimal, tel que défini dans l'équation 6. Le paramètre γ_H est le ratio de risque logarithmique moyen associé à la mortalité liée à la chasse. Le paramètre σ_H est l'ampleur de la variation des risques liés à la chasse et $\epsilon_H(t)$ est un effet aléatoire (distribution normale avec une variance unitaire) qui tient compte des fluctuations annuelles des risques liés à la chasse.

La répartition selon l'âge des individus chassés et échantillonnés présente une sous-représentation notable des classes d'âge inférieures (figure 3). Cela peut être attribué au fait que les chasseurs évitent activement les veaux et les juvéniles, comme l'exigent le *Règlement sur les mammifères marins* (DORS/93-56) et le plan de gestion du béluga du Nunavik, et au fait que les gros animaux fournissent plus de nourriture (Anguvigaq et Anguvigarait, *comm. pers.*). Nous avons tenu compte de ce biais d'âge dans la récolte en multipliant la fonction du risque lié à la chasse par le vecteur modificateur de l'âge θ , ce qui augmente l'intensité du risque de mortalité due à la chasse à mesure que les individus vieillissent. Le paramètre θ est de longueur w , varie de 0 à 1 et a été calculé comme suit :

$$\theta_j = \frac{1}{1 + e^{-(\psi_1 + \psi_2 \cdot v_j)}} \quad (11)$$

où ψ_1 et ψ_2 sont des paramètres à estimer par le modèle et caractérisent la relation fonctionnelle entre l'âge et les risques liés à la chasse.

Taux de survie

Pour les mâles, les femelles non reproductrices et les femelles gestantes (c.-à-d $j \in \{M, A, P\}$), les risques ont été rétro-transformés en un vecteur de taux de survie variant selon l'âge à chaque intervalle t comme suit :

$$S_j(t) = e^{-(\Lambda_{Bj}(t) + \Lambda_{Hj}(t))} \quad (12.1)$$

Nous soulignons que le taux de survie des veaux la première année a été modifié davantage pour tenir compte du taux de survie des mères, comme le montre l'équation 2. Pour tenir compte de l'évitement potentiel des femelles avec des veaux par les chasseurs, les risques liés à la chasse ont été multipliés par un facteur de biais, ξ , qui représente la réduction proportionnelle des risques liés à la chasse pour l'état W par rapport aux autres états, comme suit :

$$S_W(t) = e^{-(\Lambda_{BW}(t) + \Lambda_{HW}(t) \cdot \xi)} \quad (12.2)$$

Les femelles gestantes au moment t mettent bas pendant l'été, tandis que les recensements ont lieu à la fin de l'été. Si une femelle perd son veau dans l'intervalle entre la naissance et le

recensement, la femelle pourrait être comptabilisée à l'état A au moment du recensement. Par conséquent, nous avons également calculé la survie des nouveau-nés S_n comme une fraction du taux de survie des mâles d'un an chaque année t :

$$S_n(t) = S_{11}(t)^{0.1} \quad (13)$$

Taux de gestation

Les femelles non reproductrices ($j = A$) peuvent devenir gestantes entre l'année t et l'année $t + 1$, si elles ont survécu et en fonction de leur probabilité de gestation, Pr . Nous avons utilisé la même approche que pour les risques pour modéliser la probabilité que les femelles deviennent gestantes, mais ici les « risques » (Λ_{Pr}) correspondent à la probabilité instantanée de ne pas devenir gestantes. Λ_{Pr} a été calculé ainsi :

$$\log(\Lambda_{Pr}(t)) = \eta + \rho \cdot \phi \cdot \left(\frac{N(t)}{1000} + \sigma_e \cdot \epsilon_e(t) \right) \quad (14)$$

et

$$Pr(t) = e^{-\Lambda_{Pr}(t)} \cdot \Upsilon \quad (15)$$

où Υ est un vecteur modificateur de l'âge de longueur w qui tient compte des facteurs de variation de l'âge dans les taux de gestation, comme l'absence d'activité reproductrice avant l'âge de 8 ans ($\Upsilon_{1-7} = 0$) et une diminution des taux de gestation avec l'âge (c.-à-d. la sénescence). L'équation 14 comprend les risques de gestation de base (h) et les effets de la dépendance à la densité et de la stochasticité environnementale, présumés proportionnels aux effets dépendant de la densité et stochastiques décrits pour la survie des juvéniles (équation 6), mais mis à l'échelle par le paramètre r .

MODÈLE DE DONNÉES

Le modèle de processus a été ajusté aux différentes sources de données, c'est-à-dire aux estimations de l'abondance, aux taux de récolte, ainsi qu'à la composition génétique et démographique (structure selon l'âge et le sexe, et proportion de femelles adultes allaitantes). Nous avons défini des relations probabilistes entre chaque ensemble de données et les prédictions correspondantes produites par le modèle de processus.

Les distributions de l'incertitude associées aux estimations des relevés suivaient une distribution log-normale. Nous avons donc relié les estimations ponctuelles observées à partir de relevés aériens ($ObsS(t)$) aux valeurs d'abondance estimées par le modèle ($N(t)$) à l'aide d'une distribution log-normale :

$$ObsS(t) \sim \text{log-normal} \left(\mu = \log \left(\frac{N(t)^2}{\sqrt{N(t)^2 + SE(t)^2}} \right), \sigma = \sqrt{\log \left(1 + \frac{SE(t)^2}{N(t)^2} \right)} \right) \quad (16)$$

où $SE(t)$ représente l'estimation de l'erreur-type calculée séparément pour chaque relevé aérien (St-Pierre et al. 2024).

La proportion observée de femelles gestantes dans l'échantillon de récolte au moment t ($NPr(t)$) était liée à la proportion attendue de femelles chassées qui sont gestantes ($PPr(t)$) à l'aide d'une distribution bêta-binomiale :

$$NPr(t) \sim \text{bêtabinomial}(NAF(t) | \alpha, \beta) \quad (17)$$

où

$$\alpha = v_{Pr} \cdot Prop_{BE}(t)^2 \cdot PPr(t) \quad (18)$$

et

$$\beta = v_{Pr} \cdot Prop_{BE}(t)^2 \cdot (1 - PPr(t)) \quad (19)$$

où $NAF(t)$ est le nombre observé de femelles adultes échantillonnées, v_{Pr} est la précision des proportions des taux de gestation et $Prop_{BE}(t)$ est la proportion de l'échantillon estimée à partir du stock BEL-EBH. La précision obtenue de l'équation 17 est donc censée dépendre de la proportion de l'échantillon composé d'animaux du stock BEL-EBH : plus cette fraction est élevée, plus nous nous attendons à ce que les taux de gestation observés reflètent les taux de gestation estimés par modèle pour le stock BEL-EBH. $Prop_{BE}(t)$ est calculé ainsi :

$$Prop_{BE}(t) = \sum (P_H(t) \odot P_{BE}(t)) \quad (20)$$

où $P_H(t)$ représente la proportion annuelle des prises totales par zone/saison de chasse et $P_{BE}(t)$ représente la proportion génétiquement déterminée d'individus attribués au stock BEL-EBH par zone/saison de chasse pour chaque année. Pour tenir compte de l'incertitude des estimations de la composition génétique, $P_{BE}(t)$ est traité comme un paramètre estimé tiré d'une distribution bêta avec une moyenne et une variance correspondant aux valeurs moyennes et aux variances de l'estimateur rapportées dans Parent *et al.* (2023).

On suppose que le nombre total d'animaux récoltés au Nunavik et à Sanikiluaq chaque année t , $HarvO(t)$, suit une distribution de Poisson avec une moyenne attendue correspondant à l'estimation fondée sur le modèle du nombre total de bélugas récoltés chaque année ($HarvE(t)$) :

$$HarvO(t) \sim \text{Poisson}(HarvE(t)) \quad (21)$$

avec

$$HarvE(t) = \sum \left(\tilde{\mathbf{d}}(t) \odot \left(\frac{\Lambda_H(t)}{\Lambda_H(t) + \Lambda_B(t)} \right) \right) \cdot \frac{Q}{Prop_{BE}(t)} \quad (22)$$

et

$$\tilde{\mathbf{d}}(t) = \tilde{\mathbf{M}}(t) \cdot \tilde{\mathbf{n}}(t-1) \quad (23)$$

Plus précisément, nous avons multiplié le vecteur de population de l'année $t-1$, $\tilde{\mathbf{n}}(t-1)$, par une matrice de mortalité, $\tilde{\mathbf{M}}(t)$, de la même dimension que la matrice $\tilde{\mathbf{A}}$ ($w \times b$ par $w \times b$). La matrice $\tilde{\mathbf{M}}(t)$ ne contient que les probabilités de mortalité de tous risques combinés pour l'année t sur la diagonale, de sorte que sa multiplication par le vecteur $\tilde{\mathbf{n}}(t-1)$ donne le

vecteur de bélugas morts au cours de l'année t , $\tilde{\mathbf{d}}(t)$. Pour obtenir le nombre de mortalités liés à la chasse ($HarvE(t)$), nous avons multiplié ce vecteur par la proportion de risques associés à la chasse par rapport à toutes les sources de risque. Ici, les vecteurs Λ_B et Λ_H contiennent les risques de base et liés à la chasse classés pour les états M, A, P et W, de sorte que leurs longueurs respectives sont de $w \times b = 240$. Cela donne la mortalité totale attribuée à la chasse. Elle est ensuite multipliée par Q , qui est l'inverse de la proportion de bélugas abattus, puis perdus (SnL), pour obtenir le nombre de bélugas BEL-EBH qui ont été débarqués et déclarés. SnL est la proportion d'animaux tués à la suite de la chasse, mais qui ont été perdus ou non déclarés. Ensuite, pour mettre en relation ce nombre avec le nombre total de bélugas capturés au Nunavik et à Sanikiluaq, nous l'avons divisé par la proportion estimée des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson ($Prop_{BE}(t)$) dans les prises (équation 20).

La répartition selon l'âge observée dans l'échantillon d'animaux capturés ($AgeO(t)$) a été mise en relation avec le vecteur d'âge chez les animaux morts ($AgeE(t)$) à l'aide d'une fonction Dirichlet-multinomiale :

$$AgeO(t) \sim Dirichlet - multinomiale \left(\alpha = v_{Ag} \cdot Prop_{BE}(t)^2 \cdot AgeE(t) \right) \quad (24)$$

Nous soulignons que le paramètre de précision v_{Ag} est mis à l'échelle selon la proportion estimée des individus BEL-EBH dans la récolte ($Prop_{BE}(t)$), selon le même raisonnement que celui décrit pour les taux de gestation. Le vecteur $AgeE(t)$ a été calculé comme suit :

$$AgeE(t) = \tilde{\mathbf{d}}(t) / \sum \tilde{\mathbf{d}}(t) \quad (25)$$

La proportion de femelles lactantes dans l'échantillon de bélugas chassés au moment t ($N_lac(t)$) a été mise en relation avec la proportion attendue de femelles chassées lactantes au moment t ($P_lac(t)$), comme suit :

$$N_lac(t) \sim bêtabinomial(N_AFL(t) \alpha \beta) \quad (26)$$

avec

$$\alpha = v_{Pr} Prop_{BE}(t)^2 \cdot P_lac(t) \quad (27)$$

et

$$\beta = v_{Pr} Prop_{BE}(t)^2 \cdot (1 - P_lac(t)) \quad (28)$$

où $NAFL(t)$ est le nombre observé de femelles adultes examinées afin de déceler des signes d'allaitement au moment t , v_{Pr} est la précision des proportions de taux de gestation et $Prop_{BE}(t)$ est la proportion estimée de l'échantillon du stock BEL-EBH au moment t . Nous soulignons que $P_lac(t)$ représente les femelles récoltées avec des veaux âgés de 0 à 1 an (puisque les veaux d'un an dépendants de leur mère devraient encore être allaités). Nous avons donc calculé $P_lac(t)$, le nombre de femelles récoltées avec des nouveau-nés (W) au cours de l'année t , plus le nombre de femelles disponibles récoltées (A) qui étaient des femelles W au cours de l'année $t-1$ (selon la probabilité conjointe de survie des femelles et des veaux), divisé par le nombre total de femelles adultes récoltées.

A PRIORI

Nous avons utilisé des a priori non informatifs pour la plupart des paramètres, à l'exception de ρ et SnL . Pour ρ , qui décrit les effets relatifs de la dépendance à la densité sur la gestation, nous avons utilisé un a priori informatif fondé sur la population de bélugas de l'estuaire du Saint-Laurent (Tinker *et al.* 2024). Les facteurs de correction correspondant aux individus abattus mais perdus au Nunavik sont inconnus, mais des études menées en Alaska, au Nunavut et au Groenland semblent indiquer que ces facteurs varient de 1,10 à 1,41 et varient sur le plan spatio-temporel, en fonction des pratiques de chasse, du terrain et de la saison. Par exemple, Innes et Stewart (2002) ont fait état d'un facteur de correction de 1,41 pour le Canada et le Groenland, tandis que Heide-Jørgensen et Rosing-Asvid (2002) ont fait état de facteurs de 1,10 et 1,30 pour le Groenland avant 1995 et après 1995, respectivement. Une récente étude de modélisation de la population a utilisé un facteur de correction moyen de 1,27 (Biddlecombe *et al.* 2024), que nous avons adopté ici. À l'aide de ce facteur de correction (SnL_{corr}), la proportion de bélugas récupérés et déclarés ($Q = 1/SnL_{corr}$) est de 0,79 et la proportion de bélugas abattus mais perdus ($SnL = 1 - Q$) est de 0,21. Nous avons supposé que SnL suivait une distribution bêta avec une moyenne de 0,21 et une erreur-type de 0,05 (alpha = 14,0, bêta = 51,9). Nous avons également examiné d'autres scénarios où SnL_{corr} a été réduit ou augmenté de 10 % (1,17 et 1,37) pour quantifier l'effet de ce facteur de correction sur les estimations fondées sur des modèles.

Nous avons également utilisé des a priori informatifs ou appliqué des contraintes sur certains paramètres dérivés pour faciliter la convergence et nous assurer que le modèle prédisait des résultats réalistes. Par exemple, en calculant la capacité de charge (K), nous avons appliqué la contrainte logique selon laquelle à K , le taux de croissance de la population asymptotique, λ , devrait être de 1 (population stable). Nous avons utilisé un a priori pour la valeur maximale de λ ($\lambda_{max} = \exp(R_{max})$) avec une distribution log-normale centrée à une moyenne de 1,04 ($\exp[R_{max}]$, par défaut pour les cétacés) et un écart-type de 0,008. Par conséquent, 95 % de la distribution précédente de λ_{max} se situe entre environ 1,01 et 1,07, ce qui correspond à une croissance annuelle de 1 % et de 7 %, respectivement. Voir le tableau 5 pour la liste complète des a priori et leurs valeurs correspondantes.

ANALYSE DU MODÈLE

Ajustement et validation du modèle

Le modèle a été codé et ajusté à l'aide de la version 4.4.0 du programme R (R Core Team 2024) et de la version 2.35.0 de Stan (Carpenter *et al.* 2017). Les paramètres ont été estimés à l'aide des méthodes de Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC). Nous avons visé une distribution a posteriori de 10 000 échantillons, ce qui a été obtenu en utilisant 20 chaînes avec un éclaircissement de valeur un et une phase de rodage de 300 itérations et 500 itérations d'échantillonnage par chaîne. Nous nous sommes appuyés sur une série de méthodes pour évaluer l'ajustement du modèle et en effectuer la validation. Tout d'abord, nous avons inspecté visuellement les tracés pour évaluer le niveau de mélange des chaînes et la convergence. Ensuite, nous avons vérifié la statistique de convergence de Gelman-Rubin (\hat{R}), où un \hat{R} inférieur à 1,1 indiquait un bon mélange des chaînes. Nous avons également vérifié que le nombre effectif d'échantillons (n_{eff}) n'était pas bien inférieur au nombre réel d'itérations (moins l'échauffement), ce qui indiquerait une faible efficacité d'échantillonnage de MCMC (McElreath 2020). De plus, nous avons comparé les distributions a posteriori et a priori pour tous les paramètres afin d'évaluer si et dans quelle mesure les paramètres ont été mis à jour. Nous avons effectué des vérifications prédictives postérieures pour évaluer la qualité de

l'ajustement du modèle. Plus précisément, nous avons calculé des prédictions hors échantillon des taux de récolte, de l'abondance des relevés et des taux de gestation. Ensuite, nous avons vérifié visuellement comment les valeurs prédictives correspondaient aux valeurs observées pour chaque source de données. Les valeurs P bayésiennes ont été calculées comme l'écart entre la somme des résidus de Pearson au carré pour les valeurs prédictives et observées, $0,05 < P < 0,95$ indiquant un bon ajustement aux données.

Analyses du modèle et scénarios

Nous avons utilisé ce modèle intégré de population pour estimer les taux démographiques, l'abondance de la population au cours du temps, le nombre de bélugas du stock BEL-EBH récoltés annuellement et la contribution relative de la chasse et d'autres sources à la mortalité globale. Nous avons également utilisé le modèle intégré de population pour projeter l'abondance de la population dans le temps (c.-à-d. sur 1 000 ans) en l'absence de chasse afin d'estimer la capacité de charge actuelle, K , et le taux maximal d'accroissement de la population, R_{max} . Enfin, nous avons examiné les effets des perturbations sur le facteur de correction pour les animaux abattus mais perdus, c'est-à-dire que nous avons exécuté le modèle avec trois valeurs pour S_{nl_corr} : 1) 1,17, 2) 1,27 et 3) 1,37.

Les résultats du nouveau modèle intégré de population ont ensuite été comparés aux résultats obtenus avec le modèle de production excédentaire (Hammill *et al.* 2023b; Sauvé *et al.* 2024) fondé sur les données de la chasse jusqu'en 2023. Nous avons comparé les estimations fondées sur des modèles de trois paramètres :

1. l'abondance en 2023;
2. les taux de récolte estimés au cours de la série temporelle;
3. la capacité de charge.

Dans Hammill *et al.* (2023b), une préoccupation a été soulevée quant à la possibilité que l'estimation du relevé de 2021 soit une aberration dans la série temporelle en raison de son très petit intervalle de confiance par rapport aux autres. Par conséquent, Hammill *et al.* (2023b) ont présenté deux versions du modèle, l'une avec une variance telle quelle et l'autre avec une variance augmentée, correspondant au coefficient de variation moyen observé pour le reste de la série temporelle. Ici, notre comparaison porte sur la première version du modèle, c'est-à-dire à l'aide du coefficient de variation estimé à partir des données du relevé de 2021 (St-Pierre *et al.* 2024).

RÉSULTATS

DYNAMIQUE DE POPULATION D'APRÈS LE MODÈLE INTÉGRÉ DE POPULATION

Les tracés de tous les paramètres estimés ont montré un bon mélange des 20 chaînes. \hat{R} était inférieur à 1,1 et N_{eff} était élevé pour tous les paramètres (tableau 6). Les a priori ont été mis à jour pour tous les paramètres, à l'exception de ρ , où la distribution a posteriori était similaire à la distribution a priori (informée) (figure A2). Fait intéressant, le paramètre ζ a été mis à jour et a été estimé à 0,83 (intervalle de crédibilité [ICr] à 95 %, ICr = [0,56; 0,99]), ce qui laisse croire qu'il existe une réduction proportionnelle d'environ 17 % des risques de chasse pour les femelles lactantes par rapport aux autres femelles adultes du même âge. Ce résultat semble indiquer qu'il y a un évitement de 17 % des femelles avec des veaux par les chasseurs. Les prévisions hors échantillon correspondaient bien aux observations relatives aux taux de récolte (figure A3), à l'abondance selon les relevés (figure A4) et aux taux de gestation (figure A5). La structure d'âge et de sexe des animaux récoltés estimée par le modèle correspondait bien aux

observations (figure A6). La valeur P bayésienne combinée était de 0,43 (figure A7), ce qui indique un bon ajustement aux données.

