Identification de deux espèces de sébastes, *Sebastes mentella* et *S. fasciatus,* dans les prises des pêches et des relevés par le nombre de rayons de la nageoire anale dans les unités 1 et 2

Caroline Senay, Tom Bermingham, Geneviève J. Parent, Hugues P. Benoît, Éric Parent, et Audrey Bourret

Pêches et Océans Canada Institut Maurice-Lamontagne Mont-Joli, QC G5H 3Z4

2022

Rapport technique canadien des sciences halieutiques et aquatiques 3445





Rapport technique canadien des sciences halieutiques et aquatiques

Les rapports techniques contiennent des renseignements scientifiques et techniques qui constituent une contribution aux connaissances actuelles, mais qui ne sont pas normalement appropriés pour la publication dans un journal scientifique. Les rapports techniques sont destinés essentiellement à un public international et ils sont distribués à cet échelon. Il n'y a aucune restriction quant au sujet; de fait, la série reflète la vaste gamme des intérêts et des politiques de Pêches et Océans Canada, c'est-à-dire les sciences halieutiques et aquatiques.

Les rapports techniques peuvent être cités comme des publications à part entière. Le titre exact figure au-dessus du résumé de chaque rapport. Les rapports techniques sont résumés dans la base de données *Résumés des sciences aquatiques* et halieutiques.

Les rapports techniques sont produits à l'échelon régional, mais numérotés à l'échelon national. Les demandes de rapports seront satisfaites par l'établissement auteur dont le nom figure sur la couverture et la page du titre.

Les numéros 1 à 456 de cette série ont été publiés à titre de Rapports techniques de l'Office des recherches sur les pêcheries du Canada. Les numéros 457 à 714 sont parus à titre de Rapports techniques de la Direction générale de la recherche et du développement, Service des pêches et de la mer, ministère de l'Environnement. Les numéros 715 à 924 ont été publiés à titre de Rapports techniques du Service des pêches et de la mer, ministère de la mer, ministère des Pêches et de l'Environnement. Les numéros 715 à 924 de l'Environnement. Les numéros 2000 de la Service des pêches et de la mer, ministère des Pêches et des Pêches et de la mer, ministère des Pêches et de la mer, mi

Canadian Technical Report of Fisheries and Aquatic Sciences

Technical reports contain scientific and technical information that contributes to existing knowledge but which is not normally appropriate for primary literature. Technical reports are directed primarily toward a worldwide audience and have an international distribution. No restriction is placed on subject matter and the series reflects the broad interests and policies of Fisheries and Oceans Canada, namely, fisheries and aquatic sciences.

Technical reports may be cited as full publications. The correct citation appears above the abstract of each report. Each report is abstracted in the data base *Aquatic Sciences and Fisheries Abstracts*.

Technical reports are produced regionally but are numbered nationally. Requests for individual reports will be filled by the issuing establishment listed on the front cover and title page.

Numbers 1-456 in this series were issued as Technical Reports of the Fisheries Research Board of Canada. Numbers 457-714 were issued as Department of the Environment, Fisheries and Marine Service, Research and Development Directorate Technical Reports. Numbers 715-924 were issued as Department of Fisheries and Environment, Fisheries and Marine Service Technical Reports. The current series name was changed with report number 925.

Rapport technique canadien des sciences halieutiques et aquatiques 3445

2022

IDENTIFICATION DE DEUX ESPÈCES DE SÉBASTES, SEBASTES MENTELLA ET S. FASCIATUS, DANS LES PRISES DES PÊCHES ET DES RELEVÉS PAR LE NOMBRE DE RAYONS DE LA NAGEOIRE ANALE DANS LES UNITÉS 1 ET 2

par

Caroline Senay, Tom Bermingham, Geneviève J. Parent, Hugues P. Benoît, Éric Parent, et Audrey Bourret

Pêches et Océans Canada Institut Maurice-Lamontagne Mont-Joli, QC G5H 3Z4

© Sa Majesté la Reine du Chef du Canada, 2022.

N° de cat. Fs97-6/3445F-PDF

ISBN 978-0-660-42509-2

ISSN 1488-545X

On doit citer la publication comme suit:

Senay, C., Bermingham, T., Parent, G.J., Benoît, H. P., Parent, E., Bourret, A. 2022. Identification de deux espèces de sébastes, *Sebastes mentella* et *S. fasciatus*, dans les prises des pêches et des relevés par le nombre de rayons de la nageoire anale dans les unités 1 et 2. Rapp. tech. can. sci. halieut. aquat. 3445 : viii + 48 p.

TABLE DES MATIÈRES

L	.IST	E DES TA	BLEAUX	iv
L	.IST	E DES FIG	SURES	v
R	(ÉS	UMÉ	v	′ii
A	BS	TRACT	v	iii
1	. I	INTRODU	CTION	1
2	. I	MATÉRIEL	L ET MÉTHODES	4
	2.1 en	l Identif tre le MDH	ication des espèces au niveau individuel à l'aide de la génétique : comparaison I-A*et les microsatellites	.4
	2.2 na	2 Compo geoire ana	osition par espèce au niveau des prises d'après le nombre de rayons mous de la le	.5
	2.3 ray	3 Estima /ons mous	ation de la composition des prises de sébastes et des biais associés d'après les de la nageoire anale	.6
	2.4 éc	4 Valida hantillonne	tion du décompte des rayons de nageoire anale par les observateurs en mer et les eurs à quai	3 .7
	2.5	5 Répar	tition des espèces en fonction des gradients d'espace et de profondeur	9
3	. I	RÉSULTA	TS	9
	3.1 en	I Identif tre le MDH	ication des espèces au niveau individuel à l'aide de la génétique : comparaison I-A* et les microsatellites	.9
	3.2 na	2 Compo geoire ana	osition par espèce au niveau des prises d'après le nombre de rayons mous de la le1	.0
	3.3 ray	3 Estima /ons mous	ation de la composition des prises de sébastes et des biais associés d'après les de la nageoire anale	2
	3.4 éc	4 Valida hantillonne	tion du décompte des rayons de nageoire anale par les observateurs en mer et les eurs à quai1	s .3
	3.5	5 Répar	tition des espèces en fonction des gradients d'espace et de profondeur1	4
4	. I	DISCUSSI	ON1	5
5		RÉFÉREN	CES CITÉES 1	8
6	-	TABLEAU	Χ2	0
7	. I	FIGURES.		6
8	. /	ANNEXES	÷	5
	٨N	INEXE 1 :	PROTOCOLE DES OBSERVATEURS EN MER 4	5
	AN OE	INEXE 2 : BSERVATE	FORMULAIRE SUR LES RAYONS MOUS DE LA NAGEOIRE ANALE POUR LES EURS EN MER COUVRANT LES ACTIVITÉS DE PÊCHE DIRIGÉE AUX	;
	SE AN	INEXE 3 :		.8