Le modèle a permis d'estimer la variation des taux démographiques selon l'âge au cours de la série temporelle. En prenant l'exemple de l'année 2023, les résultats du modèle indiquent une probabilité de survie accrue pour les mâles jusqu'à l'âge de cinq ans environ, suivie d'une lente diminution à partir de l'âge de 11 ans (figure 5A). Une tendance similaire a été estimée pour les femelles non reproductrices, avec une augmentation de la survie avec l'âge jusqu'à cinq ans, puis une diminution à partir de neuf ans (figure 5B). Après l'âge de neuf ans, les femelles non reproductrices et les femelles gestantes présentaient une baisse similaire de la survie selon l'âge (figure 5B-C). Les femelles avec un veau avaient des taux de survie plus élevés et présentaient une baisse plus lente de la survie selon l'âge que les autres femelles (figure 5D), ce qui reflète une probabilité plus faible d'être chassée selon le paramètre ξ . En effet, l'estimation du modèle de ξ était de 0,83 (ICr à 95 % = [0,55, 0,99]), ce qui indique une réduction de 17 % des risques de mortalité liée à la chasse chez les femelles en lactation par rapport aux autres femelles. La probabilité qu'une femelle adulte non reproductrice devienne gestante l'année suivante était élevée (98 %) jusqu'à l'âge de 42 ans, après quoi la probabilité de gestation diminuait rapidement avec l'âge (figure 5E).

Au cours de la série temporelle (1974-2023), le modèle a estimé plusieurs fluctuations des taux de survie, bien qu'il y ait un degré élevé d'incertitude associé aux estimations. La survie des petits et des veaux d'un an a montré des signes d'augmentation (figure 6A), bien qu'il y ait une grande incertitude quant à ces tendances. Le taux de survie des veaux variait de 0,55 (ICr à 95 % = [0,36 à 0,71]) en 1974 à 0,72 (ICr à 95 % = [0,58 à 0,82]) en 2009. La survie des jeunes d'un an variait de 0,77 (ICr à 95 % = [0,67, 0,85]) en 1974 à 0,86 (ICr à 95 % = [0,80, 0,91]) en 2023 (figure 6B). Pour les juvéniles (p. ex. de 5 ans; figure 6C), le modèle prédisait une augmentation initiale de la survie entre 1974 et 1981, puis une stabilisation à environ 0,94 (ICr à 95 % = [0,92, 0,96]) par la suite. Les tendances des probabilités de survie étaient similaires pour les mâles et les femelles adultes, le modèle semblant indiquer une augmentation entre 1980 et 1986, puis un plateau entre 1986 et 2009 environ, et enfin une légère tendance à la baisse par la suite. L'estimation de la survie à huit ans en 2023 était de 0,95 (ICr à 95 % = [0,93, 0,96]; figure 6D) pour les mâles et de 0,94 (ICr à 95 % = [0,93, 0,95]; figure 6D) pour les femelles. Au cours de la série temporelle, la probabilité qu'une femelle non reproductrice devienne gestante est demeurée stable (figure 6E), l'estimation de 2023 étant de 0,97 (ICr à 95 % = [0,71, 1,00]); cependant, il y avait de grandes incertitudes entourant ces estimations.

Nous avons estimé le nombre annuel de bélugas du stock BEL-EBH débarqués au Nunavik (appelés débarquements des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson) en multipliant les niveaux annuels de prélèvements des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson dérivés du modèle par la proportion de bélugas récupérés et déclarés (Q). Cette estimation reflète la contribution des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson aux prélèvements totaux déclarés par les chasseurs du Nunavik. Bien qu'elle soit similaire aux estimations fondées sur les rapports de chasse et à la proportion de bélugas du stock BEL-EBH provenant d'analyses génétiques (utilisées comme données d'entrée du modèle), elle est mise à jour par le modèle, qui intègre toutes les données d'entrée et tient compte de la dynamique des stocks. Les débarquements globaux estimés et les débarquements du stock BEL-EBH au Nunavik ont varié de la même façon au fil du temps, en particulier au cours de la première moitié de la série temporelle (figure 7). Le modèle a prédit les plus hauts taux de récolte pour le stock BEL-EBH au Nunavik au début de la série temporelle, suivis d'une période de récolte relativement stable. À l'échelle du Nunavik, la récolte totale a augmenté vers 2009, mais le modèle n'a pas prédit une augmentation similaire de la récolte pour le stock BEL-EBH. L'estimation pour 2023 est de 119 bélugas BEL-EBH récoltés (ICr à 95 % = [106, 135]).

Les objectifs de gestion du béluga BEL-EBH ont changé au cours de la série temporelle, et des niveaux de prélèvement compatibles avec ces objectifs de gestion sont calculés annuellement depuis 1996. Depuis, la récolte estimée du stock BEL-EBH ont été supérieurs au niveau de prélèvement compatible avec l'objectif de gestion du stock pour 26 ans sur 28. Le modèle a estimé que les débarquements annuels de bélugas BEL-EBH dépassaient le niveau de prélèvement compatible avec l'objectif de gestion du stock de 42 individus en moyenne. La contribution de la récolte à la mortalité globale était élevée tout au long de la série temporelle (figure 8), variant entre 18,9 % (ICr à 95 % = [13,0 %, 26,6 %]) en 2006 et 43,4 % (ICr à 95 % = [33,9 %, 53,7 %]) en 1980. Au cours des dernières années, la proportion de la mortalité attribuable à la récolte a atteint des niveaux jamais observés depuis les années 1970 (figure 8).

Les estimations fondées sur des modèles de l'abondance du stock BEL-EBH ont montré un déclin continu depuis les années 1970 (figure 9), l'abondance de 2023 étant estimée à 3 600 (ICr à 95 % = [3 000, 4 200], arrondi à la centaine près). Depuis 1974, le taux moyen de diminution du stock est de 1,95 % (ICr à 95 % = [1,52, 2,40]) par année, et au cours des dix dernières années (2014-2023), ce taux de déclin a atteint une moyenne de 2,24 % (ICr à 95 % = [1,20, 3,44]) par année.

Pour estimer la capacité de charge actuelle, nous avons projeté le modèle dans le temps en l'absence de mortalité liée à la chasse, en supposant que les conditions environnementales futures (par le biais du paramètre de stochasticité environnementale) sont similaires à celles observées au cours de la série chronologique. La capacité de charge a été estimée à 10 100 animaux (ICr à 95 % = [8 500, 12 200], arrondie à la centaine près). En l'absence de récolte, le taux théorique maximal d'accroissement de la population était de 3,35 % (ICr à 95 % = [2,18 %, 4,50 %]).

La variation du taux d'individus abattus mais perdus a eu une incidence sur l'ordonnée à l'origine de l'abondance de la population et a augmenté la contribution relative de la récolte à la mortalité globale (figure 10). Plus précisément, lorsque le facteur de correction des animaux abattus mais perdus est passé de 1,17 à 1,37, la contribution relative de la récolte à la mortalité globale a légèrement augmenté, passant d'une moyenne de 29 % à 31 % dans l'ensemble de la série temporelle, et l'abondance estimée de la population a également augmenté, surtout plus tôt dans la série temporelle. Par exemple, en 1974, la taille estimée de la population était de 9 000 et 9 500 (arrondie à la centaine près) en utilisant un facteur de correction des animaux abattus mais perdus de 1,17 et de 1,37, respectivement.

COMPARAISON ENTRE LE MODÈLE INTÉGRÉ DE POPULATION ET LE MODÈLE DE PRODUCTION EXCÉDENTAIRE

Comparativement au modèle de production excédentaire, le modèle de population intégré a estimé une tendance similaire entre 1974 et 2010 environ, après quoi il a prévu une diminution plus lente de la population (figure 11). Il convient de souligner en particulier les incertitudes bien moindres entourant l'abondance estimée par le modèle intégré de population. L'estimation de l'abondance du stock BEL-EBH en 2023 à l'aide du modèle de production excédentaire était de 2 600 (ICr à 95 % = [1 100; 4 200], arrondie à la centaine près). Depuis 1974, le modèle de production excédentaire a prévu que le taux médian de déclin du stock était de 2,38 % (ICr à 95 % = [0,06, 4,90] contre 1,95 avec ICr à 95 % = [1,52, 2,40] pour le modèle intégré de population) annuellement, et au cours des dix dernières années (2014-2023), ce taux de déclin a atteint une médiane de 3,82 % (ICr à 95 % = [-2,17, 11,54]; contre 2,24 % avec ICr à 95 % = [1,20, 3,44] pour le modèle intégré de population) annuellement. Le modèle de production excédentaire et le modèle intégré de population ont généré des prévisions similaires du nombre de bélugas du stock BEL-EBH débarqués chaque année (figure 12). Selon le modèle de production excédentaire, l'estimation pour 2023 est de 187 bélugas BEL-EBH débarqués,

contre 119 pour le modèle intégré de population. Selon le modèle de production excédentaire, le nombre de bélugas du stock BEL-EBH débarqués chaque année était supérieur au niveau de prélèvement compatible avec l'objectif de gestion du stock chaque année et le dépassait de 72 individus en moyenne. Le modèle de production excédentaire prédisait K à 11 000 (ICr à 95 % = [6 400, 19 400], arrondi à la centaine près), ce qui concorde considérablement avec les estimations du modèle intégré de population (10 100; ICr à 95 % = [8 500, 12 200]).

DISCUSSION

Le modèle intégré de population présenté ici s'appuie sur les connaissances et les méthodes d'analyses quantitatives antérieures du stock de bélugas BEL-EBH (p. ex. Hammill et al. 2023b; Sauvé et al. 2024). Cependant, le modèle intégré de population comprend de nombreux ajouts, notamment l'utilisation de nouvelles sources d'information : la composition des prises selon l'âge et le sexe, les taux de gestation calculés à partir de l'analyse de la progestérone des échantillons de graisse, et l'état de lactation dérivé des nécropsies effectuées sur les bélugas récoltés. En intégrant des renseignements sur la composition d'âge et de sexe de la récolte, nous avons pu améliorer notre modèle de processus pour mieux tenir compte des taux démographiques selon l'âge et le sexe. Cela a permis de mieux comprendre les tendances de survie des bélugas du stock BEL-EBH selon l'âge et le sexe, des renseignements qui n'avaient pas pu être estimés à partir du modèle de production excédentaire. La mesure du taux de progestérone à partir d'échantillons de graisse prélevés sur le béluga du Nunavik a également permis d'estimer les taux de gestation dans cette région, plutôt que de se fier à des estimations fournies ailleurs. Ensuite, la formulation des risques a permis de mieux comprendre les contributions relatives de la chasse et d'autres sources de mortalité chez les bélugas du stock BEL-EBH. De plus, l'inclusion de la stochasticité annuelle dans le modèle intégré de population a fourni une image plus réaliste des fluctuations annuelles de l'abondance et a servi de base pour tester et tenir compte des effets des facteurs environnementaux potentiels sur les indices vitaux lors de l'élaboration des futurs modèles intégrés de population relatifs au béluga BEL-EBH. Dans le contexte du réchauffement climatique rapide dans la région du Nunavik (Brand et al. 2014), ainsi que de l'augmentation prévue du trafic maritime dans les zones de migration du béluga BEL-EBH (MPO 2012), comprendre comment les menaces autres que la chasse de subsistance (p. ex. disponibilité de la nourriture) pourraient influer sur le stock BEL-EBH représente une priorité identifiée par le MPO (Sauvé et al. 2024) et ses partenaires de cogestion (CGRFRMN 2024).

Dans l'ensemble, le modèle intégré de population a prédit des tendances et des abondances de population similaires à celles du modèle de production excédentaire; cependant, il existe quelques différences notables. Premièrement, les incertitudes entourant les prévisions de l'abondance fondées sur des modèles étaient beaucoup plus faibles dans le cadre du modèle intégré de population que dans le cadre du modèle de production excédentaire. Par exemple, le coefficient de variation de l'abondance de la population en 2023 était de 0,10 pour le modèle intégré de population et de 0,30 pour le modèle de production excédentaire. Cela est probablement dû au fait que le modèle intégré de population fonde son estimation de l'abondance de la population sur de multiples sources d'information conjointes. En revanche, le modèle de production excédentaire s'appuie uniquement sur les données provenant des taux de récolte et des relevés de population. Les incertitudes associées aux estimations des relevés sont importantes et, par conséquent, les estimations de l'abondance du modèle de production excédentaire sont également importantes. Deuxièmement, l'abondance récente du stock BEL-EBH estimée par le modèle intégré de population (3 600; ICr à 95 % = [3 000, 4 200]) est supérieure à l'estimation du modèle de production excédentaire (2 600 avec ICr à 95 % = [1 100; 4 200]), et l'estimation ponctuelle du taux de déclin entre 2014 et 2023 est plus faible

d'après le modèle intégré de population (2,24 % avec ICr à 95 % = [1,20, 3,44], comparativement à 3,82 % avec ICr à 95 % = [-2,17, 11,54] d'après le modèle de production excédentaire). L'incorporation d'autres sources de données semble donc également réduire l'influence relative de l'estimation de l'abondance du plus récent relevé aérien de 2021 – la plus faible de la série temporelle et avec le plus petit intervalle de confiance (St-Pierre et al. 2024) – sur les estimations et la tendance de l'abondance du modèle démographique. De même, l'augmentation de la variance associée à cette estimation de l'abondance des relevés aériens de 2021 a donné lieu à un taux de diminution plus lent de la population d'après le modèle de production excédentaire (Hammill et al. 2023b), démontrant une fois de plus l'influence majeure de cette source de données sur le modèle de production excédentaire. Un nouveau relevé aérien des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson a été effectué à l'été 2024, ce qui fournira des renseignements supplémentaires qui devraient contribuer à déterminer la tendance démographique récente du stock BEL-EBH. Enfin, les estimations des débarquements annuels de bélugas BEL-EBH du modèle intégré de population étaient inférieures à celles du modèle de production excédentaire, en particulier au début de la série temporelle. Encore une fois, cela peut s'expliquer par le fait que l'estimation du modèle de production excédentaire correspond plus étroitement à celle du relevé aérien de 2021 que le modèle intégré de population, car le modèle de production excédentaire intègre moins de sources de données. Pour atteindre une taille de population aussi faible en 2021, le modèle de production excédentaire doit estimer des niveaux de prélèvement plus élevés tout au long de la série temporelle.

Les données sur la structure d'âge et de sexe du stock BEL-EBH, ainsi que les taux de reproduction des femelles incorporés au modèle intégré de population, proviennent d'échantillons fournis par des chasseurs du Nunavik. Bien que les bélugas récoltés dans l'est de la baie d'Hudson en juillet et en août sont, par définition, des bélugas BEL-EBH, ceux récoltés lors d'autres saisons et dans d'autres zones côtières du Nunavik représentent un mélange de populations ou de stocks BEL-EBH, de l'ouest de la baie d'Hudson, de la baie James et de la baie Cumberland (Turgeon et al. 2009; Parent et al. 2023). La proportion d'individus de chaque population ou stock dans la récolte totale de bélugas par zone de gestion et par saison est estimée à l'aide d'un modèle d'analyse du mélange génétique (Parent et al. (2023)). Contrairement aux méthodes d'attributions individuelles, le modèle d'analyse du mélange génétique n'attribue pas chaque individu à une population ou à un stock particulier. Elle tient plutôt compte de la probabilité que chaque échantillon individuel appartienne aux différentes populations de référence. Les attributions génétiques individuelles pour le groupe de référence des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson sont très incertaines avec les marqueurs d'ADN mitochondrial actuellement disponibles (Parent et al. 2024). Par conséquent, nous n'avons pas pu distinguer les échantillons provenant du stock BEL-EBH des échantillons ne provenant pas du stock BEL-EBH, et nous avons utilisé des échantillons de tous les bélugas capturés le long de la côte du Nunavik pour informer notre modèle intégré de population sur la structure selon l'âge et le sexe, ainsi que sur les taux de reproduction annuels. Cette information n'est donc pas propre au béluga BEL-EBH. Le stock BEL-EBH est relativement peu abondant par rapport au stock de l'ouest de la baie d'Hudson (estimé à 54 500 bélugas en 2015; Matthews et al. 2017) et subit une pression considérable via la chasse de subsistance. La chasse, en augmentant la mortalité, peut exercer des pressions sélectives sur les populations de faune sauvage et modifier les patrons de reproduction et la structure de population (Mysterud 2011). Il est donc possible que la structure d'âge et de sexe, ainsi que les caractéristiques du cycle biologique du béluga BEL-EBH diffèrent des autres stocks récoltés par les chasseurs du Nunavik (p. ex. Lesage et al. 2001, 2009). Être en mesure de cibler spécifiquement des échantillons du stock BEL-EBH pour informer notre modèle démographique permettrait de mieux prédire la dynamique de ce stock particulier. Cela pourrait potentiellement être réalisé en déterminant l'origine génétique de chaque béluga individuellement grâce à des

analyses de l'ADN nucléaire. D'autres progrès relatifs à la génétique des bélugas sont nécessaires pour déterminer le stock d'origine d'un échantillon donné prélevé à l'extérieur des aires d'estivage (Parent et al. 2024).

Les données sur l'âge des bélugas utilisées dans notre modèle intégré de population ont été estimées à partir d'une analyse dentaire, qui consiste à compter les groupes de couches de croissance dans la dentine d'une section longitudinale médiane de la dent. Cependant, chez les vieux bélugas et particulièrement chez les animaux âgés de 34 ans et plus, l'usure des dents et la croissance réduite peuvent entraîner une sous-estimation de l'âge (Sergeant 1973; Lesage et al. 2014). Cela peut entraîner une surreprésentation des bélugas d'âge moyen dans la population et une surestimation de la mortalité des classes d'âge supérieures. Bien que les animaux âgés de 40 ans et plus semblent moins fréquents dans nos échantillons (figure 3), ceux âgés de plus de 75 ans sont représentés dans la structure selon l'âge, ce qui indique que l'analyse dentaire peut déterminer au moins une proportion des individus âgés échantillonnés. Il n'y a pas de preuves quantitatives pour établir un facteur de correction qui permettrait d'attribuer une proportion d'animaux d'âge moyen à des classes d'âge supérieures, de sorte qu'une telle correction n'a pas été utilisée dans notre modèle intégré de population. À l'avenir, des simulations évaluant l'effet de la sous-estimation de l'âge de diverses proportions d'animaux âgés de nos échantillons sur la dynamique démographique du stock BEL-EBH pourraient fournir de l'information sur les implications potentielles de la méthode d'estimation d'âge utilisée pour le béluga.

Pour paramétriser le modèle, certaines hypothèses ont dû être formulées lorsque l'information n'était pas disponible. Premièrement, la taille d'échantillon dans le jeu de données sur la reproduction était trop petite pour fournir de l'information sur les taux de gestation selon l'âge. Nous avons supposé que les femelles commencent à se reproduire à l'âge de 8 ans, mais cette hypothèse pourrait être remise en question. En raison de la taille limitée de l'échantillon, les données sur les taux de gestation contribuent actuellement moins au modèle que les autres sources de données (figure A8). Au fur et à mesure que des échantillons continueront d'être prélevés à l'avenir, l'importance de ce jeu de données augmentera probablement et il pourrait devenir possible d'obtenir des taux de gestation selon l'âge et de revoir notre hypothèse concernant l'âge à la première reproduction.

Deuxièmement, la structure d'âge dérivée des échantillons fournis par les chasseurs était asymétrique à droite (c.-à-d. que les jeunes animaux étaient grandement sous-représentés, les classes d'âge les plus jeunes étant presque entièrement absentes). Des changements démographiques comme une baisse des taux de natalité, une longévité accrue et une dispersion plus élevée des juvéniles pourraient expliquer dans une certaine mesure une structure d'âge asymétrique à droite. Cependant, le degré de biais selon l'âge était plus élevé que ce qui pourrait être attendu selon un patron démographique réaliste. Nous avons donc supposé que la sous-représentation observée des classes d'âge inférieures dans nos données représentait un artefact de la récolte ou d'échantillonnage plutôt qu'une caractéristique du stock BEL-EBH. Un tel biais pourrait refléter divers facteurs, notamment les préférences des chasseurs pour les bélugas blancs plus gros ou l'utilisation de différentes voies migratoires selon l'âge, ce qui réduit la probabilité que les chasseurs rencontrent des animaux plus jeunes le long de la côte du Nunavik. Nous avons également supposé que la structure d'âge observée était représentative des bélugas récoltés dans la région du Nunavik, c'est-à-dire qu'il n'y avait pas de biais systématique quant à l'âge des bélugas échantillonnés et soumis par les chasseurs. Pour mieux comprendre ce qui pourrait expliquer cette sous-représentation des jeunes dans notre échantillon, nous avons consulté les gestionnaires et présidents d'Anguvigait et d'Anguvigaq. Ils ont répondu à l'unanimité que les chasseurs ciblaient de préférence les gros bélugas et ne choisissaient pas les bélugas qu'ils échantillonnaient en fonction de la taille, de la

couleur ou de l'âge de l'animal, ce qui indique que la structure d'âge observée reflète celle des bélugas capturés au Nunavik.