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 5. Nombre (a) et proportion (b) d'individus par catégories de décompte des RMNA po	ur
chaque génotype du MDH-A* pour les 2 780 poissons échantillonnés en juillet et novembre 19	995 à
1998 dans l'unité 2	24

LISTE DES FIGURES

Figure 1. Divisions et zones unitaires de l'Organisation des pêches de l'Atlantique Nord-Ouest (OPANO) (a), et unités de gestion 1 et 2 (b). ÎPÉ. = Île-du-Prince-Édouard, NÉ. = Nouvelle-Écosse, ÉU. = États-Unis d'Amérique
Figure 2. Effort d'échantillonnage dans les unités 1 (1 562 individus) et 2 (2 780 individus) entre 1994 et 1997 et entre 1995 et 1998, respectivement, pour la distribution du nombre de RMNA fondée sur le génotype du MDH-A*. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus échantillonnés27
Figure 3. Distributions du nombre de RMNA propres à l'espèce : a) inférées pour l'unité 1d'après le génotype du MDH-A* et b) décalées par rapport aux distributions inférées afin de réduire leur corrélation positive dans une simulation théorique
Figure 4. Emplacement des voyages de pêche dirigée aux sébastes échantillonnés par des observateurs en mer : a) activités de pêche couvertes par des observateurs en mer en violet et en vert pour celles qui ont été validées à l'IML; b) composition par espèce pour chaque échantillon; c) gros plan du polygone rouge illustrant la composition par espèce pour les activités de pêche survenues entre novembre 2018 et mars 2019 et d) entre octobre et décembre 201929
Figure 5. Répartition spatiale dans les unités 1 et 2 (entre 2001 et 2002) pour les sébastes identifiés de l'une ou l'autre espèce (S. mentella et S. fasciatus) selon deux méthodes différentes : le génotype du MDH-A* et quatre microsatellites avec une probabilité minimale d'appartenance de 95 %. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus identifiés
Figure 6. Distribution des proportions de décompte des RMNA par espèce identifiée par le génotype MDH-A* pour les sébastes échantillonnés en août 1994 à 1997 dans l'unité 1, et en juillet et novembre 1995 à 1998 dans l'unité 2
Figure 7. Répartition spatiale dans les unités 1 et 2 (entre août 2001 et septembre 2014) pour les sébastes d'une longueur à la fourche minimale de 150 mm identifiés de l'une ou l'autre des espèces (S. mentella et S. fasciatus) selon quatre microsatellites avec une probabilité d'appartenance minimale de 95 %. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus
Figure 8. Distribution des proportions de nombre des RMNA par espèce identifiée par quatre microsatellites pour les poissons échantillonnés entre août 2001 et septembre 2014 dans les deux unités
Figure 9. Comparaison de la distribution des nombres de RMNA par espèce (S. fasciatus et S. mentella) entre le MDH-A* et les microsatellites pour chaque unité séparément
Figure 10. Proportions moyennes estimées de S. fasciatus dans une prise en tant que fonction des proportions simulées (vraies) pour l'approche de la distribution de mélange multinomial (symboles ouverts) et l'approche du chi-carré (symboles pleins) pour deux tailles de l'échantillon simulées, n=25 (symboles bleus) et n=200 (symboles noirs et gris). La ligne rouge indique une relation 1:1. Le graphique de droite agrandit simplement les résultats pour les proportions de 0,75 et plus
Figure 11. Taux de couverture nominal des intervalles de confiance à 95 % pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles d'échantillon

Figure 13. Proportions moyennes estimées de S. fasciatus dans une prise pour des simulations avec changement théorique dans la distribution des RMNA propre à l'espèce, en tant que fonction des proportions simulées (vraies) pour l'approche de la distribution de mélange multinomial (symboles ouverts) et l'approche du chi-carré (symboles pleins) pour deux tailles d'échantillon simulées, n=25 (symboles bleus) et n=200 (symboles noirs et gris). La ligne rouge indique une relation 1:1. Le graphique de droite agrandit simplement les résultats pour les proportions de 0,75 et plus.

Figure 15. Étendue (envergure) de l'intervalle de confiance (IC) pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles d'échantillon, pour des simulations avec changement théorique de la distribution des RMNA spécifique à l'espèce......40

Figure 16. Distribution de la fréquence de l'erreur minimale observable (EMO, %) dans les 118 traits couverts par un observateur en mer et validés par un biologiste du MPO.41

Figure 17. Série chronologique montrant l'évolution de l'erreur minimale observable (EMO, %) pour toutes les activités de pêche fructueuses, dans l'ordre chronologique, pour les quatre voyages couverts par des observateurs en mer qui ont suivi une formation sur les RMNA peu de temps avant l'échantillonnage. Deux observateurs différents ont couvert deux voyages différents. Les numéros des voyages sont classés par ordre chronologique. La ligne pointillée représente l'erreur minimale observable moyenne pour chaque voyage. Chaque couleur représente une sortie en mer différente lors d'un même voyage.

Figure 18. Série chronologique montrant l'évolution de l'erreur minimale observable (EMO. %) pour toutes les activités de pêche fructueuses, dans l'ordre chronologique, pour les trois voyages couverts par des observateurs en mer qui ont suivi une formation sur les RMNA longtemps avant l'échantillonnage. La ligne pointillée représente l'erreur minimale observable moyenne pour chaque voyage. Chaque couleur représente une sortie en mer différente lors d'un même voyage.