Troisièmement, nous avons calculé la proportion de bélugas BEL-EBH dans la récolte du Nunavik à l'aide de la composition génétique décrite dans l'analyse la plus récente (Parent et al. 2023). Ces proportions ont été déterminées selon la saison et la zone de gestion, à partir de tous les échantillons prélevés au cours des quatre dernières décennies. Cette approche suppose que la composition génétique des prises est demeurée constante tout au long de la série temporelle. Cependant, dans le contexte d'un déclin du stock BEL-EBH et de tendances stables ou à la hausse d'autres stocks, on pourrait raisonnablement conclure que la proportion de bélugas du stock BEL-EBH dans la récolte du Nunavik pourrait avoir diminué au fil du temps. Par ailleurs, si les voies migratoires utilisées par le béluga BEL-EBH sont systématiquement plus proches de la côte que celles des autres stocks, la composition de la récolte pourrait varier peu malgré les changements d'abondance des stocks. Cela est confirmé par les pourcentages élevés d'individus du stock BEL-EBH observés dans les prises – jusqu'à 50 % dans le nord-est de la baie d'Hudson et 40 % dans le détroit d'Hudson à l'automne – comparativement aux 5 % prévus en fonction de l'abondance relative des stocks BEL-EBH et des stocks de l'ouest de la baie d'Hudson, en supposant que les deux stocks sont également disponibles pour les chasseurs pendant la migration. L'examen des tendances de la composition des stocks de bélugas du Nunavik au cours des dernières décennies pourrait fournir des renseignements précieux sur les effets potentiels dépendants de la densité sur la susceptibilité à la chasse du béluga BEL-EBH.

Selon le modèle de production excédentaire, la chasse représente la seule source de variation annuelle de la mortalité du béluga BEL-EBH. Le modèle de production excédentaire ajuste donc l'estimation historique de la population et les paramètres du modèle de productivité du stock pour ajuster les estimations de l'abondance observées et les taux de récolte sur toute la période d'intérêt. Selon le modèle intégré de population, les risques liés à la récolte représentent l'une des deux sources distinctes de mortalité, l'autre étant la mortalité due à toutes les autres causes combinées (p. ex. prédation, maladies). Cela permet d'estimer la contribution relative de la chasse à la mortalité globale. Avec la paramétrisation actuelle du modèle, la mortalité induite par la chasse représentait de 19 à 43 % de la mortalité totale, et cette proportion a augmenté au cours des dernières années. Bien que cela donne à penser que la récolte représente l'une des plus importantes sources de mortalité pour le béluga BEL-EBH, la contribution de la récolte à la mortalité globale est sensible à la valeur associée aux individus abattus mais perdus. De plus, les estimations du modèle avec des facteurs de correction de 1,17 et de 1,37 pour les individus abattus mais perdus montrent que des taux plus élevés d'individus abattus mais perdus impliquent une taille de la population globale plus importante, en particulier plus tôt dans la série temporelle. Cela peut s'expliquer par le fait que le modèle ajuste la taille initiale de la population pour maintenir un taux de prélèvement plus élevé pendant la série temporelle tout en étant limité par d'autres sources d'information indiquant un certain taux de diminution.

Dans le modèle intégré de population et le modèle de production excédentaire, le paramètre relatif aux bélugas abattus mais perdus englobait toutes les mortalités de bélugas associées aux activités de chasse qui ne sont pas comptabilisées dans les taux de récolte déclarés, y compris la non-récupération et la non-déclaration. Il existe actuellement très peu de données disponibles pour informer directement le modèle sur l'une ou l'autre des sources de biais pour le stock de bélugas BEL-EBH. Pour tenir compte de l'incertitude de ce paramètre, nous avons utilisé une distribution bêta avec une moyenne de 21 % fondée sur les évaluations précédentes du stock BEL-EBH et les renseignements sur d'autres stocks de bélugas (Hammill et al. 2023b; Richard 2008; Biddlecombe et al. 2024). Nous avons également supposé que le paramètre relatif aux bélugas abattus mais perdus était constant au cours de la série temporelle et entre

les zones de gestion, comme dans les évaluations précédentes du stock BEL-EBH (p. ex. Hammill et al. 2017; Hammill et al. 2023b). Cependant, les pratiques de chasse peuvent différer d'une zone de gestion à l'autre et avoir changé au fil du temps. De plus, les détenteurs de savoir indiquent que la conformité en matière de déclaration des prises a varié au cours des dernières décennies selon les mesures de gestion en place. La valeur associée aux individus abattus mais perdus a une incidence sur les estimations de l'abondance et la contribution relative de la récolte à la mortalité globale. Compte tenu de l'intérêt croissant des partenaires de cogestion pour l'estimation et l'atténuation de la mortalité chez les bélugas du stock BEL-EBH associée à des menaces autres que la chasse (CGRFRMN 2024) et le besoin d'information sur les bélugas abattus et perdus pour quantifier la contribution d'autres menaces à la mortalité du stock BEL-EBH, des efforts devraient être déployés pour améliorer les estimations de ce paramètre pour le stock de bélugas BEL-EBH. Des ateliers ciblés avec les aînés et les chasseurs pour recueillir de l'information sur leur évaluation des taux de récupération pendant la chasse et sur la non-déclaration, ainsi que sur la façon dont ces sources de données sur les bélugas abattus mais perdus pourraient avoir changé au fil du temps, par exemple en ce qui concerne les changements de pratiques de chasse ou de mesures de gestion en place, seraient donc essentiels pour examiner davantage la dynamique temporelle de la mortalité du stock BEL-EBH.

En résumé, le modèle intégré de population proposé dans cette étude a donné les résultats prévus, et nos résultats indiquent que l'abondance et les tendances du stock BEL-EBH concordent généralement avec celles prédictes par le modèle de production excédentaire utilisé dans les évaluations précédentes des stocks. Cela est en partie dû aux grandes incertitudes entourant les estimations du modèle de production excédentaire. Le modèle intégré de population a fourni une plus grande précision et a produit différentes estimations ponctuelles de la taille et du taux de diminution de la population, ce qui devrait avoir une incidence sur les projections fondées sur des modèles dans l'avenir et sur les avis de chasse. De plus, le modèle intégré de population permet d'obtenir des renseignements qu'il n'était pas possible d'obtenir avec le modèle de production excédentaire : ces améliorations ont été possibles grâce à l'ajout de données clés sur le cycle biologique provenant des échantillons fournis par les chasseurs de bélugas du Nunavik et de Sanikiluaq. Le modèle intégré de population nous a permis d'estimer la composante de la mortalité non liée à la récolte et de mieux comprendre les processus démographiques modélisés – une caractéristique clé des modèles intégrés de population (Besbeas et al. 2005; Schaub et Abadi 2011). De plus, la structure du modèle intégré de population s'harmonise avec celle des modèles démographiques récemment élaborés et mis en œuvre pour l'évaluation des stocks de mammifères marins dans l'est du Canada (Hammill et al. 2023b; Tinker et al. 2023, 2024). Nous avons mis en évidence des renseignements supplémentaires précis qui amélioreraient la paramétrisation du modèle intégré de population. Les futurs efforts d'échantillonnage et de collecte de données devraient être axés sur ces sujets, afin de s'attaquer aux principales sources d'incertitudes cernées relatives à la modélisation démographique du stock de bélugas BEL-EBH et pour que le MPO réponde aux priorités déterminées par ses partenaires de cogestion et ses utilisateurs de ressources.

RÉFÉRENCES CITÉES

- Bailleul, F., Lesage, V., Power, M., Doidge, D.W., and Hammill, M.O. 2012a. Differences in diving and movement patterns of two groups of beluga whales in a changing Arctic environment reveal discrete populations. *Endanger. Species Res.* 17: 27–41.
- Bailleul, F., Lesage, V., Power, M., Doidge, D.W., and Hammill, M.O. 2012b. Migration phenology of beluga whales in a changing Arctic. *Clim. Res.* 53: 169–178.

-
- Besbeas, P., Freeman, S.N., and Morgan, B.J.T. 2005. The potential of integrated population modelling. *Aust. N. Z. J. Stat.* 47: 35–48.
- Biddlecombe, B.A., and Watt, C.A. 2024. Modeling population dynamics of beluga whales in the Eastern High Arctic – Baffin Bay population. *J. Wild. Manag.* 88:e22657.
- Brand, U., Came, R.E., Affek, H., Azmy, K., Mooi, R., and Layton, K. 2014. Climate-forced change in Hudson Bay seawater composition and temperature, Arctic Canada. *Chem. Geol.* 388: 78–86.
- Brennin, R., Murray, B.W., Friesen, M.K., Maiers, L.D., Clayton, J.W., and White, B.N. 1997. Population genetic structure of beluga whales (*Delphinapterus leucas*): mitochondrial DNA sequence variation within and among North American populations. *Can. J. Zool.* 75: 795–802.
- Breton-Honeyman, K., Hammill, M.O., Furgal, C.M., and Hickie, B. 2016. Inuit knowledge of beluga whale (*Delphinapterus leucas*) foraging ecology in nunavik (Arctic Quebec), Canada. *Can. J. Zool.* 94: 713–726.
- Brown Gladden, J.G., Ferguson, M.M., and Clayton, J.W. 1997. Matriarchal genetic population structure of North American beluga whales *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae). *Mol. Ecol.* 6: 1033–1046.
- Brown Gladden, J.G., Ferguson, M.M., Friesen, M.K., and Clayton, J.W. 1999. Population structure of North American beluga whales (*Delphinapterus leucas*) based on nuclear DNA microsatellite variation and contrasted with the population structure revealed by mitochondrial DNA variation. *Mol. Ecol.* 8: 347–363.
- Burns, J.J., and Seaman, G.A. 1986. Investigations of belukha whales in coastal waters of western and northern Alaska. II. Biology and ecology. US Department of Commerce, NOAA, OCSEAP Final Report 56:221–357.
- Caron, L.M.J., and Smith, T.G. 1990. Philopatry and site tenacity of belugas, *Delphinapterus leucas*, hunted by the Inuit at the Nastapoka estuary, eastern Hudson Bay. *Can. Bull. Fish. Aquat. Sci.* 224 :69–79.
- Carpenter, B., Gelman, A., Hoffman, M.D., Lee, D., Goodrich, B., Betancourt, M., Brubaker, M., Guo, J., Li, P., and Riddell, A. 2017. Stan: A probabilistic programming language. *J. Stat. Softw.* 76:32.
- Caswell, H., de Vries, C., Hartemink, N., Roth, G., and van Daalen, S.F. 2018. Age × stage-classified demographic analysis: a comprehensive approach. *Ecol. Monogr.* 88: 560–584.
- Colbeck, G.J., Duchesne, P., Postma, L.D., Lesage, V., Hammill, M.O., and Turgeon, J. 2013. Groups of related belugas (*Delphinapterus leucas*) travel together during their seasonal migrations in and around Hudson Bay. *Proc. R. Soc. B.* 280: 20122552.
- COSEWIC. 2016. Special Report Designatable Units for Beluga Whales (*Delphinapterus leucas*) in Canada. Committee on the Status of Endangered Wildlife in Canada, 73 p.
- COSEWIC. 2020. COSEWIC assessment and status report on the Beluga Whale *Delphinapterus leucas*, Eastern High Arctic - Baffin Bay population, Cumberland Sound population, Ungava Bay population, Western Hudson Bay population, Eastern Hudson Bay population and James Bay population in Canada. Committee on the Status of Endangered Wildlife in Canada, xxxv + 84.
- DFO and NMRWB. 2021. Beluga management system-regional rules in the Nunavik marine region.

-
- Doidge, D. W. 1990b. Age and stage based analysis of the population dynamics of beluga whales, *Delphinapterus leucas*, with particular reference to the northern Quebec population. PhD Dissertation. McGill University, 190 p.
- Eberhardt, L.L. 2002. A paradigm for population analysis of long-lived vertebrates. Ecology 83: 2841–2854.
- Ellis, S., Franks, D.W., Nattrass, S., Currie, T.E., Cant, M.A., Giles, D., Balcomb, K.C., and Croft, D.P. 2018. Analyses of ovarian activity reveal repeated evolution of post-reproductive lifespans in toothed whales. Sci. Rep. 8: 12833.
- Ferguson, S.H., Willing, C., Kelley, T.C., Boguski, D.A., Yurkowski, D.J., and Watt, C.A. 2020. Reproductive parameters for female beluga whales (*Delphinapterus leucas*) of Baffin Bay and Hudson Bay, Canada. Arctic. 73: 405–420.
- Finley, K. J., Miller, G. W., Allard, M., Davis, R. A., and Evans, C. R. 1982. The belugas (*Delphinapterus leucas*) of northern Quebec: distribution, abundance, stock identity, catch history and management. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 1123: vi + 57.
- Goertz, C.E.C., Burek-Huntington, K., Royer, K., Quakenbush, L., Clauss, T., Hobbs, R., and Kellar, N.M. 2019. Comparing progesterone in blubber and serum to assess pregnancy in wild beluga whales (*Delphinapterus leucas*). Conserv. Physiol. 7 : 10.1093.
- Gosselin, J.-F., Hammill, M.O., and Mosnier, A. 2017. Indices of abundance for beluga (*Delphinapterus leucas*) in James Bay and eastern Hudson Bay in summer 2015. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/067. iv + 25 p.
- Hammill, M.O., Mosnier, A., Gosselin, J.-F., Matthews, C.J.D., Marcoux, M., and Ferguson, S.H. 2017. Management approaches, abundance indices and total allowable harvest levels of belugas in Hudson Bay. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/062. iv + 43 p.
- Hammill, M.O., Rossi, S.P., Mosnier, A., den Heyer, C.E., Bowen, W.D., et Stenson, G.B. 2023. Abondance du phoque gris dans les eaux canadiennes et avis sur la récolte. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/053. iv + 44 p.
- Hammill, M.O., St-Pierre, A.P., Mosnier, A., Parent, G.J. et Gosselin, J.-F. 2023. Abondance totale et impact des prélèvements sur le béluga de l'est de la baie d'Hudson et de la baie James 2015-2022. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/066. iv + 54 p.
- Heide-Jørgensen, M.P., and Rosing-Asvid, A. 2002. Catch statistics for beluga in West Greenland 1862 to 1999. NAMMCO Scientific Publications 4: 127–142.
- Heide-Jørgensen, M.P., and Teilmann, J. 1994. Growth, reproduction, age structure and feeding habits of white whales (*Delphinapterus leucas*) in West Greenland waters. Meddelelser om Grønland, Bioscience. 39: 195–212.
- Hobbs, R.C., Reeves, R.R., Prewitt, J. S., Desportes, G., Breton-Honeyman, K., Christensen, T., Citta, J.J., et al. 2016. Global review of the conservation status of Monodontid stocks. Mar. Fish. Rev. 81:1-53.
- Hobbs, R.C., Wade, P.R., and Shelden, K.E.W. 2015. Viability of a small, geographically-isolated population of beluga whales, *Delphinapterus leucas*: effects of hunting, predation, and mortality events in Cook Inlet, Alaska. Mar. Fish. Rev. 77: 59–88.
- Innes, S., and Stewart, R.E.A. 2002. Population size and yield of Baffin Bay beluga (*Delphinapterus leucas*) stocks. NAMMCO Scientific Publications. 4: 225–238.

-
- Lair, S., Measures, L.N., and Martineau, D. 2015. Pathologic findings and trends in mortality in the beluga (*Delphinapterus leucas*) population of the St Lawrence Estuary, Quebec, Canada, from 1983 to 2012. *Vet. Pathol.* 53: 1–15.
- Lemire, M., Kwan, M., Laouan-Sidi, A.E., Muckle, G., Pirkle, C., Ayotte, P., and Dewailly, E. 2015. Local country food sources of methylmercury, selenium and omega-3 fatty acids in Nunavik, Northern Quebec. *Sci. Total Environ.* 509–510: 248–259.
- Lesage, V. Baillargeon, D., Turgeon, S. and Doidge, DW. 2009. Harvest statistics for beluga in Nunavik, 2005–2008. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2009/007. iv + 21 p.
- Lesage, V. Doidge, D.W., and Fibich, R. 2001. Harvest statistics for beluga whales in Nunavik, 1974–2000. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2001/022. iv + 35 p.
- Lesage, V., Measures, L.N., Mosnier, A., Lair, S., Michaud, R., and Béland, P. 2014. Mortality patterns in St. Lawrence Estuary beluga (*Delphinapterus leucas*), inferred from the carcass recovery data, 1983–2012. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2013/118. iv + 23 p.
- Lewis, A.E., Hammill, M.O., Power, M., Doidge, D.W., and Lesage, V. 2009. Movement and aggregation of eastern Hudson Bay beluga whales (*Delphinapterus leucas*): a comparison of patterns found through satellite telemetry and Nunavik traditional ecological knowledge. *Arctic.* 62: 13–24.
- de March, B.G.E., Maiers, L.D., and Friesen, M.K. 2002. An overview of genetic relationships of Canadian and adjacent populations of belugas (*Delphinapterus leucas*) with emphasis on Baffin Bay and Canadian eastern Arctic populations. NAMMCO Scientific Publications. 4: 17–38.
- de March, B.G.E., and Postma, L.D. 2003. Molecular genetic stock discrimination of belugas (*Delphinapterus leucas*) hunted in eastern Hudson Bay, Northern Quebec, Hudson Strait, and Sanikiluaq (Belcher Islands), Canada, and comparisons to adjacent populations. *Arctic.* 56: 111–124.
- de March, B.G.E., Stern, G.A., and Innes, S. 2004. The combined use of organochlorine contaminant profiles and molecular genetics for stock discrimination of white whales (*< i>Delphinapterus leucas</i>*) hunted in three communities on southeast Baffin Island. *J. Cetac. Res. Manage.* 6: 241–250.
- Matthews, C.J.D., and Ferguson, S.H. 2015. Weaning age variation in beluga whales (*Delphinapterus leucas*). *J Mammal.* 96: 425–437.
- Matthews, C.J.D., Watt, C.A., Asselin, N.C., Dunn, J.B., Young, B.G., Montsion, L.M., Westdal, K.H., Hall, P.A., Orr, J.R., Ferguson, S.H., and Marcoux, M. 2017. Estimated abundance of the Western Hudson Bay beluga stock from the 2015 visual and photographic aerial survey. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/061. v + 20 p.
- McAlpine, D.F., Kingsley, M.C.S., and Daoust, P.-Y. 1999. A lactating record-age St. Lawrence Beluga (*Delphinapterus leucas*). *Mar. Mamm. Sci.* 15: 859–863.
- McElreath, R. 2020. Statistical rethinking: a Bayesian course with examples in R and Stan. CRC Press, Boca Raton, FL. 459 p.
- Mosnier, A., Doniol-Valcroze, T., Gosselin, J.F., Lesage, V., Measures, L.N., and Hammill, M.O. 2015. Insights into processes of population decline using an integrated population model: the case of the St. Lawrence Estuary beluga (*Delphinapterus leucas*). *Ecol. Modell.* 314: 15–31. Elsevier.

-
- MPO. 2012. Examen scientifique de l'énoncé final des incidences environnementales (EIE) du projet de Baffinland à Mary River. Secr. can. de consult. sci. du MPO. Rép. des Sci. 2012/016
- Mysterud, A. 2011. Selective harvesting of large mammals: How often does it result in directional selection? *J. Appl. Ecol.* 48: 827–834.
- NAMMCO. 2018. Global Review of Monodontids. North Atlantic Marine Mammal Commission Report, Hillerød, Denmark, 277.
- NMRWB. 2024. Regular public meeting #63 meeting minutes.
- Parent, G.J., Montana, L., Bonnet, C., Parent, É., St-Pierre, A.P., Watt, C., and Hammill, M.O. 2024. Genetic monitoring program for beluga (*Delphinapterus leucas*) harvested in the Nunavik and Nunavut (Belcher Islands) regions. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 0000: v+xp.
- Parent, G.J., Mosnier, A., Montana, L., Cortial, G., St-Pierre, A.P., Bordeleau, X., Lesage, V., Watt, C., Postma, L., et Hammill, M.O. 2023. Réexamen des populations de bélugas dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson et évaluation des répercussions sur les récoltes dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/004. iv + 32 p.
- Postma, L.D. 2017. Genetic diversity, population structure and phylogeography among belugas (*Delphinapterus leucas*) in Canadian waters: broad to fine-scale approaches to inform conservation and management strategies. PhD dissertation. University of Manitoba. 314 p.
- Postma, L.D., Petersen, S.D., Turgeon, J., Hammill, M.O., Lesage, V., and Doniol-Valcroze, T. 2012. Beluga whales in James bay a separate entity from eastern hudson bay belugas. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2012/074.iii + 23 p.
- R Core Team. 2024. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Reeves, R.R., and Mitchell, E. 1987. History of white whale (*Delphinapterus leucas*): exploitation in eastern Hudson Bay and James Bay. *Can. Spec. Publ. Fish. Aquat. Sci.* 95: 45 p.
- Renaud, L.A., Bordeleau, X., Kellar, N.M., Pigeon, G., Michaud, R., Morin, Y., Lair, S., Therien, A., and Lesage, V. 2023. Estimating pregnancy rate from blubber progesterone levels of a blindly biopsied beluga population poses methodological, analytical and statistical challenges. *Conserv. Physiol.* 11: 10.1093.
- Richard, P.R. 2008. On determining the Total Allowable Catch for Nunavut odontocete stocks. *Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc.* 2008/022. iii + 12 p.
- Richard, P.R. 2010. Stock definition of belugas and narwhals in Nunavut. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2010/022. iv + 14.
- Rioux, È., Lesage, V., Postma, L.D., Pelletier, È., Turgeon, J., Stewart, R.E.A., Stern, G., and Hammill, M.O. 2012. Use of stable isotopes and trace elements to determine harvest composition and wintering assemblages of belugas at a contemporary ecological scale. *Endanger. Species Res.* 18, 179–191.
- Roth, G., and Caswell, H. 2016. Hyperstate matrix models: extending demographic state spaces to higher dimensions. *Methods Ecol. Evol.* 7: 1438–1450.

-
- Sauvé, C., Caissy, P., Hammill, M.O., Mosnier, A., St-Pierre, A. P., et Gosselin, J.-F. 2024. Évaluation du potentiel de rétablissement des stocks de béluga (*Delphinapterus leucas*) du Nunavik (nord du Québec). Doc. de rech. 2024/030. v + 77 p.
- Schaub, M., and Abadi, F. 2011. Integrated population models: a novel analysis framework for deeper insights into population dynamics. *J. Ornithol.* 152: S227–S237.
- Seaman, G.A., and Burns, J.J. 1981. Preliminary results of recent studies of belukhas in Alaskan waters. *Rep. Int. Whal. Commn.* 31: 567–574.
- Sergeant, D.E. 1973. Biology of white whales (*Delphinapterus leucas*) in Western Hudson Bay. *J. Fish. Res. Board Can.* 30: 1065–1090.
- Smith, T.G., and Hammill, M.O. 1986. Population estimates of white whale, *Delphinapterus leucas*, in James Bay, eastern Hudson Bay, and Ungava Bay. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 43: 1982–1987.
- St-Pierre, A.P., Gosselin, J.-F., Mosnier, A., Sauvé, C. et Hammill, M.O. 2024. Estimation de l'abondance du béluga (*Delphinapterus leucas*) dans la baie James et la région des îles Belcher-est de la baie d'Hudson à l'été 2021. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/040. iv + 40 p.
- Suydam, R. S. 2009. Age, growth, reproduction, and movements of beluga whales (*Delphinapterus leucas*) from the eastern Chukchi Sea. PhD dissertation. University of Washington. xi + 152.
- Tinker, M.T., Mosnier, A., St-Pierre, A.P., Gosselin, J.-F., Lair, S., Michaud, R. et Lesage, V. 2024. Modèle de population intégrée des bélugas (*Delphinapterus leucas*) de l'estuaire du Saint-Laurent. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/047. iv + 65 p.
- Tinker, M.T., Stenson, G.B., Mosnier, A., et Hammill, M.O. 2023. Estimation de l'abondance des phoques du Groenland de l'Atlantique Nord-Ouest à l'aide d'une approche de modélisation bayésienne. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/068. iv + 60 p.
- Turgeon, J., Duchesne, P., Colbeck, G.J., Postma, L.D., and Hammill, M.O. 2012. Spatiotemporal segregation among summer stocks of beluga (*Delphinapterus leucas*) despite nuclear gene flow: implication for the endangered belugas in eastern Hudson Bay (Canada). *Conserv. Genet.* 13: 419–433.
- Turgeon, J., Duchesne, P., Postma, L.D., and Hammill, M.O. 2009. Spatiotemporal distribution of beluga stocks (*Delphinapterus leucas*) in and around Hudson Bay: genetic mixture analysis based on mtDNA haplotypes. *DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc.* 2009/011. iv + 14 p.
- Tyrrell, M. 2007. Sentient beings and wildlife resources: Inuit, beluga whales and management regimes in the Canadian Arctic. *Hum. Ecol.* 35: 575–586.
- Tyrrell, M. 2008. Nunavik Inuit perspectives on beluga whale management in the Canadian Arctic. *Hum. Organ.* 67: 322–334.

TABLEAUX

Tableau 1. Estimations de la taille de la population de bélugas BEL-EBH selon les relevés aériens (tiré de St-Pierre et al. 2024).

Année	Abondance moyenne	Écart-type	Limite inférieure de l'IC à 95 %	Limite supérieure de l'IC à 95 %
1985	6 711	1 936	3 856	11 680
1993	4 163	1 760	1 880	9 217
2001	4 570	2 265	1 824	11 451
2004	7 368	2 899	3 503	15 499
2008	4 764	1 404	2 706	8 387
2011	5 001	2 350	2 084	12 002
2015	7 841	3 687	3 265	18 829
2021	2 501	719	1 440	4 345

Tableau 2. Taux de gestation des bélugas chassés le long de la côte du Nunavik entre octobre et mai de 2010 à 2022, estimés à partir des taux de progestérone dans le gras.

Année	Taille d'échantillon	Nombre de femelles gestantes	Proportion de femelles gestantes	Variance
2010	2	2	1,00	0,00
2011	2	1	0,50	0,25
2012	2	2	1,00	0,00
2013	4	2	0,50	0,25
2014	0	-	-	-
2015	2	0	0,00	0,00
2016	6	4	0,67	0,22
2017	2	0	0,00	0,00
2018	30	11	0,37	0,23
2019	28	8	0,29	0,20
2020	7	0	0,00	0,00
2021	20	7	0,35	0,23
2022	13	5	0,38	0,24

Tableau 3. Prises déclarées de la chasse au béluga dans quatre zones de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq (SAN, Nunavut) de 1974 à 2023. ARC représente la partie incurvée du sud-est de la baie d'Hudson et comprend l'est de la baie d'Hudson, le projet pilote de Kuujjuarapik et la zone nord-est de la baie d'Hudson des zones de gestion de fermeture volontaire (figure 2). DH représente la zone de gestion du détroit d'Hudson. Il convient de souligner que de 1974 à 2000, les rapports relatifs au détroit d'Hudson incluaient également les prises de la baie d'Ungava. À partir de 2009, les rapports relatifs au détroit d'Hudson ont été produits au printemps (DH_{PR}) et à l'automne (HS_{AU}). Puis, à partir de 2018, des rapports de chasse ont été fournis sur une base hebdomadaire, ce qui permet une séparation plus fine de la saison d'automne entre le début (DH_{DA}) et la fin (DH_{FA}) de la saison, lorsque la proportion estimée de bélugas du stock BEL-EBH chassés diffère. BU_{PR} et BU_{AU} représentent respectivement la chasse au printemps et à l'automne dans la zone de gestion de la baie d'Ungava. NEBH_{SP} et NEBH_{FA} représentent respectivement la chasse au printemps et à l'automne dans le nord-est de la baie d'Hudson, à l'exception de la zone de fermeture volontaire qui est incluse dans l'arc. La valeur élevée de la chasse pour SAN en 2015 est liée à un emprisonnement dans les glaces où tous les individus ont été récoltés. Bien que l'emprisonnement dans les glaces soit un événement naturel susceptible d'entraîner la mortalité, ces mortalités ont été attribuées à la récolte, car l'estimation de la proportion de mortalité naturelle par rapport à la chasse serait très incertaine.

ANNÉE	ARC	SAN	DH	DH _{PR}	DH _{AU}	DH _{DA}	DH _{FA}	BU _{PR}	BU _{AU}	NEBH _{PR}	NEBH _{FA}	Total
1974	184	0	421	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	605
1975	224	0	586	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	810
1976	216	0	463	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	679
1977	269	14	554	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	837
1978	164	6	243	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	413
1979	271	0	293	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	564
1980	280	0	281	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	561
1981	97	6	236	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	339
1982	114	30	271	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	415
1983	105	7	227	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	339
1984	131	28	189	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	348
1985	103	5	166	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	274
1986	43	25	126	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	194
1987	53	28	125	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	206
1988	52	20	117	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	189
1989	84	19	284	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	387
1990	53	20	109	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	182
1991	106	22	178	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	306
1992	78	20	96	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	194
1993	67	10	189	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	266
1994	82	50	207	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	339
1995	55	30	221	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	306
1996	56	30	211	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	297
1997	51	19	239	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	309
1998	50	54	252	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	356
1999	57	32	238	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	327
2000	62	23	208	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	0	0	0	0	293
2001	73	27	241	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	66	0	0	0	407
2002	5	15	161	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	23	0	0	0	204
2003	8	80	168	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	26	0	0	0	282
2004	3	94	144	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	4	0	0	0	245
2005	1	53	172	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	5	0	0	0	231
2006	0	22	147	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	2	0	0	0	171
2007	21	24	165	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	6	0	0	0	216
2008	23	33	92	S. O.	S. O.	S. O.	S. O.	5	0	0	0	153
2009	21	34	0	68	70	S. O.	S. O.	6	0	0	0	199
2010	16	47	0	138	61	S. O.	S. O.	8	7	0	0	277
2011	19	32	0	115	86	S. O.	S. O.	0	17	0	0	269
2012	13	61	0	208	56	S. O.	S. O.	10	2	0	0	350
2013	8	76	0	150	90	S. O.	S. O.	8	0	0	0	332
2014	22	26	0	208	37	S. O.	S. O.	11	0	1	14	319
2015	36	170	0	106	94	S. O.	S. O.	28	3	0	30	467
2016	17	43	0	121	19	S. O.	S. O.	24	3	0	3	230
2017	18	30	0	150	85	S. O.	S. O.	23	4	0	13	323
2018	14	50	0	146	0	91	0	100	2	2	17	422
2019	35	28	0	144	0	87	23	23	2	2	24	368
2020	39	46	0	189	0	71	7	90	1	0	5	445

ANNÉE	ARC	SAN	DH	DH _{PR}	DH _{AU}	DH _{DA}	DH _{FA}	BU _{PR}	BU _{AU}	NEBH _{PR}	NEBH _{AU}	Total
2021	28	30	0	51	0	137	23	20	0	0	66	354
2022	19	37	0	161	0	33	90	24	0	25	22	411
2023	17	51	0	225	0	125	56	69	3	15	14	575

Tableau 4. Proportion de bélugas du stock BEL-EBH récoltés dans les différentes zones de gestion et selon les saisons, utilisée dans le modèle intégré de population. La définition des saisons peut changer d'une région à l'autre. La taille d'échantillon représente le nombre total d'échantillons prélevés pour des analyses génétiques (Parent et al. 2023). Les percentiles de 2,5 et 97,5 % ayant été utilisés dans le modèle comme valeurs *a priori* pour la distribution bêta sont également indiqués.

Zone de gestion	Saison	Taille d'échantillon	Proportion du stock BEL-EBH		
			2,5 %	97,5 %	
Nunavik					
Est de la baie d'Hudson (ARC)	Été (du 1 ^{er} juillet au 31 août)	66	0,99 ¹	0,92	1,00
	Printemps (du 1 ^{er} février au 31 août)	824	0,123	0,10	0,15
	Automne (du 1 ^{er} septembre au 31 janvier)	512	0,440	0,40	0,48
Détroit d'Hudson	Début de l'automne (du 1 ^{er} septembre au 20 novembre)	486	0,461	0,42	0,50
	Fin de l'automne (du 21 novembre au 31 janvier)	49	0,104	0,03	0,21
Baie d'Ungava	Printemps (du 1 ^{er} février au 31 août)	143	0,047	0,19	0,09
	Automne (du 1 ^{er} septembre au 31 janvier)	6	0,168 ²	0,21	0,55
Nord-est de la baie d'Hudson	Printemps (du 1 ^{er} février au 31 août)	2	0,140 ²	0,35	0,85
	Automne (du 1 ^{er} septembre au 31 janvier)	45	0,501	0,35	0,65
Nunavut					
Sanikiluaq	Été (du 1 ^{er} juillet au 31 août)	183	0,99 ¹	0,92	1,00
	Automne (du 1 ^{er} septembre au 30 novembre)	49	0,610	0,47	0,75
	Hiver (du 1 ^{er} décembre au 31 mars)	76	0,399	0,29	0,51
	Printemps (du 1 ^{er} avril au 30 juin)	229	0,628	0,56	0,69

¹Tous les bélugas récoltés dans ces zones en été sont, par définition, des bélugas du stock BEL-EBH. Une valeur de 0,99 a été utilisée dans le modèle pour faciliter le calcul.

²En raison de la faible taille d'échantillons dans ces catégories, nous avons calculé une contribution proportionnelle du stock BEL-EBH en fonction des estimations de l'automne et du printemps dans le détroit d'Hudson.

Tableau 5. Description des paramètres du modèle et des distributions a priori.

Paramètre	Nom	Description	Distribution a priori	Valeur	Limite inférieure	Limite supérieure
N_{init}	-	Taille de la population initiale	Gamma	α (forme) : 1,8; β (taux) : 0,0002	1 000	30 000
ρ	rho	Facteur d'échelle de la dépendance à la densité des taux de gestation par rapport à la survie des juvéniles	Bêta	α : 250; β : 250	0	1
η	eta	Paramètre de base du taux de gestation	Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,5	0	7
γ_0	gamma_0	Ratio de risque logarithmique de base	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	10
γ_1	gamma_1	Ratio de risque logarithmique pour les classes d'âge inférieures (risques précoces)	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	5
γ_2	gamma_2	Ratio de risque logarithmique pour les classes d'âge supérieures (risques tardifs)	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	5
γ_3	gamma_3	Ratio de risque logarithmique, mâles adultes <i>par rapport aux femelles</i>	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	-2	2
γ_h	gamma_h	Risque logarithmique moyen lié à la récolte	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	10
δ	delta	Paramètre déterminant la forme fonctionnelle des risques précoces	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	0	1
ω	oméga	Paramètre déterminant la forme fonctionnelle des risques tardifs	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	0	1
ψ_1	psi[1]	Paramètre de la fonction de probabilité de chasse modifiant l'âge	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	10
ψ_2	psi[2]	Paramètre de la fonction de probabilité de chasse modifiant l'âge	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	0	1
ϕ	phi	Ratio de risque logarithmique dépendant de la densité	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,01	0	0,5
v_{Pr}	nu_pr	Précision des proportions du taux de gestation	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 1	0	500
v_{Ag}	nu_ag	Précision des comptes selon le sexe et l'âge	Demi-répartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 5	0	3 000

Paramètre	Nom	Description	Distribution <i>a priori</i>	Valeur	Limite inférieure	Limite supérieure
σ_h	sigma_h	Ampleur de la variation des risques liés à la récolte	Demi-repartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	0	1
σ_e	sigma_e	Ampleur de la stochasticité environnementale	Demi-repartition de Cauchy	emplacement : 0; échelle : 0,1	0	1
SnL	-	Facteur relatif aux animaux abattus, mais perdus	Bêta	$\alpha : 21.0; \beta : 56.8$	0	1
ξ	ix	Facteur d'ajustement relatif à l'évitement par les chasseurs des femelles avec des veaux	Bêta	$\alpha : 1; \beta : 1$	0	1

Tableau 6. Distributions *a posteriori* des estimations des paramètres, nombre d'échantillons efficaces utilisés, N_{eff} et statistiques \widehat{R} , selon le modèle intégré de population du stock de bélugas BEL-EBH.