Figure 19. Relation entre le pourcentage de S. fasciatus et la profondeur de l'eau. La composition par espèce est illustrée par un gradient de couleur allant du bleu au rouge, correspondant à 100 % de S. mentella et 100 % de S. fasciatus, respectivement. Tous les échantillons validés à l'IML sont présentés a), et par période à l'exclusion des échantillons du cône Laurentien, b) de novembre à décembre 2018, c) de janvier à mars 2019 et d) d'octobre à décembre 2019. La ligne en pointillés délimite 250 m sur l'axe des abscisses.

RÉSUMÉ

Senay, C., Bermingham, T., Parent, G.J., Benoît, H. P., Parent, E., Bourret, A. 2022. Identification de deux espèces de sébastes, *Sebastes mentella* et *S. fasciatus*, dans les prises des pêches et des relevés par le nombre de rayons de la nageoire anale dans les unités 1 et 2. Rapp. tech. can. sci. halieut. aquat. 3445 : viii + 48 p.

Deux espèces de sébastes sont présentes dans le golfe du Saint-Laurent (unité 1) et le chenal Laurentien (unité 2) : Sebastes mentella et S. fasciatus. Par contre, les deux espèces sont morphologiquement similaires et ont été identifiées comme "Sebastes spp." dans les évaluations de stocks jusqu'en 2010 et dans la pêcherie. Le locus de la malate déshydrogénase (MDH-A*) a été utilisé pour identifier génétiquement les espèces de sébastes au niveau individuel et pour déterminer la distribution des probabilités des décomptes de rayons mous de la nageoire anale (RMNA) qui sont utilisés pour estimer la composition des espèces au niveau des captures. Ce rapport documente la méthode des RMNA actuellement utilisée dans les relevés et comment elle pourrait être appliquée à la pêcherie. Les objectifs sont de 1- comparer les marqueurs de la MDH-A* et des microsatellites pour l'identification des espèces au niveau individuel, 2- décrire la composition des espèces au niveau des captures à l'aide des décomptes des RMNA, 3- estimer la composition des espèces de sébastes dans les captures et décrire les biais associés aux décomptes des RMNA, 4- valider l'exactitude des données recueillies par les observateurs en mer (OEM) et les échantillonneurs à quai, et 5- évaluer la distribution des espèces par rapport aux gradients spatiaux et de profondeur. Nous avons démontré que l'identification des sébastes basée sur la MDH-A* peut conduire à des erreurs dans les distributions des décomptes des RMNA. De plus, le chevauchement des distributions des RMNA inférées pour les deux espèces a biaisé les estimations de la composition des espèces, en particulier lorsqu'une espèce domine la composition d'un échantillon. La validation des décomptes des RMNA a montré qu'une formation appropriée juste avant l'échantillonnage ainsi que l'expérience peuvent améliorer la précision des données.

ABSTRACT

Senay, C., Bermingham, T., Parent, G.J., Benoît, H. P., Parent, E., Bourret, A. 2022. Identification de deux espèces de sébastes, *Sebastes mentella* et *S. fasciatus*, dans les prises des pêches et des relevés par le nombre de rayons de la nageoire anale dans les unités 1 et 2. Rapp. tech. can. sci. halieut. aquat. 3445 : viii + 48 p.

Two species of Redfish are present in the Gulf of St. Lawrence (Unit 1) and Laurentian Channel (Unit 2): Sebastes mentella and S. fasciatus. However, both species are morphologically similar and have been identified as "Sebastes spp." in both stock assessments until 2010 and in the fishery. The malate dehydrogenase locus (MDH-A*) has been used to genetically identify Redfish species at the individual level and to determine the probability distribution of soft anal fin ray (AFR) counts which are used to estimate species compositions at the catch level. This report documents the AFR method that is currently used in survey and how it could be applied to the fishery. The objectives are to 1- compare MDH-A* and microsatellite markers for species identification at the individual level, 2- describe species composition at the catch level using AFR counts, 3- estimate Redfish species composition in catches and describe biases using AFR counts, 4- validate the accuracy of data collected by observers-at-sea (ASO) and portsamplers, and 5- assess species distribution relative to spatial and depth gradients. We have shown that Redfish identification based on MDH-A* can lead to errors in the AFR count distributions. Moreover, overlap in the inferred AFR distributions for the two species biased estimates of species composition particularly when one species dominates the composition of a sample. Validation of AFR counts showed that proper training shortly before sampling as well as experience can improve data accuracy.

1. INTRODUCTION

La pêche aux sébastes dans le golfe du Saint-Laurent (unité 1; divisions 4RST de l'Organisation des pêches de l'Atlantique Nord-Ouest (OPANO) et, de janvier à mai, sousdivisions 3Pn4Vn de l'OPANO) et dans le chenal Laurentien (unité 2; divisions 3Ps4Vs, 4Wfgj de l'OPANO et, de juin à décembre, divisions 3Pn4Vn de l'OPANO; figure 1) vise deux espèces, *Sebastes mentella* et *S. fasciatus*. Entre le milieu des années 1950 et l'année 1993, elle a été caractérisée par trois périodes d'exploitation intense qui étaient étroitement liées au recrutement d'une ou de plusieurs classes d'âge vigoureuses. Une chute soudaine des débarquements et l'absence de fort recrutement ont conduit à l'établissement d'un moratoire sur les sébastes dans l'unité 1 en 1995 et à une réduction du total autorisé des captures (TAC) dans l'unité 2 (8 500 tonnes (t) depuis 2006). À partir de 2021, la pêche aux sébastes est toujours sous moratoire dans l'unité 1, et une pêche indicatrice y est autorisée depuis 1998. Le TAC de la pêche indicatrice est de 2 000 t par année de gestion depuis 1999 et peut être récolté du 15 juin au 31 octobre (Senay *et al.* 2021).