Paramètre	Moyenne	Écart-type	2,5 %	50 %	97,5 %	N_{eff}	\widehat{R}
N_{init}	9 633	767	8 204	9 594	11 233	327,17	1,04
ρ	0,50	0,02	0,46	0,50	0,54	1 856,57	1,00
η	0,94	1,18	0,02	0,49	4,68	1 159,34	1,02
γ_0	5,37	0,57	4,09	5,42	6,35	245,30	1,06
γ_1	2,84	0,78	1,36	2,82	4,47	262,66	1,06
γ_2	2,17	0,84	0,38	2,21	3,78	244,95	1,06
γ_3	-0,12	0,09	-0,33	-0,11	0,03	1 305,80	1,02
γ_h	7,60	0,14	7,35	7,60	7,88	255,94	1,06
δ	0,10	0,11	0,00	0,06	0,39	890,76	1,02
ω	0,32	0,29	0,01	0,21	0,94	1 197,91	1,02
ψ_1	6,43	0,16	6,13	6,43	6,74	846,27	1,03
ψ_2	0,23	0,02	0,20	0,23	0,27	793,59	1,02
ϕ	0,10	0,03	0,05	0,10	0,17	379,62	1,04
v_{Pr}	27,20	20,72	6,71	22,01	79,72	1 654,38	1,01
v_{Ag}	1 727,91	374,2	1 138,6	1 677,75	2 626,2	1 528,84	1,01
σ_h	0,31	0,03	0,26	0,31	0,38	199,53	1,07
σ_e	0,31	0,06	0,25	0,29	0,46	1 291,07	1,02
ξ	0,83	0,12	0,55	0,85	0,99	1 475,88	1,01

FIGURES

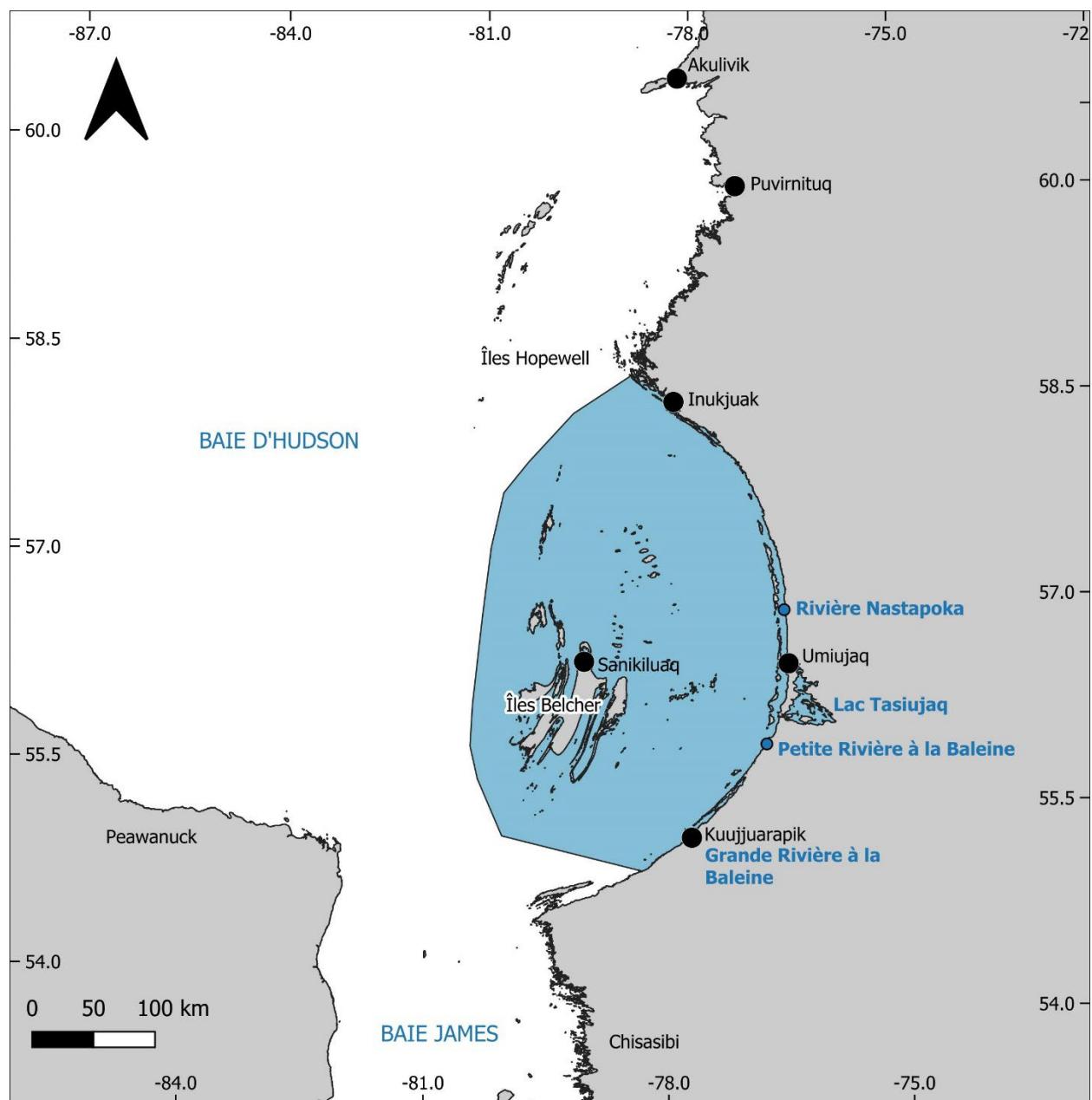


Figure 1. L'aire de répartition estivale du stock de bélugas BEL-EBH (polygone bleu) s'étend du littoral sud-est de l'arc de la baie d'Hudson à l'est jusqu'à 60 km à l'ouest des îles Belcher. Les estuaires de la rivière Nastapoka, de la Grande rivière de la Baleine et de la Petite rivière de la Baleine représentaient des zones de regroupement historiques pour le stock; la Petite rivière de la Baleine semble actuellement être le principal site de regroupement des bélugas dans l'est de l'arc de la baie d'Hudson.

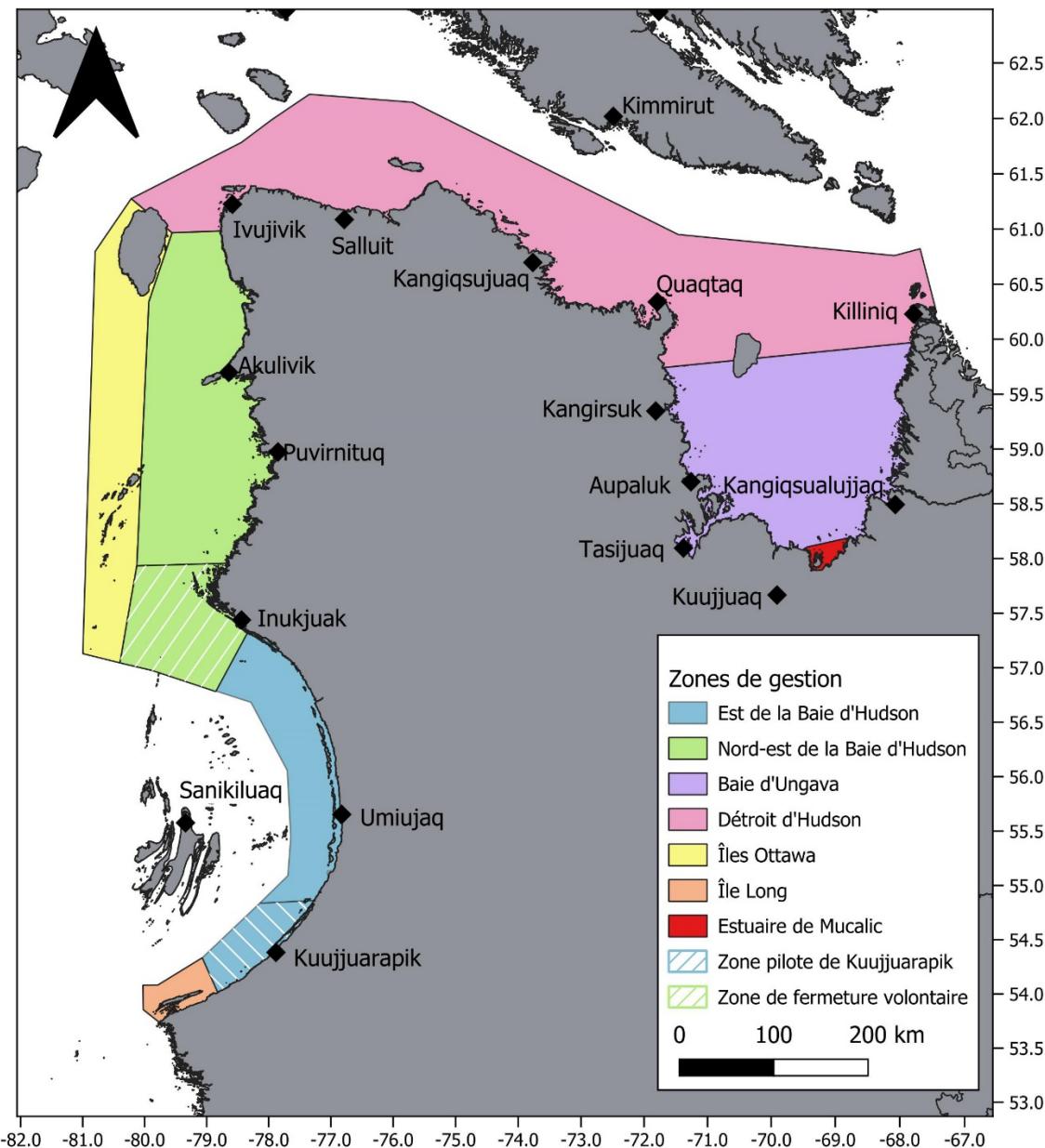


Figure 2. Carte des communautés (noir) et des zones de gestion du Nunavik (Québec) au Canada. Dans le cadre du présent modèle intégré de population du béluga BEL-EBH, nous avons attribué les données relatives aux prises déclarées à quatre zones de gestion du Nunavik : 1) l'« arc », qui comprend l'est de la baie d'Hudson, y compris la zone du projet pilote de Kuujjuarapik et la zone de fermeture volontaire, 2) le nord-est de la baie d'Hudson (sauf la zone de fermeture volontaire) et 3) le détroit d'Hudson et la baie d'Ungava. Aucune chasse n'a été déclarée pour les Ottawa Islands. Le modèle intégré de population tient également compte de la chasse à Sanikiluaq, qui se trouve sur les îles Belcher et fait partie du Nunavut. Les régions de Long Island, des îles Belcher et de l'arc sont des aires d'estivage pour les populations génétiques de bélugas de la baie James, des îles Belcher et de l'est de la baie d'Hudson, respectivement. Par conséquent, tous les bélugas chassés à Sanikiluaq et dans l'arc pendant l'été (c.-à-d. juillet et août) sont considérés comme prélevés dans le stock de bélugas BEL-EBH. De même, tous les bélugas capturés à Long Island pendant l'été sont considérés comme des bélugas de la baie James. Au cours des autres saisons et dans les autres zones de gestion, la composition génétique de la chasse a été utilisée pour calculer la mortalité associée à la chasse des bélugas du stock BEL-EBH.

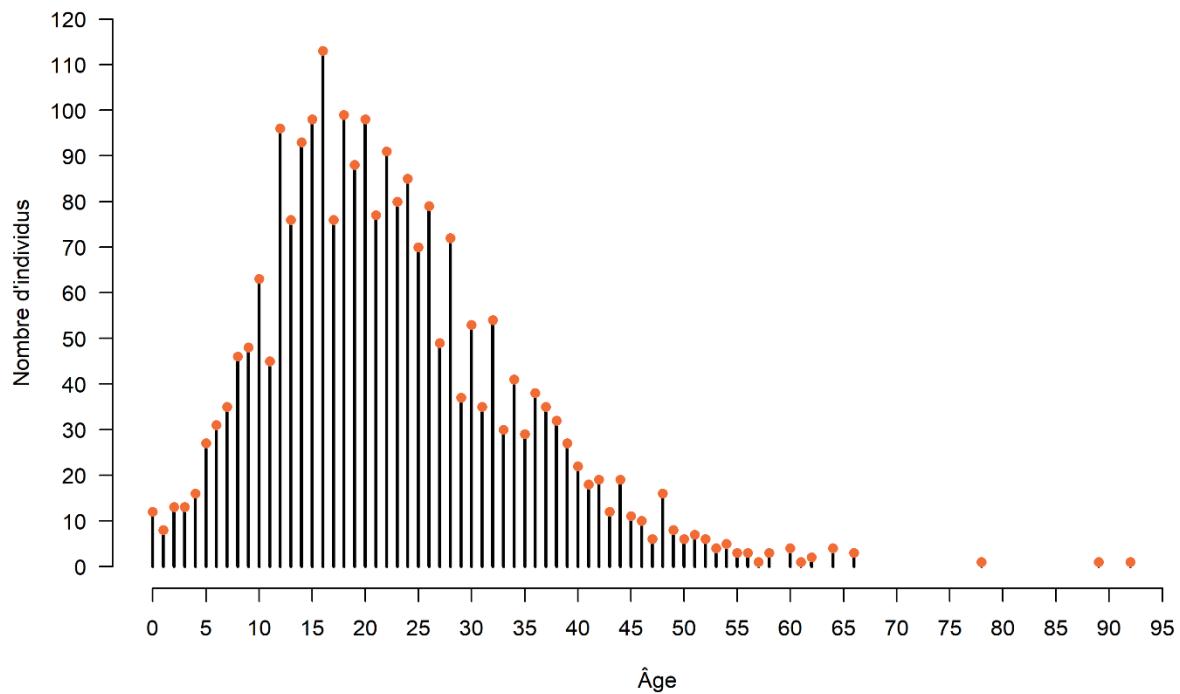


Figure 3. Répartition selon l'âge des bélugas échantillonnés dans la récolte au Nunavik, de 1980 à 2022. Il convient de souligner que pour faciliter la visualisation, les données ont été regroupées au fil des ans ici, mais sont utilisées sur une base annuelle dans le modèle.

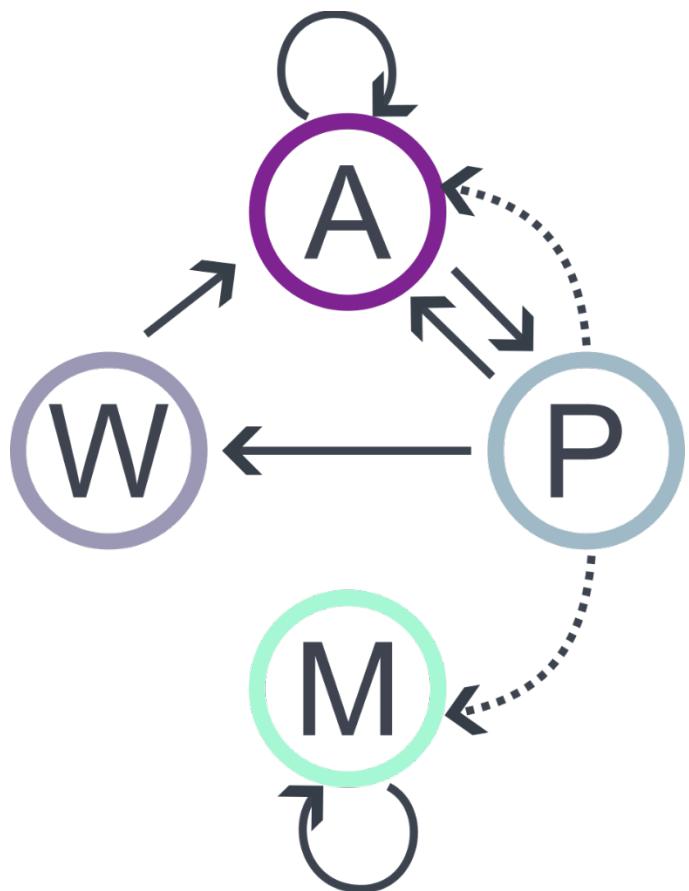


Figure 4. Graphique du cycle vital du béluga, montrant les transitions d'état annuelles (lignes continues) et la production de nouveaux individus (lignes pointillées). Définitions : M : mâles, A : femelles non reproductrices, P : femelles gestantes, W : femelles avec un veau.

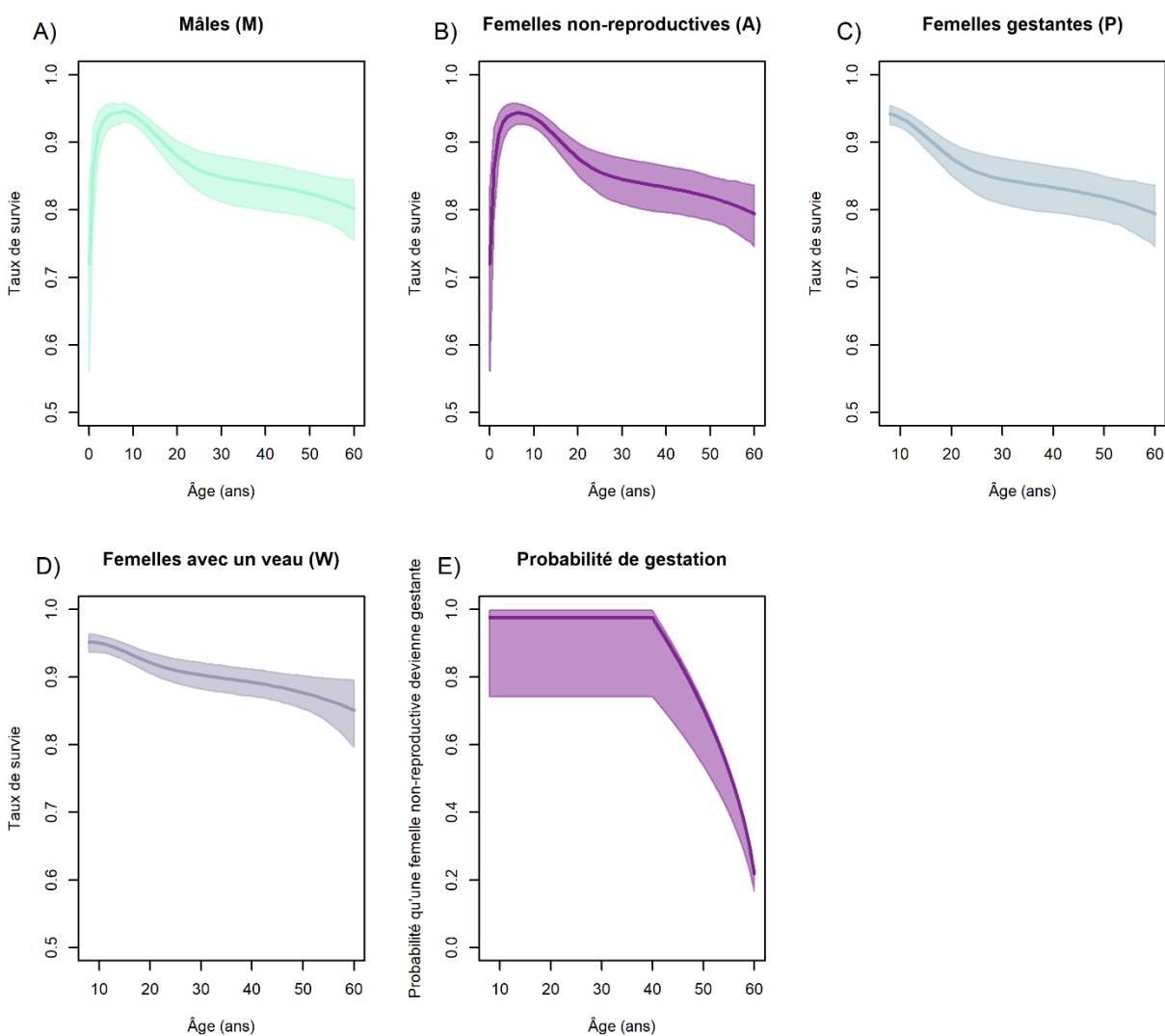


Figure 5. Taux démographiques par âge (survie et probabilité de gestation) estimés par le modèle intégré de population multi-états pour le stock de bélugas BEL-EBH au Nunavik (Canada). Sur le graphique figure un exemple pour l'année 2023.

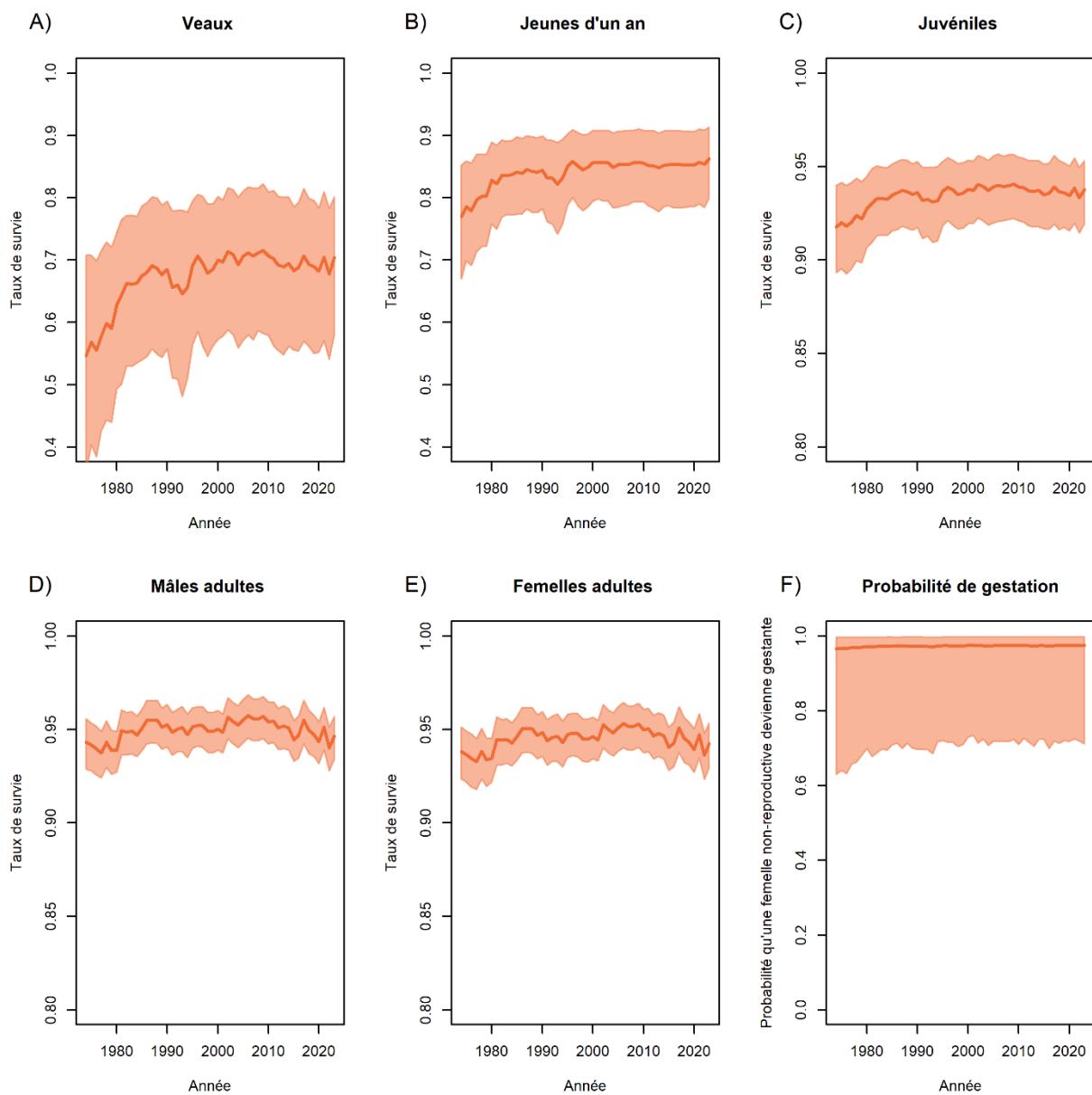


Figure 6. Variation temporelle des taux démographiques estimés par le modèle intégré de population multi-états pour le stock de bélugas BEL-EBH au Nunavik (Canada). La ligne orange foncé et le polygone orange clair représentent respectivement la moyenne et les intervalles de crédibilité à 95 % de la distribution a posteriori. Les tendances de la survie ont été estimées pour les veaux (0 an), les jeunes d'un an (1 an), les juvéniles (5 ans), les mâles et les femelles adultes (8 ans ici). La probabilité de gestation représente la probabilité qu'une femelle non-reproductrice devienne gestante à l'année $t + 1$, à condition qu'elle soit disponible pour s'accoupler à l'année t .