Compte tenu de l'arrivée sans précédent de cohortes fortes (2011, 2012 et 2013), dominées par *S. mentella* (déterminé morphologiquement et génétiquement), le MPO a réalisé une évaluation du stock (MPO 2018a) et une évaluation de la stratégie de gestion (MPO 2018b) en 2018. Les processus d'avis scientifiques ont conclu que les taux d'exploitation et le TAC devraient probablement être limités pour protéger *S. fasciatus*, qui se situe toujours dans la zone de prudence de l'approche de précaution (Senay *et al.* 2021). À moins que la pêche ne puisse cibler *S. mentella* sélectivement, *S. fasciatus* agirait de fait comme une espèce déterminante et limiterait la récolte totale de sébastes.

Une pêche expérimentale a été établie dans l'unité 1 en 2018, avec un quota supplémentaire de 2 500 t pour 2018-2019, 3 950 t pour 2019-2020, 3 681 t pour 2020-2021 et 5 463 t pour 2021-2022, qui peut être pêché toute l'année. Les objectifs de la pêche expérimentale étaient d'élaborer des stratégies de pêche pour cibler *S. mentella,* d'étudier les moyens de limiter les prises accessoires et la capture de sébastes de taille non réglementaire, ainsi que de mieux comprendre la répartition spatio-temporelle des deux espèces de sébastes et des prises accessoires.

Les données fournies par les observateurs en mer et les échantillonneurs à quai de Pêches et Océans Canada (MPO) sont utilisées pour surveiller la taille et la composition par espèce des prises de la pêche. Le programme des observateurs en mer est constitué de sociétés privées qui couvrent un certain pourcentage des voyages de pêche. Ce programme est la seule source de données sur les rejets en mer et fournit des informations pour certaines activités de pêche, un trait de chalut ou la levée d'un engin fixe. Les échantillonneurs à quai sont des employés du MPO qui effectuent un relevé sur une partie des débarquements afin de recueillir des renseignements sur les prises. Cependant, les données des échantillonneurs à quai ne sont pas associées à des traits de pêche précis, mais plutôt à des débarquements agrégés provenant de différents voyages de pêche. Les deux espèces de sébastes étaient collectivement identifiées comme « Sebastes spp. » dans les programmes de surveillance des pêches dans le passé, en raison des difficultés à les distinguer facilement au niveau macroscopique. En effet, *S. mentella* et *S. fasciatus* sont morphologiquement très similaires et aucun caractère taxonomique unique ne permet de différencier efficacement les espèces de sébastes au niveau individuel (c'est-à-dire l'identité de l'espèce d'un seul poisson).

On a recouru à des techniques génétiques (p. ex. locus de la malate déshydrogénase (*MDH-A**), microsatellites, polymorphismes mononucléotidiques) pour déterminer les espèces de sébastes et, dans une certaine mesure, *Sebastes spp.* peut également être différencié au niveau des prises à l'aide de caractères méristiques et de différences morphologiques fines, comme le nombre de rayons mous de la nageoire anale (RMNA), les points de passage du muscle extrinsèque de la vessie gazeuse (MEVN) et la forme générale du poisson (Valentin *et al.* 2014, Benestan *et al.* 2021, Senay *et al.* 2021).

Les études sur les méthodes moléculaires permettant d'identifier S. mentella et S. fasciatus dans l'Atlantique Nord-Ouest ont commencé au début des années 1980 (Payne et Ni 1982, McGlade et al. 1983). Tout d'abord, on a identifié le MDH-A* comme un marqueur génétique approprié pour différencier les deux espèces, les homozygotes pour l'allèle 1 (MDH-A11) ont été identifiés comme S. mentella et les homozygotes pour l'allèle 2 (MDH-A22) comme S. fasciatus. Les individus hétérozygotes (MDH-A12) étaient initialement classés comme des spécimens non identifiés ou « inconnus », mais les travaux ultérieurs de Valentin et ses collaborateurs (2006) ont montré que ces individus se trouvaient souvent dans des zones et à des profondeurs où l'on trouvait principalement S. mentella. Les hétérozygotes ont donc été classés comme S. mentella pour une détermination plus poussée de la répartition des RMNA afin d'estimer la composition par espèce. Plus tard, en 1999, un nouvel ensemble de marqueurs génétiques composé de huit loci microsatellites a été publié et s'est révélé très fiable pour la différenciation de S. fasciatus et S. mentella dans l'Atlantique Nord-Ouest (Roques et al. 1999a). Dans les unités 1 et 2, quatre loci microsatellites parmi ces huit étaient suffisants pour identifier les espèces au niveau individuel (Roques et al. 1999b). Dans d'autres travaux, Valentin et ses collaborateurs (2014) ont utilisé 13 loci microsatellites différents pour identifier non seulement les espèces, mais aussi des groupes génétiques intraspécifiques distincts (p. ex. S. mentella des eaux peu profondes et profondes et S. fasciatus de la baie Bonne) et des mélanges entre les espèces. Lorsque l'on utilise des microsatellites, certains poissons peuvent être classés comme « inconnus » du fait de différents niveaux de probabilité d'appartenance (c'est-à-dire la probabilité d'appartenir à une espèce). Plus récemment, Benestan et ses collaborateurs (2021) ont utilisé 24 603 polymorphismes mononucléotidiques pour différencier les espèces et les groupes génétiques intraspécifiques avec une plus grande précision qui ne produisait pas d'individus « inconnus ». Malheureusement, toutes ces méthodes génétiques prennent du temps et sont plutôt coûteuses, ce qui limite leur utilisation en tant qu'outil de surveillance efficace à l'échelle de toute une pêche; d'autres approches d'identification des espèces sont donc nécessaires.

Plusieurs études ont été menées dans le cadre du programme de recherche multidisciplinaire sur les sébastes entre 1995 et 1998 (Gascon 2003), dans le but de

choisir les caractéristiques morphologiques les plus efficaces pour différencier les deux espèces à un coût raisonnable. En général, les individus *S. mentella* étaient caractérisés par des RMNA plus nombreux et des points de passage du muscle extrinsèque de la vessie gazeuse entre les côtes deux et trois, et les individus *S. fasciatus* par des RMNA moins nombreux et des points de passage du muscle extrinsèque de la vessie gazeuse entre les côtes trois et quatre (Rubec *et al.* 1991, Gascon 2003). Malheureusement, la cohérence entre ces deux méthodes est variable. La concordance entre ces caractéristiques peut être élevée dans les zones allopatriques, les régions fréquentées par une seule espèce, mais diminue sensiblement dans les zones sympatriques, les régions où les deux espèces sont présentes, comme les unités 1 et 2 (Valentin *et al.* 2006). En effet, on a relevé une fréquence accrue de spécimens présentant des traits intermédiaires pour les points de passage du muscle extrinsèque de la vessie gazeuse (p. ex. muscle bifide passant entre les côtes deux et trois, et trois et quatre) dans les unités 1 et 2, possiblement attribuable à une hybridation introgressive historique entre *S. mentella* et *S. fasciatus*.