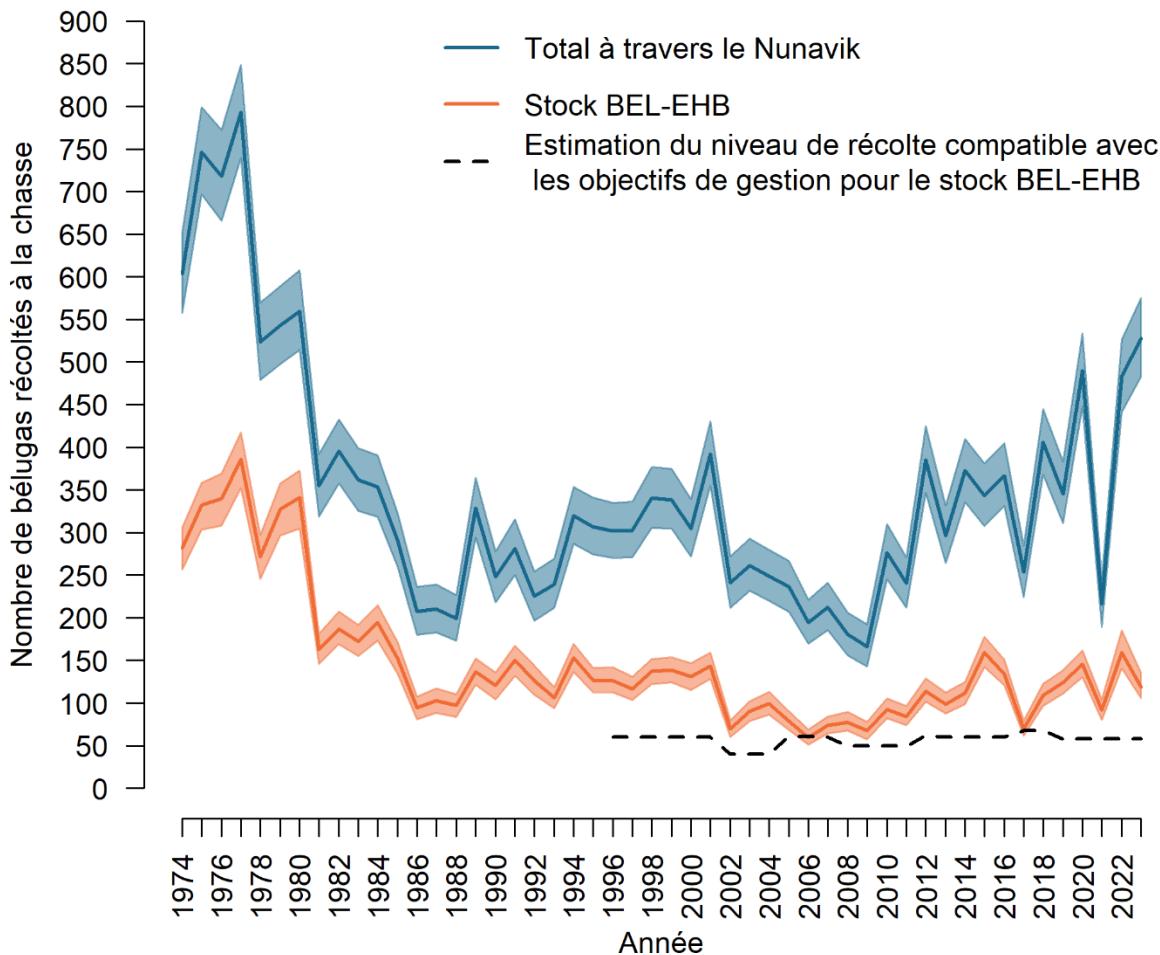


Figure 7. Variation temporelle du nombre de bélugas récoltés à la chasse au Nunavik, et plus particulièrement du stock BEL-EHB, telle qu'elle est estimée par le modèle intégré de population multi-états. Les lignes continues représentent la moyenne et les zones ombrées sont l'intervalle de crédibilité à 95 % des distributions a posteriori. Les niveaux de récolte estimés qui sont compatibles avec les objectifs de gestion du stock BEL-EHB, qui ont varié au fil du temps, sont également fournis (ligne pointillée) à titre de référence.

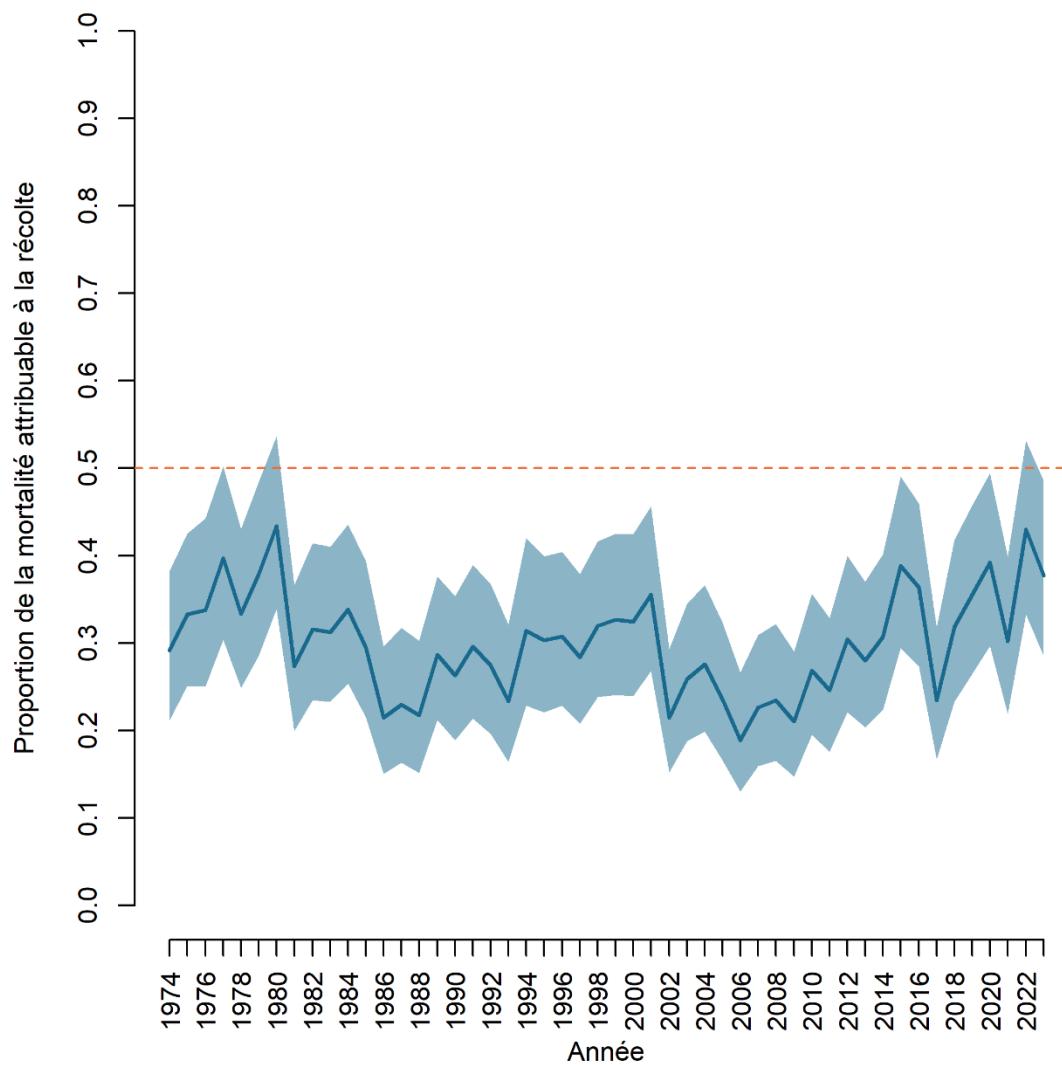


Figure 8. Variation temporelle de la proportion relative de la mortalité totale attribuable à la récolte, qui comprend les animaux qui ont été débarqués et déclarés et ceux qui ont été abattus et perdus (c.-à-d. non récupérés ou non déclarés), estimée par le modèle intégré de population multi-états pour le béluga BEL-EBH. La ligne orange pointillée horizontale montre la ligne des 50 %. La ligne bleue continue représente la moyenne et la zone ombrée est l'intervalle de crédibilité à 95 % des distributions a posteriori.

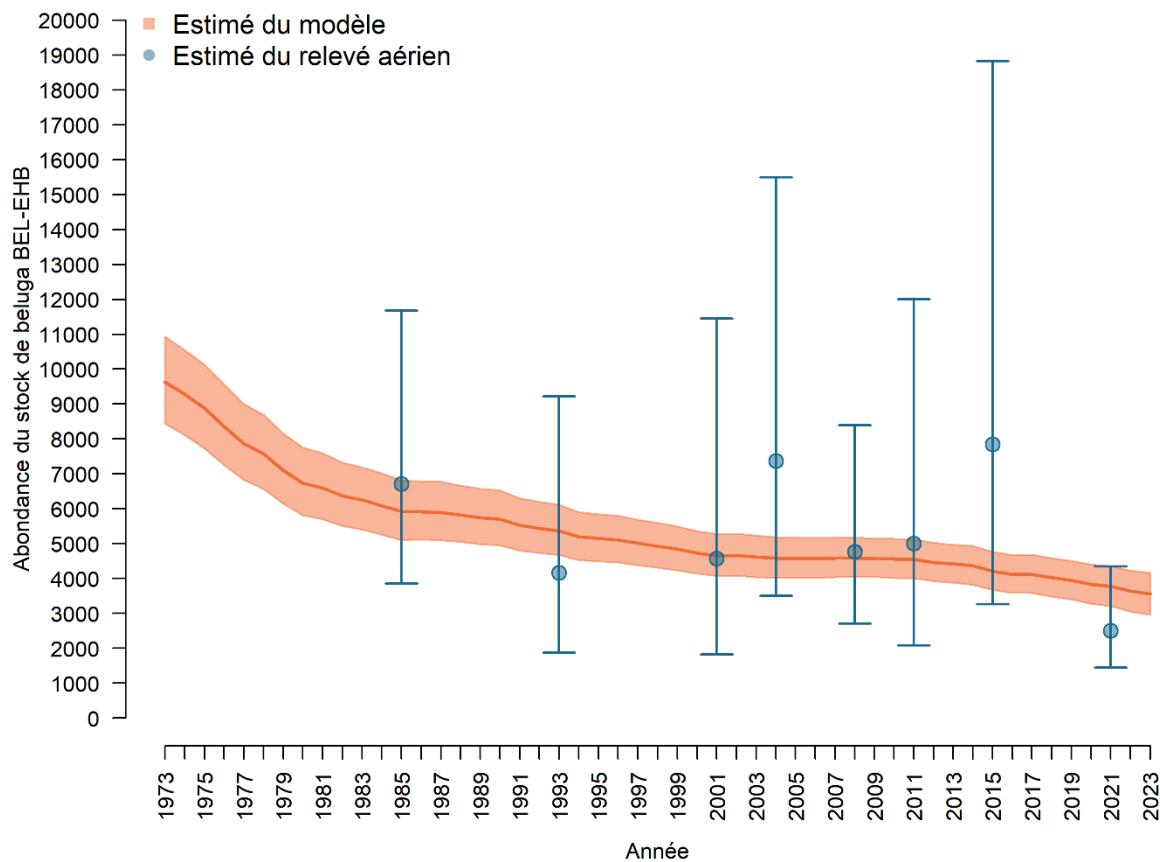


Figure 9. Tendance démographique du stock de bélugas BEL-EHB au Nunavik (Québec), au Canada. L'abondance (moyenne : ligne orange foncé, intervalle de crédibilité à 95 % : polygone orange clair) est estimée à partir d'un modèle intégré de population multi-états (âge multiplié par l'état) informé par des estimations de relevés aériens réguliers (moyenne : points bleus, intervalles de confiance à 95 % : barres bleues), les taux de gestation annuels et la structure d'âge/sexe dans la récolte.

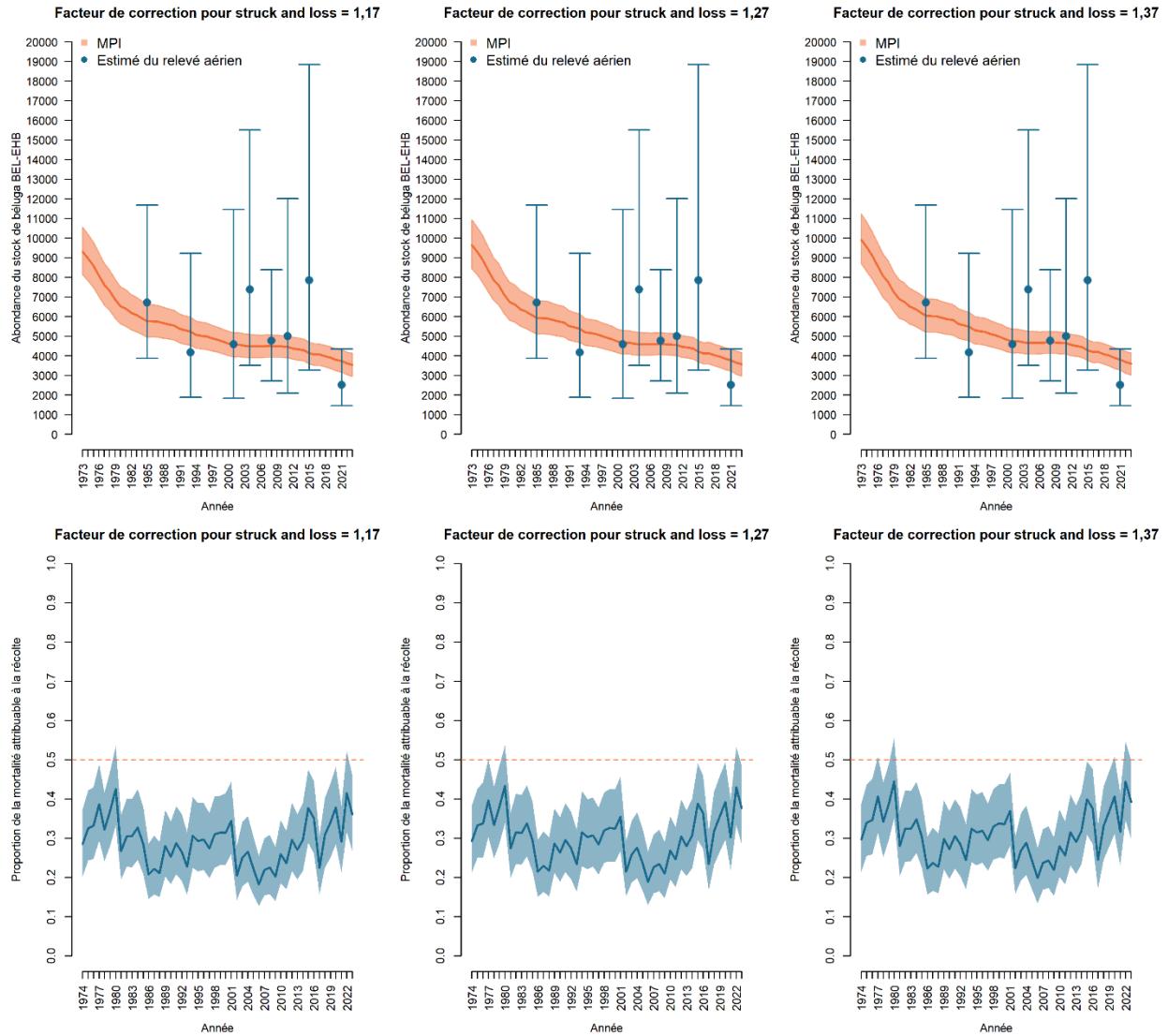


Figure 10. Effet de la modification de la valeur relative aux bélugas abattus mais perdus (« facteur de correction pour struck and loss ») sur l’abondance (panneaux supérieurs) et la contribution de la récolte à la mortalité globale du stock de bélugas BEL-EBH.

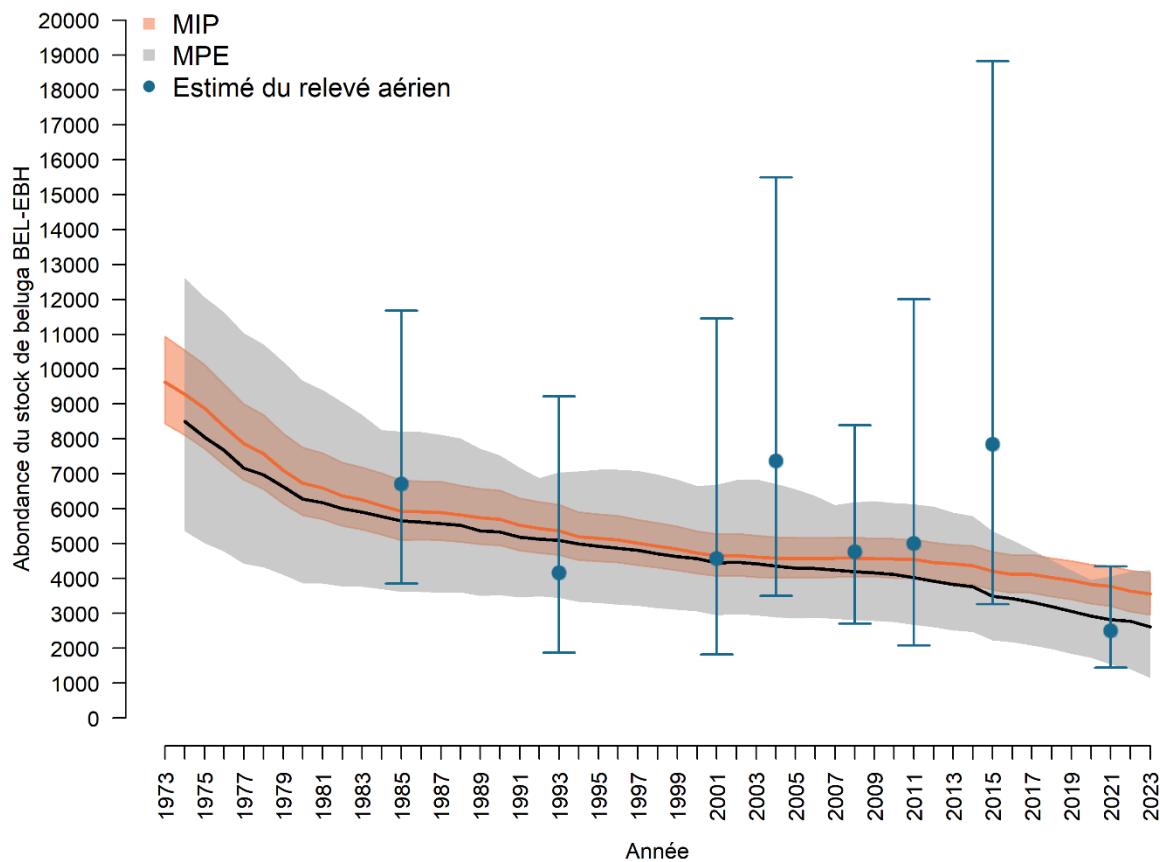


Figure 11. Comparaison de l'abondance des stocks de bélugas BEL-EBH entre le modèle intégré de population (MIP) et le modèle de production excédentaire (MPE) (Hammill et al. 2023b; Sauvé et al. 2024). L'abondance (lignes continues) et l'intervalle de crédibilité à 95 % (zones ombragées) sont indiqués pour chaque modèle (modèle intégré de population : orange, modèle de production excédentaire : noir et gris). Les estimations des relevés aériens périodiques sont indiquées en bleu avec des intervalles de confiance à 95 %.