On a également étudié si la forme générale du corps pourrait aider à différencier des deux espèces. La forme du corps différait entre *S. fasciatus* et *S. mentella* lorsque l'on utilisait le *MDH-A** pour identifier les espèces (Gascon 2003). *S. mentella* semble être plus fusiforme que *S. fasciatus*, une caractéristique qui pourrait refléter son comportement plus pélagique. Valentin et ses collaborateurs (2014) ont pu différencier de manière significative les différentes espèces (déterminées par 13 microsatellites) et les emplacements en fonction de la morphométrie géométrique axée sur des points de repère. Par exemple, conformément aux prédictions génétiques, la forme du corps était différente chez les individus *S. mentella* nordiques de la mer du Labrador et chez ceux du golfe du Saint-Laurent et du chenal Laurentien. La morphologie des individus *S. fasciatus* était similaire dans la région des Grands Bancs et à la limite sud de l'unité 2, mais différente de celle des individus présents dans le golfe du Saint-Laurent et le chenal Laurentien. Bien que prometteuse, la morphométrie géométrique prend beaucoup de temps à réaliser.

Depuis 2010, l'évaluation des stocks des sébastes dans les unités 1 et 2 décrit les tendances pour chaque espèce séparément en utilisant la méthode de décompte des RMNA fondée sur le MDH-A* et les données des relevés (MPO 2010). La méthode de décompte des RMNA, qui utilise un caractère externe pouvant être évalué assez rapidement et sans nécessiter d'outils spécialisés ou de formation complexe, a semblé optimale pour la surveillance à grande échelle des espèces de sébastes. Les RMNA sont un caractère méristique; les diverses espèces Sebastes en possèdent un nombre (ou état) différent (six à dix rayons). La distribution des nombres de RMNA est propre à l'espèce, mais il y a un chevauchement dans la distribution des fréquences de ces nombres entre S. mentella et S. fasciatus. On peut appliquer une approche de modélisation de la distribution de mélange fondée sur la distribution de fréquence empirique des RMNA pour chaque espèce en vue de déduire la composition par espèce d'une prise d'espèces mixtes dans laquelle on a prélevé un échantillon de RMNA. Actuellement, on détermine la composition par espèce de sébastes dans les prises des pêches et des relevés à l'aide d'une approche de type distribution de mélange utilisant le paramètre du chi-carré comme mesure de la concordance entre une distribution du

nombre de RMNA observée dans une prise et les distributions prédites à partir d'un mélange de distributions du nombre de RMNA inférées propres aux espèces. Dans sa mise en œuvre actuelle, une série de distributions prédites du nombre de RMNA est générée à partir d'une gamme de proportions de mélange variant entre l'intervalle [0,1] et on retient celle associée à la plus petite valeur de chi-carré. Cette approche est entièrement numérique et ne permet donc pas de produire facilement des intervalles de confiance de la probabilité de mélange sélectionnée, bien qu'il soit possible d'en obtenir par bootstrap. En outre, la fiabilité de cette approche n'a jamais été évaluée à l'aide de simulations.

En 2018, un nouveau protocole a été mis en œuvre à la fois pour les observateurs en mer (Biorex au Québec, Seawatch à Terre-Neuve et Javitech dans les Maritimes) et les échantillonneurs à quai dans les unités 1 et 2 (annexe 1). Ce protocole consiste à compter le nombre de RMNA sur un échantillon aléatoire de 50 poissons. Dans la mesure du possible (en fonction des contraintes logistiques), les entreprises d'observateurs en mer et les échantillonneurs à quai devaient fournir des échantillons de sébastes congelés avant d'être expédiés à l'Institut Maurice-Lamontagne (IML) afin de valider la précision du décompte des RMNA. Des formulaires ont été élaborés pour consigner les nombres de RMNA (annexe 2), des bases de données ont été adaptées et une formation a été proposée aux principaux employés chargés de ces tâches. La formation consistait en des visites en personne d'un biologiste formé et expérimenté de la région du Québec du MPO, qui venait montrer comment compter les RMNA sur un minimum de 200 sébastes (annexe 3).

Le présent rapport décrit la méthode fondée sur les RMNA qui est actuellement utilisée dans les relevés et comment elle pourrait être appliquée à la pêche. Les objectifs de ce rapport sont les suivants : 1) comparer le *MDH-A** et les marqueurs microsatellites pour l'identification des espèces au niveau individuel; 2) décrire la composition par espèce au niveau des prises à l'aide des nombres de RMNA; 3) estimer la composition par espèce de sébastes dans les prises et décrire les biais lorsque l'on utilise les nombres de RMNA; 4) valider l'exactitude des données collectées par les observateurs en mer et les échantillonneurs à quai; et 5) évaluer les répartitions des espèces par rapport aux gradients spatiaux et de profondeur.

2. MATÉRIEL ET MÉTHODES

2.1 Identification des espèces au niveau individuel à l'aide de la génétique : comparaison entre le MDH-A* et les microsatellites

On a comparé deux méthodes génétiques, le *MDH-A** et les marqueurs microsatellites, afin de déterminer la précision de l'identification des espèces au niveau individuel. Pour ce faire, un total de 755 individus ont été échantillonnés à l'aide d'un chalut de fond dans l'unité 1 (n=202) et l'unité 2 (n=553) durant l'été et l'automne 2001 et 2002.

Pour l'identification des espèces à l'aide du *MDH-A**, on a séparé le lysat protéique provenant de tissus hépatiques congelés par électrophorèse sur acétate de cellulose. Les

allèles ont été identifiés tels que décrits dans Hebert et Beaton (1989), en utilisant un individu hétérozygote comme étalon pour l'électrophorèse. Les homozygotes pour l'allèle 1 (*MDH-A11*) et les hétérozygotes (*MDH-A12*) étaient identifiés comme *S. mentella*, et les homozygotes pour l'allèle 2 (*MDH-A22*) comme *S. fasciatus*.