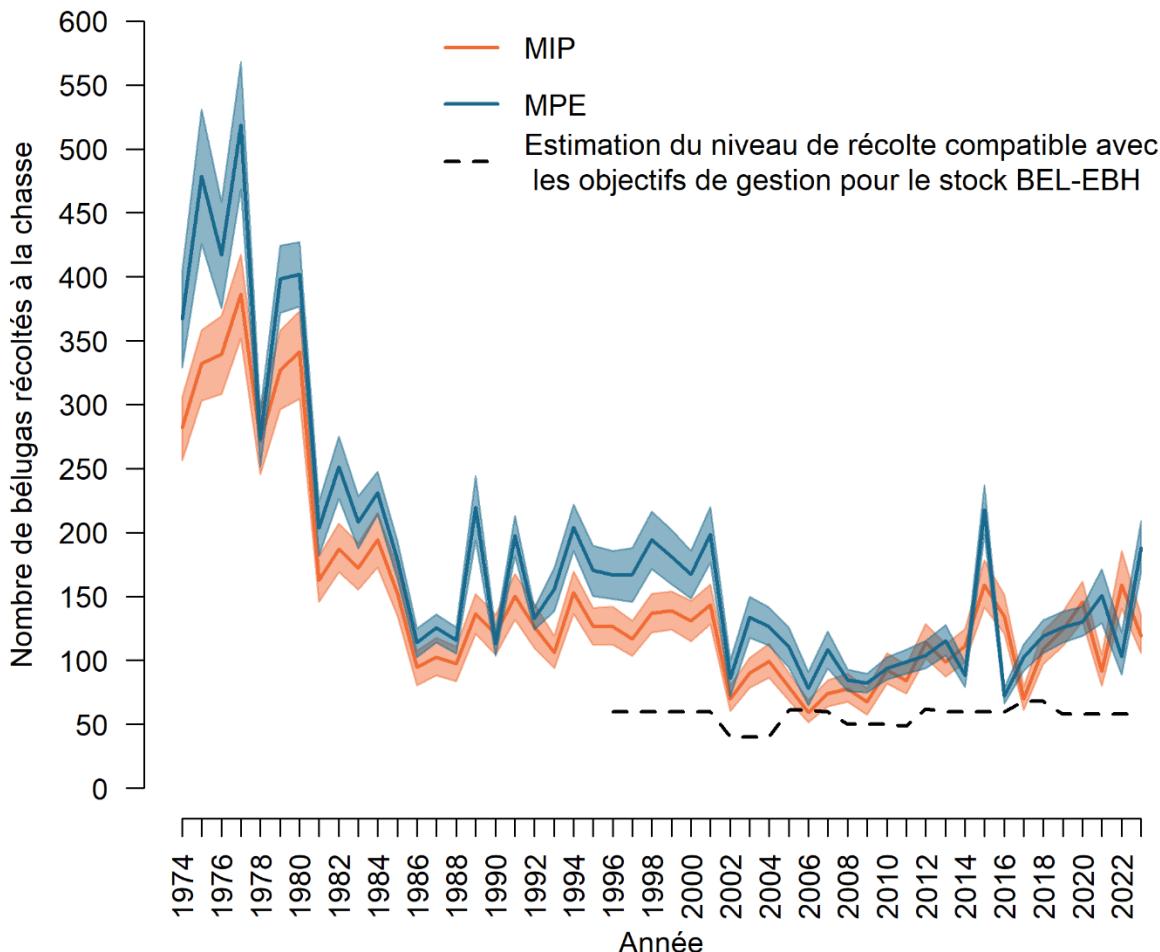


Figure 12. Comparaison des estimations fondées sur des modèles du nombre de débarquements de bélugas du stock BEL-EBH au fil des ans entre le modèle intégré de population (MIP) et le modèle de production excédentaire (MPE). Les lignes continues représentent la moyenne et les zones ombrées sont l'intervalle de crédibilité à 95 % des distributions a posteriori. Les taux de récolte estimés qui sont compatibles avec l'objectif de gestion du stock BEL-EBH, qui ont varié au fil du temps, sont également fournis (ligne pointillée) à titre de référence.

ANNEXE

CONSTRUCTION DU MODÈLE MULTI-ÉTATS

Le vecteur de taille de population $\tilde{\mathbf{n}}$ comporte des classes d'âge i organisées selon les états j , où l'entrée \tilde{n}_{ij} correspond au nombre d'individus dans la classe d'âge i et à l'état j :

$$\tilde{\mathbf{n}} = \begin{pmatrix} n_{11} \\ \vdots \\ n_{w1} \\ - \\ n_{21} \\ \vdots \\ n_{w2} \\ - \\ \vdots \\ - \\ n_{1b} \\ \vdots \\ n_{wb} \end{pmatrix} \quad (\text{A1})$$

La matrice $\tilde{\mathbf{A}}$ peut être décomposée en différents constituants comme suit :

$$\tilde{\mathbf{A}} = \tilde{\mathbf{U}} + \tilde{\mathbf{F}} \quad (\text{A2})$$

$\tilde{\mathbf{A}}$, $\tilde{\mathbf{U}}$ et $\tilde{\mathbf{F}}$ sont tous de dimension $wb \times wb$. La matrice $\tilde{\mathbf{U}}$ contient les probabilités de transition pour les individus vivants et $\tilde{\mathbf{F}}$ contient la production de nouveaux individus par des individus matures. Les transitions dans $\tilde{\mathbf{U}}$ et $\tilde{\mathbf{F}}$ sont ensuite décomposées en processus distincts, chacun se produisant dans les dimensions distinctes du modèle (ici, deux dimensions : l'âge et l'état). Par exemple, $\tilde{\mathbf{U}}$ combine deux processus distincts :

1. les transitions entre les classes d'âge incluses dans la matrice diagonale par blocs \mathbf{U} et
2. la transition entre les états inclus dans la matrice diagonale par blocs \mathbf{B} .

La matrice $\tilde{\mathbf{F}}$ combine

1. la production de jeunes incluse dans la matrice diagonale par blocs \mathbf{R} et
2. la classification des jeunes dans le premier état de reproduction inclus dans la matrice diagonale par blocs \mathbf{F} .

TRANSITIONS DES INDIVIDUS VIVANTS

La matrice des hyperétats $\tilde{\mathbf{U}}$ s'obtient en multipliant séquentiellement les deux sous-processus :

$$\tilde{\mathbf{U}} = \mathbf{K}^T \mathbf{B} \mathbf{K} \mathbf{U} \quad (\text{A3})$$

Chaque sous-processus est capturé par sa matrice diagonale par blocs \mathbf{U} et \mathbf{B} correspondante, respectivement, qui est également de dimension $wb \times wb$. Si on lit de droite à gauche, les individus se déplacent d'une dimension à l'autre à chaque intervalle en suivant cette séquence précise de transitions :

1. classes d'âge par \mathbf{U} et

2. état de reproduction par \mathbb{B} .

La matrice de vecteur-permutation \mathbf{K} réorganise le vecteur $\tilde{\mathbf{n}}$ pour la multiplication de la matrice dans la dimension suivante. Il convient de souligner que \mathbf{K}^T est la transposition de la matrice \mathbf{K} .

La matrice \mathbb{U} comporte des matrices \mathbf{U}_j sur sa diagonale,

$$\mathbb{U} = \begin{pmatrix} \mathbf{U}_1 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{U}_2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{U}_3 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{U}_4 \end{pmatrix} \quad (\text{A429})$$

et s'obtient à l'aide de l'équation suivante :

$$\mathbb{U} = \sum_{j=1}^{s/s_d} \mathbf{E}_{jj} \otimes \mathbf{U}_j \quad (\text{A5})$$

où s est le produit des dimensions, c'est-à-dire $s = w \times b$, et s_d est la taille de la dimension d'intérêt, c'est-à-dire, dans le cas des matrices \mathbf{U}_j , $s_d = w$. Il convient de souligner que les matrices par blocs \mathbb{B} , \mathbb{R} et \mathbb{F} (voir la section « Processus de reproduction » ci-dessous) sont construites de la même façon. Les matrices \mathbf{U}_j sont de dimension $w \times w$. Pour un état de reproduction j donné, la matrice \mathbf{U}_j déplace les individus entre les classes d'âge i en fonction de leur taux de survie selon l'âge et l'état S_{ij} (voir l'équation 2 dans le texte principal).

La matrice \mathbb{B} a une structure similaire à \mathbb{U} , mais avec des matrices \mathbf{B}_i sur la diagonale. Les matrices \mathbf{B}_i déplacent les individus entre les quatre états de reproduction (M, A, P, W) pour chaque classe d'âge (i) selon les probabilités de devenir gestante et de perdre le petit (voir l'équation 3 dans le texte principal).

PROCESSUS DE REPRODUCTION

La matrice des hyperétats $\tilde{\mathbf{F}}$ s'obtient en multipliant les deux sous-processus :

$$\tilde{\mathbf{F}} = \mathbf{K}^T \mathbb{F} \mathbb{K} \mathbb{R} \quad (\text{A6})$$

Si on lit de droite à gauche, les individus produiront une progéniture à chaque intervalle selon cette séquence précise de transitions :

1. production d'individus de classe d'âge 1 par \mathbb{R} et
2. classification des individus de classe d'âge 1 à l'état mâle et femelle non reproductrice par \mathbb{F} .

Les matrices de vecteur-permutation \mathbf{K} réorganisent ici encore les dimensions de chacune de ces matrices pour respecter l'organisation matricielle à chaque étape de la multiplication.

La matrice \mathbb{R} comporte des matrices \mathbf{R}_j sur la diagonale. Pour chaque état de reproduction j , les matrices \mathbf{R}_j saisissent la production de progéniture (de la première classe d'âge ou de la première rangée) par les individus de chacune des classes d'âge adulte (voir l'équation 4 dans le texte principal).

À la suite de ce processus, toute la progéniture nouvellement produite est classée dans la classe d'âge 1, mais reste dans la catégorie d'état reproducteur de leur mère ($j = 3$). La

reclassification de la progéniture nouvellement produite à l'état mâle (M) ou femelle non reproductrice (F) est réalisée à l'aide de la matrice \mathbb{F} . La matrice \mathbb{F} contient les matrices \mathbb{F}_i sur sa diagonale. Les matrices \mathbb{F}_i sont de dimension $b \times b$ et remplace à l'état mâle (M) ou femelle non reproductrice (F) la progéniture provenant de femelles gestantes (voir l'équation 5 dans le texte principal).

Mâles	Femelles non-reproductives	Femelles gestantes	Femelles avec un veau
Mâles			
Femelles non-reproductives			
Femelles gestantes			
Femelles avec un veau			

Figure A1. Représentation visuelle de la matrice de projection multi-états. Les entrées non nulles (ou paramétrées) sont indiquées en rouge.

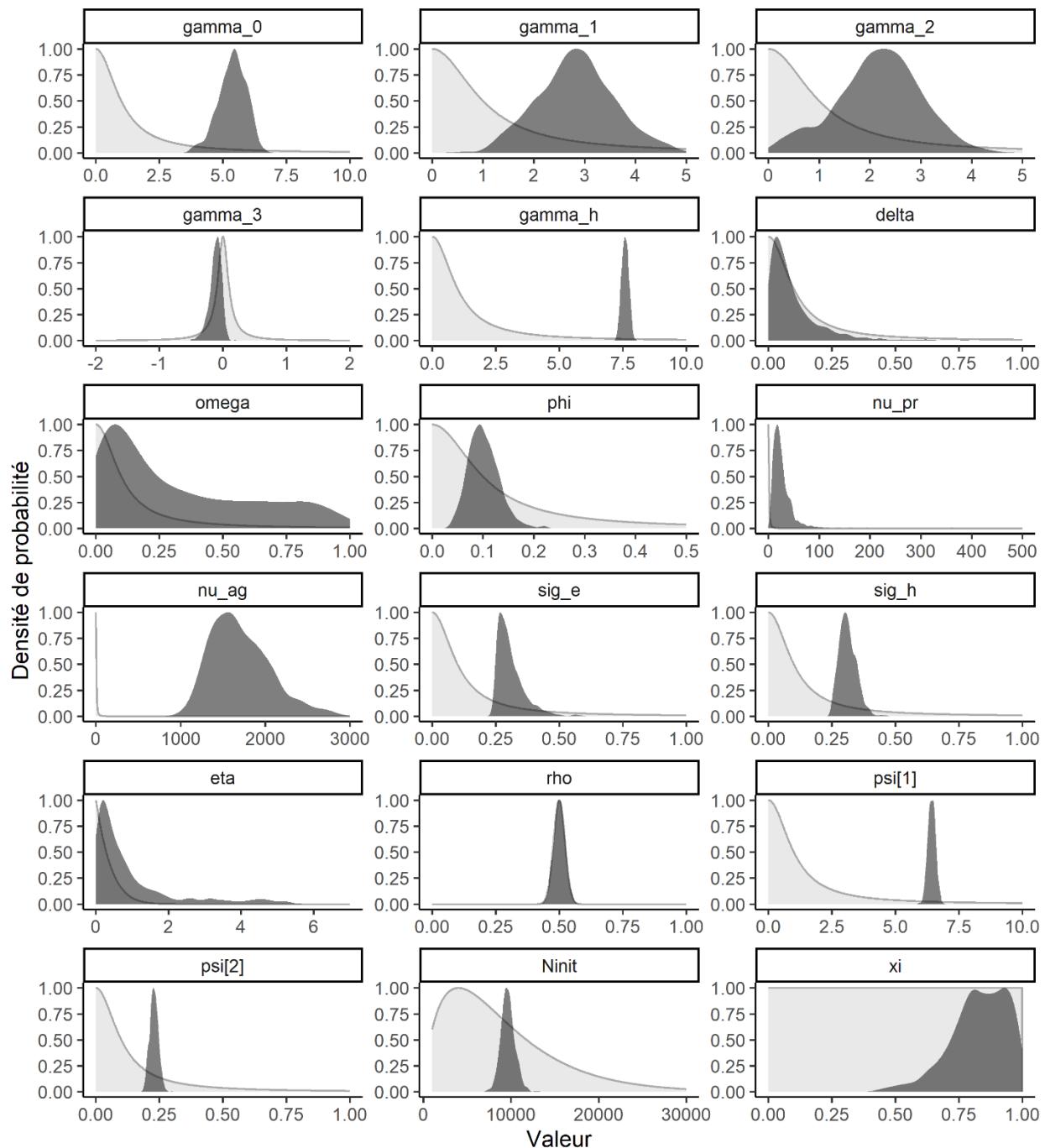


Figure A2. Distribution *a priori* (gris clair) et *a posteriori* (gris foncé) des paramètres du modèle intégré de population.

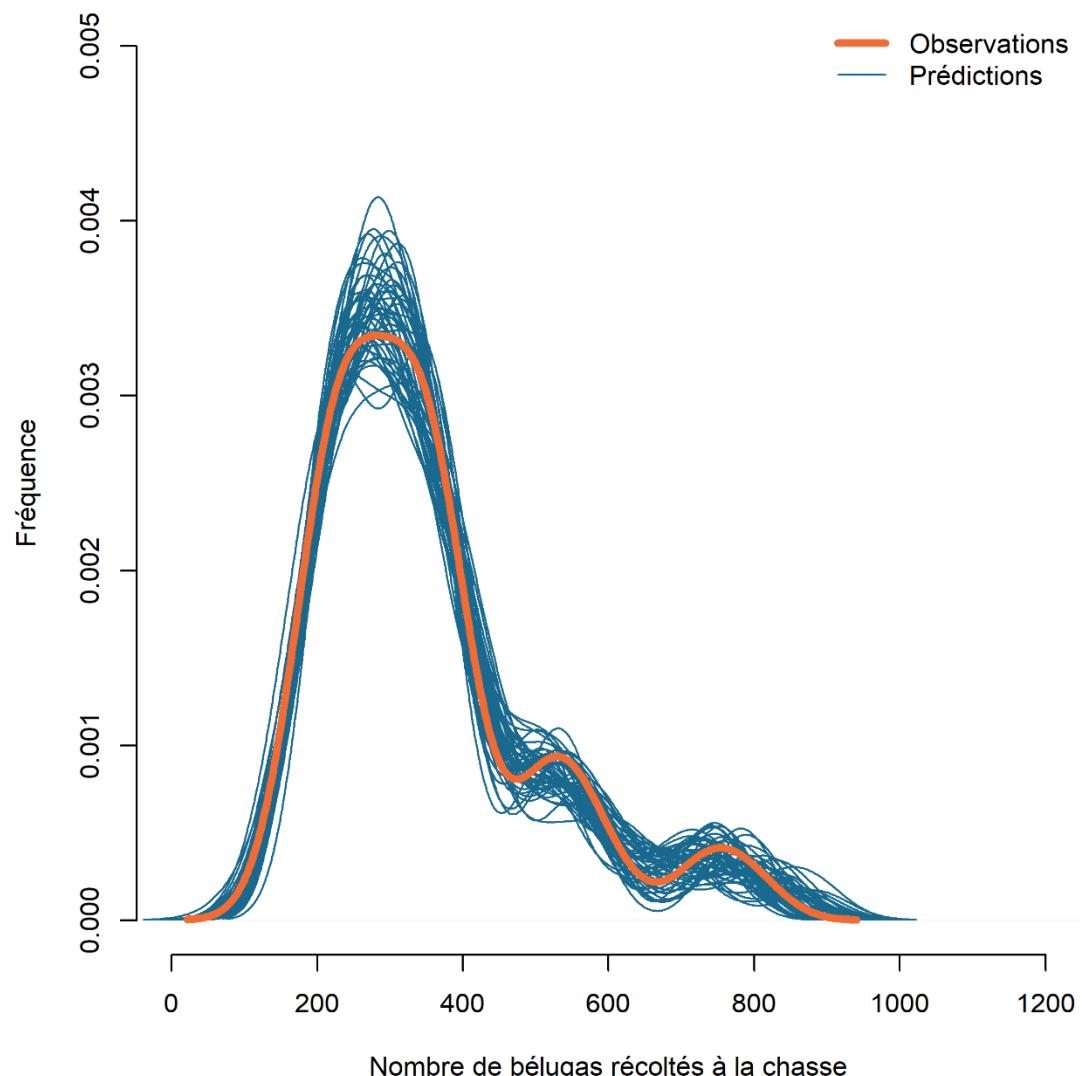


Figure A3. Comparaison entre le nombre observé de bélugas récoltés chaque année et les prédictions hors échantillon. Pour faciliter la visualisation, seules 50 prédictions choisies au hasard sont présentées.

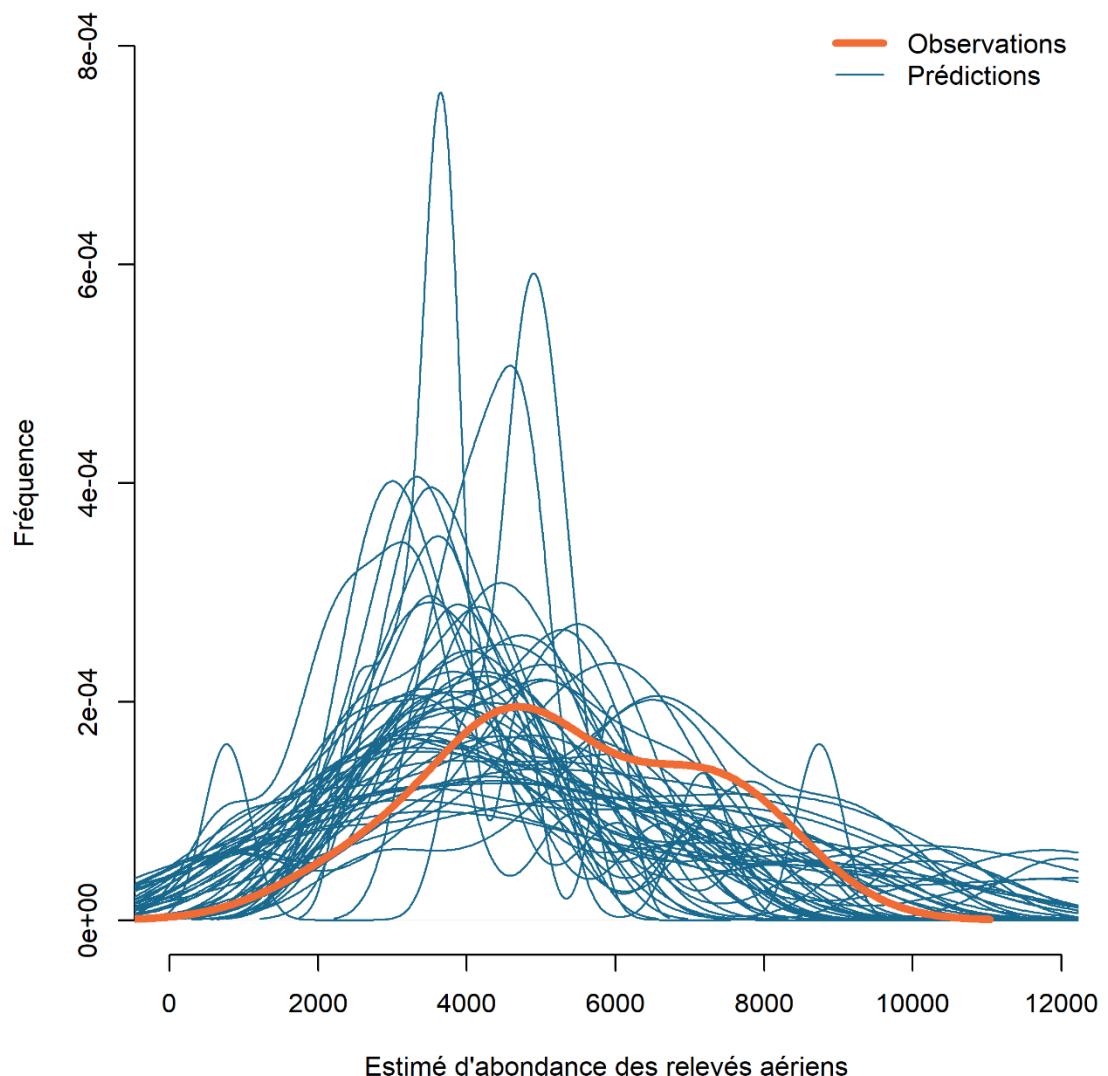


Figure A4. Comparaison entre l'abondance observée des bélugas (relevés aériens) chaque année et les prédictions hors échantillon. Pour faciliter la visualisation, seules 50 prédictions choisies au hasard sont présentées.

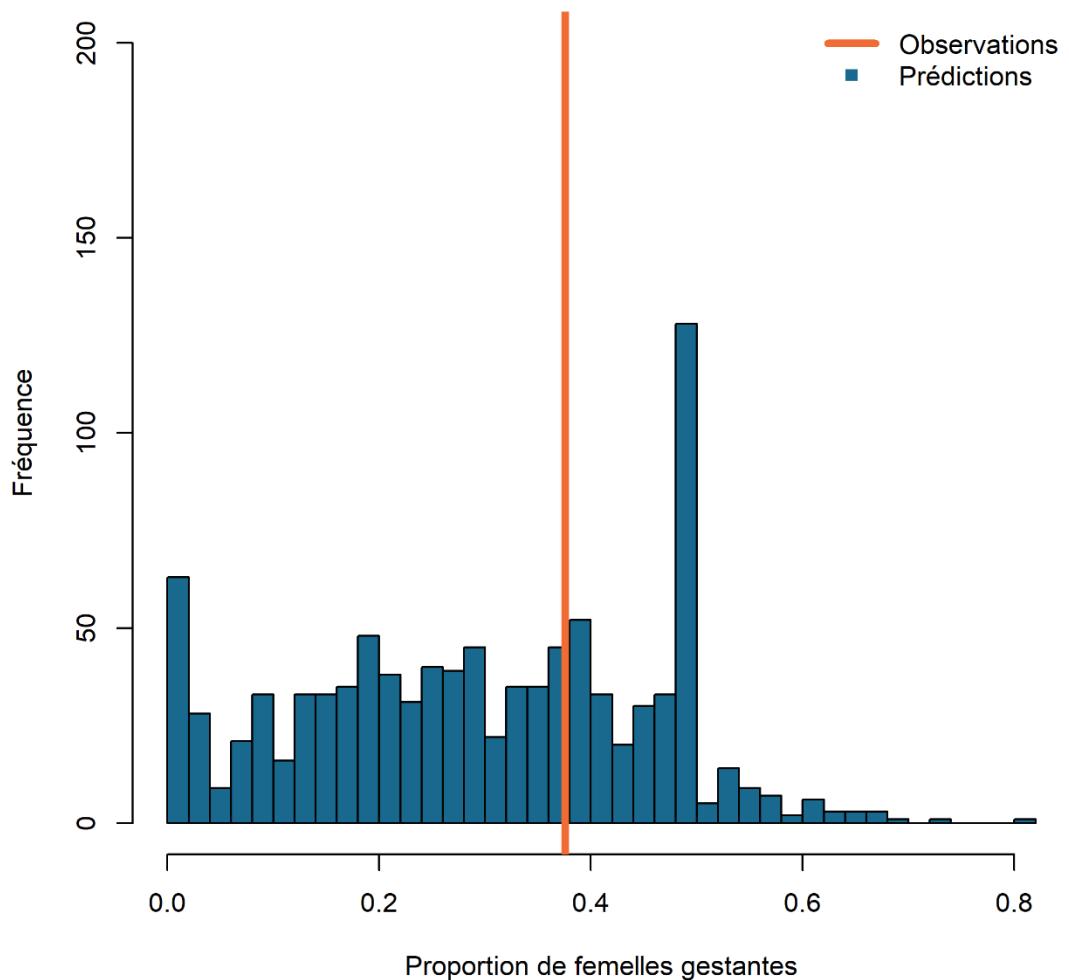


Figure A5. Comparaison entre la proportion observée de femelles gestantes et les prédictions hors échantillon. Les médianes d'une année à l'autre sont indiquées.

Distribution d'âge dans la récolte

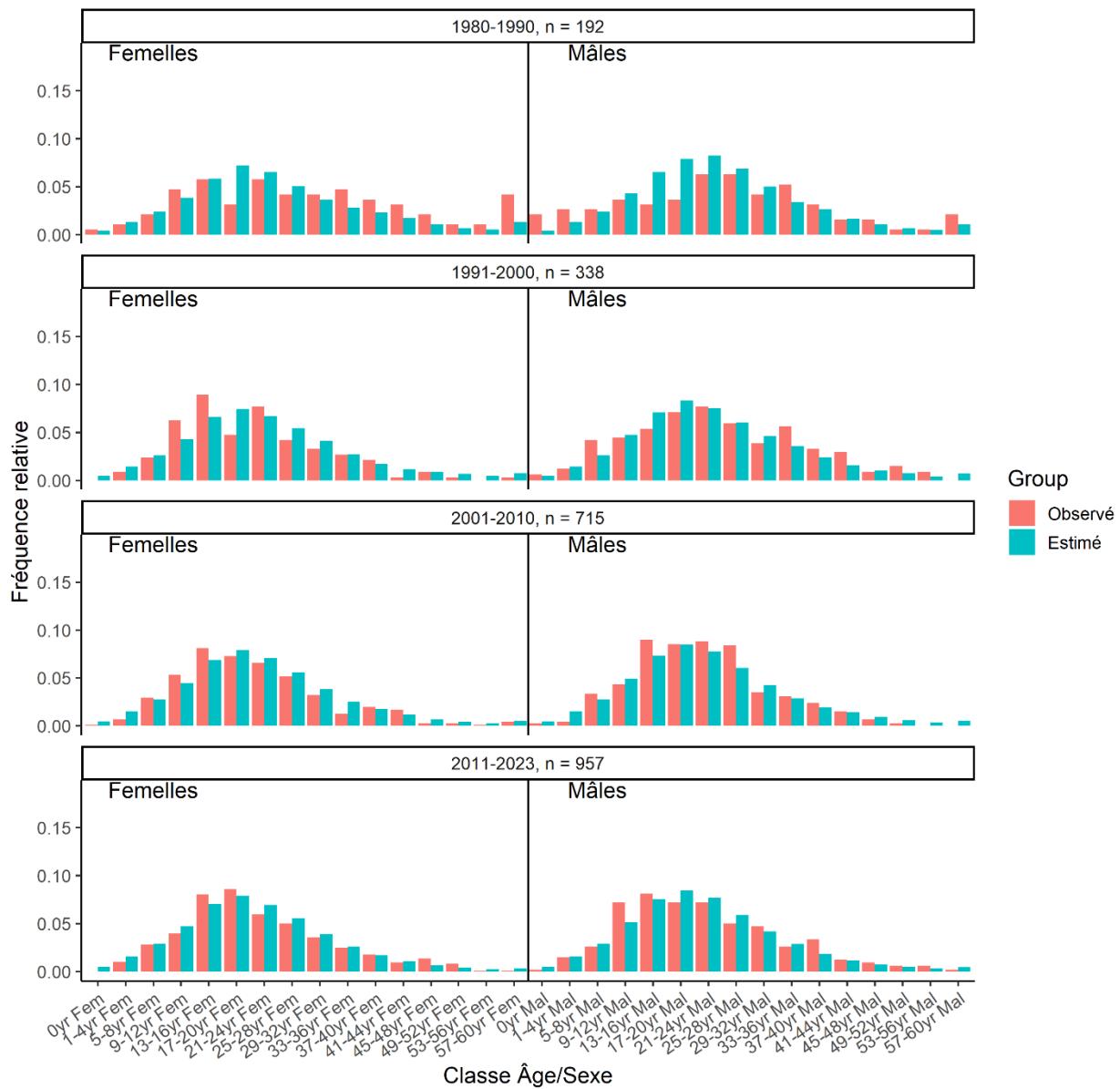


Figure A6. Observations (orange) et estimations par répartition selon l'âge et le sexe du modèle intégré de population (bleu) pour quatre périodes (1980-1990, 1991-2000, 2001-2010 et 2011-2023).

Validation prédictive a posteriori
somme des carrés des résidus de Pearson

Bayesian-P = 0.43

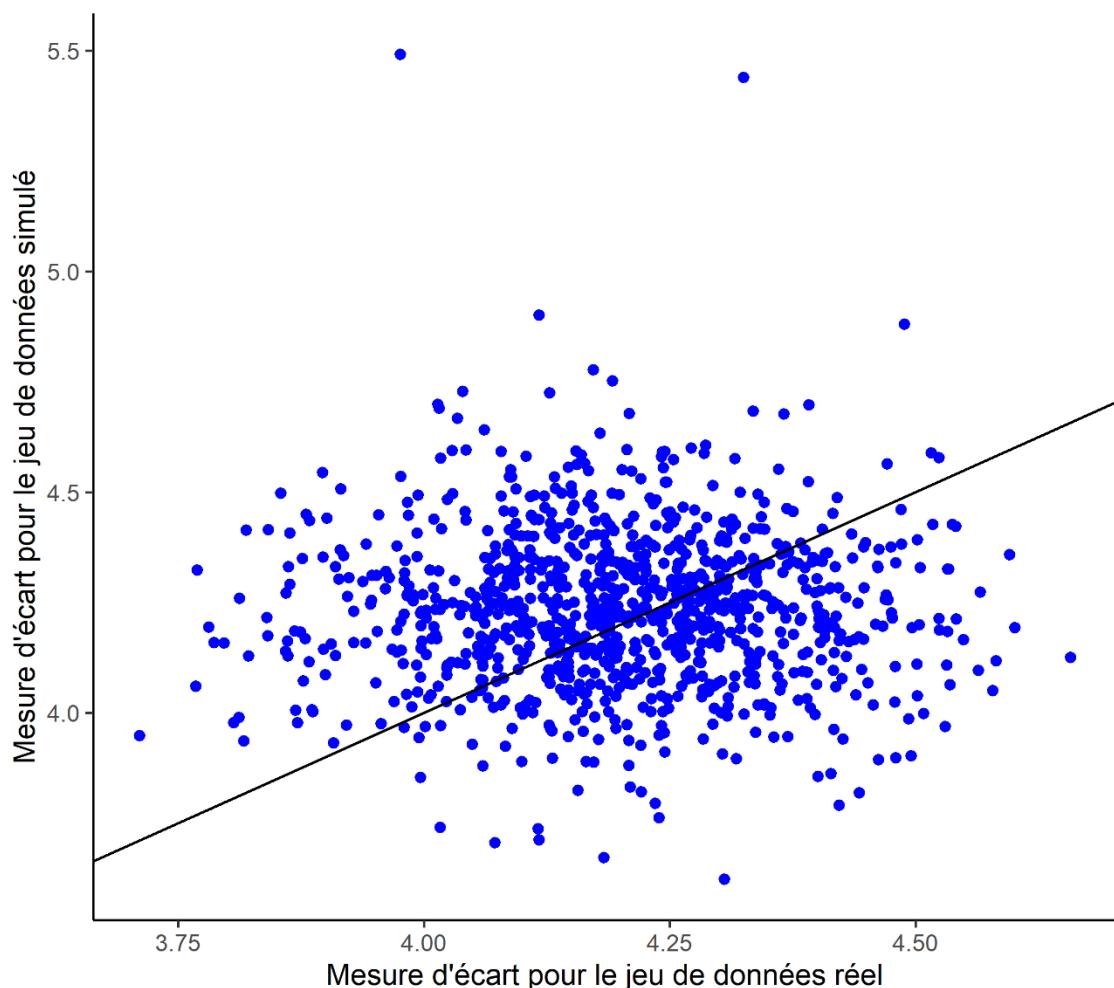
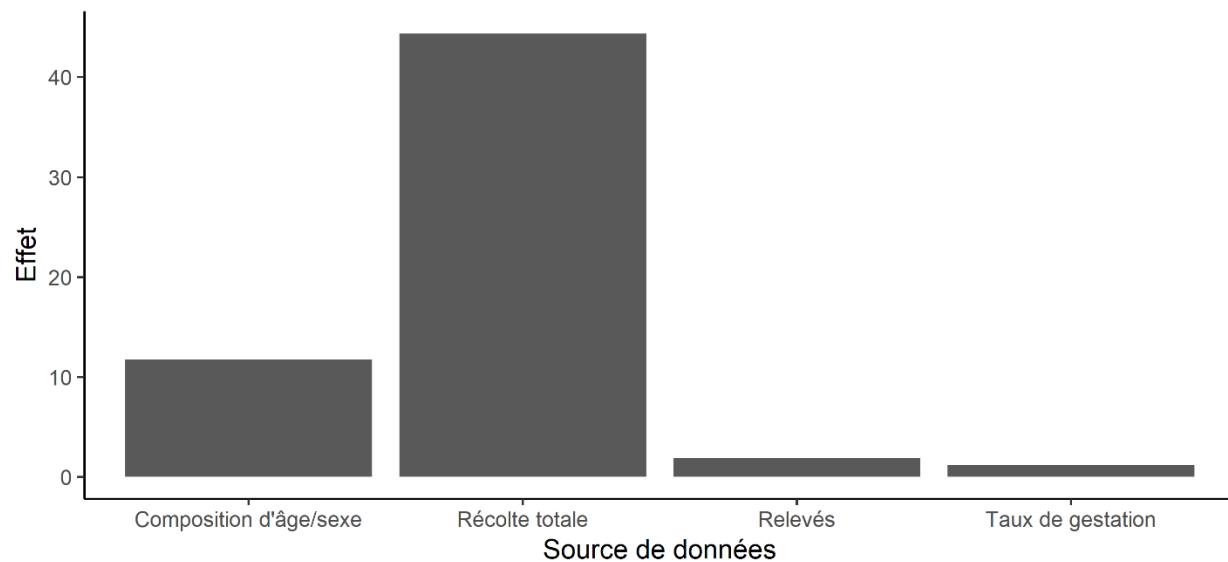


Figure A7. Corrélation entre la somme des carrés des résidus entre les observations et les prédictions fondées sur des modèles pour le modèle intégré de population.

A Effet cummulatif sur la distribution postérieure (somme des Pareto-K)



B Effet par observation sur la distribution postérieure (moyenne des Pareto-K)

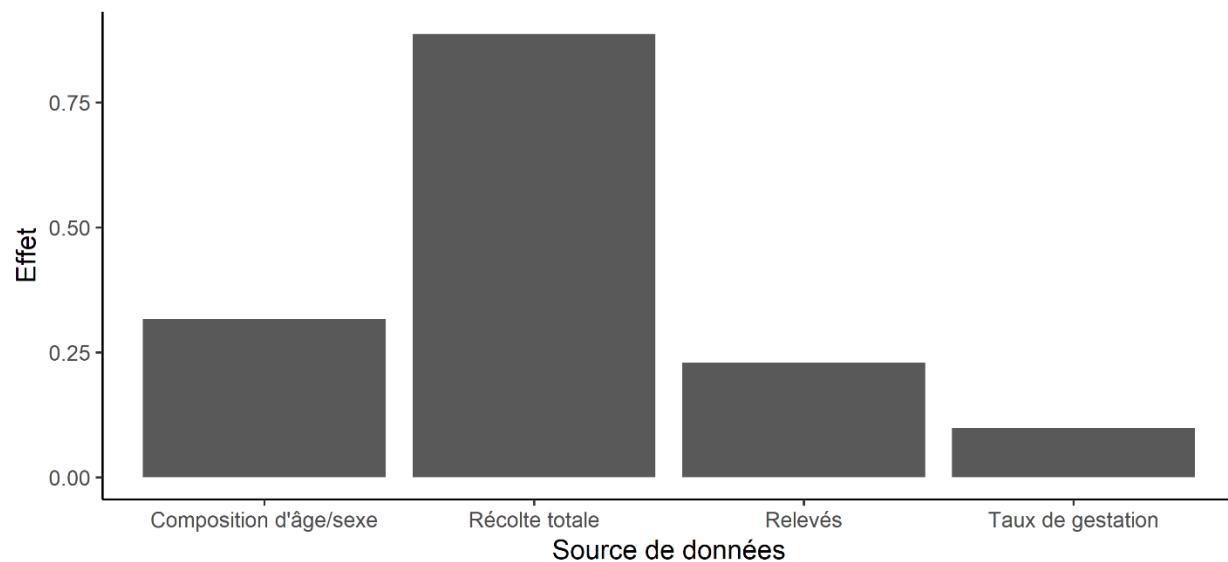


Figure A8. Contribution cumulative relative (A) et par observation (B) des quatre principales sources de données des estimations du modèle intégré de population.