Après les analyses du MDH-A*, on a procédé à l'identification des espèces avec les microsatellites en utilisant quatre des huit marqueurs originaux (Seb9, Seb25, Seb31 et Seb33; voir Rogues et al. 1999a); les loci ont été amplifiés et les produits ont été séparés selon les méthodes présentées dans Valentin et al. (2014). Un pipeline dans R nommé « SebAssign » a été mis au point pour identifier les espèces pour chaque poisson individuel (version 0.1.0; https://github.com/GenomicsMLI-DFO/SebAssign). Ce pipeline reposait sur le paquet AssignPop dans R, qui utilise des algorithmes supervisés d'apprentissage automatique (machine-learning) pour assigner des individus d'origine inconnue à des échantillons de référence (Chen et al. 2018). Les échantillons de référence provenant du golfe du Saint-Laurent pour chaque espèce (100 S. fasciatus et 81 S. mentella) ont été tirés de Benestan et al. (2021). La probabilité d'appartenance minimale de l'identification des espèces a été déterminée selon une approche de validation croisée de type Monte-Carlo à chaîne de Markov (MCMC) avec des sousensembles d'individus provenant des échantillons de référence (trois tailles d'ensembles de rodage, 100 itérations, tableau 1). Cing algorithmes d'apprentissage automatique différents ont été testés, et l'algorithme naïf de Bayes a donné le meilleur rendement et a été choisi pour effectuer les assignations génétiques. On a calculé pour chaque individu des ensembles d'essai, une probabilité d'appartenance à chaque groupe de référence, puis on a déterminé le pourcentage d'assignations vraies, fausses ou inconnues à des niveaux de probabilité d'appartenance minimale variant de 50 % à 95 %. On a comparé les approches d'identification des espèces par le MDH-A* et les microsatellites aux taux d'erreur de classification pour 386 spécimens pour lesquels l'approche par microsatellite n'a produit aucune fausse identification (tableau 2a). Cela a permis de quantifier l'exactitude du MDH-A* pour différencier les espèces de sébastes.

2.2 Composition par espèce au niveau des prises d'après le nombre de rayons mous de la nageoire anale

Les nombres de rayons mous de la nageoire anale (RMNA) ont été utilisés dans les données de la pêche et des relevés de recherche dans les unités 1 et 2 pour obtenir la composition par espèce, à savoir la proportion des prises attribuée à chaque espèce, d'après les distributions connues des RMNA. En tout, on a échantillonné 4 342 poissons pour créer la distribution inférée des RMNA d'après le *MDH-A** pour chaque espèce dans chaque unité (tableau 2b). Parmi ceux-ci, 1 562 avaient été capturés entre août 1994 et 1997 dans l'unité 1. La longueur à la fourche moyenne des poissons échantillonnés était de 261,4 mm (écart-type = \pm 95,7 ET), pour une gamme de 70 à 520 mm. La longueur de trois individus n'a pas été prise en compte car elle était considérée comme incorrecte (p. ex. 1,1 mm). L'échantillon était composé de 640 mâles, 706 femelles et 216 poissons dont le sexe n'a pas été déterminé. Pour l'unité 2, on a échantillonné 2 780 poissons de juillet à novembre de 1995 à 1998. La longueur à la fourche était caractérisée par une

moyenne de 286,0 mm (± 78,7 ET) et une gamme de 60 à 530 mm. L'échantillon contenait 1 414 mâles, 1 354 femelles et 12 poissons dont le sexe n'a pu être déterminé. L'étendue spatiale correspondant à cet ensemble de données couvre presque entièrement chaque unité (figure 2).

La distribution des nombres de RMNA est propre à l'espèce, mais il y a un chevauchement entre *S. mentella* et *S. fasciatus*. La proportion de chaque état dans un groupe de poissons donné (prises observées) peut être représentée par une distribution multinominale des proportions de RMNA. Si la distribution multinominale inférée pour les deux espèces est connue au préalable, une distribution pour chaque mélange possible des deux espèces peut être créée en pondérant la proportion de la distribution pour les deux espèces en fonction de leur contribution au mélange. Cela permet de créer une distribution multinominale unique pour toutes les compositions par espèce possibles, à laquelle on peut comparer la distribution des RMNA observée dans les prises en calculant le critère du chi-carré pour chaque possibilité. Le chi-carré le plus bas calculé représente la composition par espèce la plus vraisemblable pour la prise observée.

Un test statistique du chi-carré de Pearson pour la comparaison de distributions multinomiales a été effectué pour vérifier la signification statistique des paires de distributions inférées suivantes : 1 – *S. mentella* dans l'unité 1 à *S. mentella* dans l'unité 2; 2 – *S. fasciatus* dans l'unité 1 à *S. fasciatus* dans l'unité 1; et 4 – *S. mentella* dans l'unité 2 à *S. fasciatus* dans l'unité 2.

2.3 Estimation de la composition des prises de sébastes et des biais associés d'après les rayons mous de la nageoire anale

Une approche statistique a été élaborée pour estimer la composition par espèce des prises et les biais correspondants à partir d'un modèle de distribution de mélange multinomial. Soit $A = \{a1, ..., a5\}$ l'ensemble des nombres de rayons mous de la nageoire anale (RMNA) pour les classes allant de 6 (*a1*) à 10 (*a5*) rayons, et $S = \{s1, ..., sl\}$ un ensemble donné d'échantillons comprenant chacun un ensemble de nombres de rayons de nageoire. n_{ij} est la fréquence du nombre de RMNA a_j dans l'échantillon s_i . Soit $C = \{c1, c2\}$ l'ensemble des nombres de RMNA propres à l'espèce. La probabilité $P(s_i)$ que le nombre de RMNA pour l'échantillon s_i soit généré par un mélange multinomial est donnée par la formule

$$P(s_i) = \sum_{k=1}^{2} P(c_k) \prod_{j=1}^{5} P(a_j | c_k)^{n_{ij}}$$

où $P(c_k)$ est la probabilité que l'échantillon s_i soit tiré de la distribution des RMNA propre à l'espèce c_k et $P(a_j|c_k)$ est la probabilité que le nombre de RMNA a_j appartienne à c_k . Dans le cas présent, on suppose que les deux distributions des RMNA propres à l'espèce sont connues, d'après l'échantillonnage génétique et des analyses morphométriques. Par conséquent, seules les probabilités $P(c_k)$ sont estimées, et comme $\sum_{k=1}^{2} P(c_k) = 1$, un seul paramètre est nécessaire pour définir ces probabilités, qui représentent à leur tour l'estimateur du maximum de vraisemblance de la proportion de chaque espèce dans l'échantillon.

Dans la présente application, on a estimé la probabilité que *S. fasciatus* fasse partie de l'échantillon. L'estimation a été réalisée en utilisant le maximum de vraisemblance et a été mise en œuvre dans R en utilisant la fonction optim() pour minimiser la vraisemblance logarithmique négative. On estime le paramètre de la probabilité du mélange d'espèces sur l'échelle logit pour qu'il reste limité à l'intervalle [0,1]. Une erreur standard pour ce paramètre a été dérivée de la matrice hessienne, et un intervalle de confiance de la probabilité que *S. fasciatus* fasse partie de l'échantillon a été calculé par transformation logit inverse.

Des simulations ont été entreprises pour évaluer la fiabilité de l'approche de la distribution de mélange multinomial. On a généré des échantillons avec une probabilité connue de présence de *S. fasciatus* pour une taille d'échantillon donnée, et appliqué l'approche de la distribution de mélange multinomial pour estimer cette probabilité. Sur la base de 1 000 itérations, il a été possible d'évaluer les biais de la probabilité estimée, l'erreur d'estimation et le taux de couverture des intervalles de confiance. Des simulations ont été effectuées pour l'ensemble simulé de probabilités $P(c_{s,fasciatus}) = \{0,001, 0,01, 0,05, 0,1, 0,2, 0,4, 0,6, 0,8, 0,9, 0,95, 0,99, 0,999\}$ et l'ensemble de tailles de l'échantillon $n = \{25, 50, 100, 200\}$. Nous avons également évalué la fiabilité de l'approche numérique existante du paramètre du chi-carré en utilisant ces mêmes simulations. Contrairement à la pratique courante qui consiste à générer un ensemble fini de mélanges de RMNA parmi lesquels on sélectionne le plus probable, nous utilisons la fonction optim() pour identifier la probabilité qui minimise le paramètre du chi-carré.

Les simulations reposaient sur les distributions des décomptes de RMNA propres aux espèces inférées pour l'unité 1 (figure 3a). Ces distributions pour les deux espèces sont corrélées avec un coefficient de corrélation de Pearson de r = 0,311. Pour illustrer l'impact de ce niveau non négligeable de corrélation positive sur la fiabilité de la proportion estimée de *S. fasciatus* dans les échantillons, nous avons également entrepris des simulations dans lesquelles nous avons augmenté de un les décomptes de RMNA pour *S. mentella* et combiné les proportions pour les décomptes de neuf et dix rayons dans la catégorie pour dix rayons (figure 3b). Le décalage des distributions des RMNA des deux espèces l'une par rapport à l'autre produit une corrélation de r = -0,475 et a permis de quantifier l'effet du chevauchement des RMNA entre les espèces sur les biais de la méthode des RMNA.

2.4 Validation du décompte des rayons de nageoire anale par les observateurs en mer et les échantillonneurs à quai

À la suite de la mise en œuvre d'un nouveau protocole pour les observateurs en mer et les échantillonneurs à quai, les échantillons de poissons pour lesquels le nombre de RMNA avait été enregistré ont été congelés et expédiés à l'Institut Maurice-Lamontagne où un biologiste formé et expérimenté du MPO a validé le décompte de RMNA. Cette validation était réalisée pour l'ensemble de l'échantillon de poissons, plutôt que pour le décompte de RMNA des poissons individuels, car ils n'étaient pas étiquetés individuellement. Néanmoins, la comparaison des décomptes de RMNA entre un certain nombre d'échantillons a permis de calculer les pourcentages d'erreur minimale observable (EMO).

Les observateurs en mer peuvent être déployés lors de nombreux voyages de pêche. Un seul voyage correspond à une période de temps pendant laquelle un observateur est affecté à un seul navire de pêche. Au cours de cette période, il peut y avoir plusieurs activités de pêche (traits de chalut), dont certains traits sont échantillonnés. Un trait typique peut durer de moins d'une heure à plusieurs heures. Entre novembre 2018 et octobre 2020, les entreprises d'observateurs en mer ont couvert 42 voyages uniques dans les deux unités (11 voyages pour Biorex, 19 pour Javitech et 12 pour Seawatch), pour un total de 347 traits individuels, dont 34,01 % (118 traits : cinq pour Biorex, cinq pour Javitech, et 108 pour Seawatch) ont été validés. La majorité de ces activités de pêche ont eu lieu dans les chenaux plus profonds du golfe et une petite proportion provenait du cône Laurentien, qui est situé dans la partie sud de l'unité 2 (figure 4a). Cette ségrégation de la pêche aux sébastes dans les chenaux plus profonds du golfe peut s'expliquer par le fait que les activités de pêche dirigée aux sébastes sont interdites à des profondeurs de moins de 183 m (Senay et al. 2021). La répartition spatiale des données validées est également limitée dans le golfe à la côte sud-ouest de Terre-Neuve, principalement pour des raisons logistiques, le stockage et l'expédition des échantillons congelés étant plus faciles dans la région de Port-aux-Basques. Parmi ces activités, 107 traits provenaient de sept voyages distincts, chacun composé de neuf à vingt traits, tous enregistrés en ordre chronologique. Sur ces sept voyages, quatre ont été effectués par deux observateurs différents, chacun couvrant deux voyages consécutifs; le premier voyage a eu lieu environ six semaines après la formation initiale et le second plusieurs semaines plus tard. Les trois autres voyages ont été effectués par trois observateurs différents, plus de six mois après la formation. Ces deux groupes de voyages ont été gualifiés respectivement de « courte période après la formation » et de « longue période après la formation », et ont été sélectionnés afin d'évaluer l'effet potentiel du temps écoulé entre la formation et son application sur le taux d'erreur.

Nous avons comparé les décomptes de RMNA issus des observations sur le terrain et de la validation à l'Institut Maurice-Lamontagne. Étant donné qu'une seule erreur de comptage dans le décompte se reflète dans deux catégories de RMNA, nous avons calculé le pourcentage d'erreur minimale observable dans l'échantillon $i (EMO_i)$ selon la formule suivante :

$$EMO_{i} = \left(\frac{\sum_{j=6}^{10} Abs(o_{ji} - v_{ji})}{2n_{i}}\right) 100$$

où o_{ji} est le nombre de poissons ayant le nombre *j* de RMNA décomptés par l'observateur en mer ou l'échantillonneur à quai dans l'échantillon *i*, v_{ji} est le nombre de poissons ayant le nombre *j* de RMNA validés décomptés par le biologiste du MPO dans l'échantillon *i*, et n_i est le nombre de poissons dans l'échantillon *i*. On multiplie ensuite le total est par 100 pour obtenir un pourcentage.

Pendant l'été 2019, cinq échantillons de 50 poissons provenant des échantillonneurs à quai ont également été congelés et expédiés à l'Institut Maurice-Lamontagne pour validation. En outre, l'erreur minimale observable a été quantifiée pour six personnes différentes ayant des niveaux d'expertise variés en matière de décompte des RMNA, allant de plusieurs décennies d'expérience à aucune. Les personnes sans expérience préalable ont suivi un tutoriel de 15 minutes suivi d'une validation sur 15 sébastes avant de procéder seules à des décomptes de RMNA.

2.5 Répartition des espèces en fonction des gradients d'espace et de profondeur

Un des objectifs de la pêche expérimentale aux sébastes dans l'unité 1 était de déterminer des stratégies de pêche pour cibler *S. mentella*, l'espèce de sébastes la plus abondante. Par conséquent, un nouveau protocole de décompte des RMNA pour les observateurs en mer a été élaboré (annexes 1 et 2). Dans cette section, nous avons utilisé uniquement les nombres validés afin de limiter l'incertitude possible du décompte. Nous avons repris les mêmes 118 traits de chalut (cinq pour Biorex, cinq pour Javitech et 108 pour Seawatch). Nous avons déterminé la composition par espèce en utilisant le critère du chi-carré minimum pour les distributions observées et inférées des RMNA. Nous avons obtenu ces distributions inférées à l'aide de la méthode d'identification des espèces par le *MDH-A** sur des poissons échantillonnés entre 1994 et 1998 dans les deux unités (tableau 2b). L'observateur en mer consignait les coordonnées géographiques et la profondeur de l'eau pour chaque trait. Cela a permis d'illustrer la structure de la composition par espèce dans la pêche aux sébastes en fonction de l'espace et de la profondeur.

3. RÉSULTATS

3.1 Identification des espèces au niveau individuel à l'aide de la génétique : comparaison entre le MDH-A* et les microsatellites

L'identification des espèces selon les deux approches génétiques était disponible pour 755 individus. Avec les microsatellites, nous avons utilisé une probabilité d'appartenance minimale de 95 % pour assigner les individus à une espèce, un seuil qui a donné le taux minimal d'erreur de classification (1,1 %) dans les essais de validation croisée par MCMC avec des échantillons de référence (tableau 1). Nous avons ainsi pu assigner 51 % du total des individus à l'une ou l'autre espèce. Les 49 % restants (386 spécimens) ont été classés comme « inconnus ». Parmi les individus dont nous avons pu déterminer l'appartenance à partir des marqueurs microsatellites, 114 poissons avaient été capturés dans l'unité 1. La longueur à la fourche des poissons échantillonnés était caractérisée par une moyenne de 326,7 mm (± 37,0 ET) et une gamme de 233 à 405 mm. L'échantillon contenait 53 mâles et 61 femelles. Dans l'unité 2, nous avons retenu 272 individus pour la comparaison. La longueur à la fourche de ces poissons était caractérisée par une

moyenne de 335,8 mm (± 49,6 ET) et une gamme de 227 à 511 mm. Cet échantillon était composé de 110 mâles et de 162 femelles. Les échantillons de l'unité 1 étaient concentrés dans la partie orientale du golfe du Saint-Laurent, près de la côte de Terre-Neuve, tandis que les échantillons de l'unité 2 étaient largement répartis au sud de Terre-Neuve (figure 5).

Nous avons estimé le taux d'erreur avec l'identification des espèces par le *MDH-A** en utilisant l'identification des espèces par les microsatellites avec une probabilité d'appartenance minimale de 95 % (tableau 3). Le taux d'erreur de classification le plus élevé pour les deux unités était associé aux hétérozygotes (tableau 3). En raison des taux élevés d'erreurs de classification (36,36 à 50,00 %) dans l'identification des espèces par le *MDH-A** des hétérozygotes, ils devraient être considérés comme « inconnus ». La fiabilité de l'identification des espèces diffère pour les individus homozygotes identifiés par le *MDH-A**. Le taux d'erreur était plus faible dans les deux unités pour *S. fasciatus*, identifié par le *MDH-A22*, par rapport à *S. mentella*. Les taux d'erreur de classification étaient près de cinq fois et deux fois plus grands pour *S. mentella* que pour *S. fasciatus* dans les unités 1 et 2, respectivement.

3.2 Composition par espèce au niveau des prises d'après le nombre de rayons mous de la nageoire anale

Bien que la section précédente ait montré que l'identification des sébastes par le MDH-A* présente des limites, nous décrivons ici comment les RMNA ont été utilisés jusqu'à présent pour estimer la composition par espèce. Le nombre et la proportion de chaque décompte de RMNA pour les différents génotypes de MDH-A* sont présentés dans les tableaux 4 et 5, pour l'unité 1 et l'unité 2, respectivement. Nous avons utilisé le MDH-A22 des homozygotes pour créer la distribution inférée du nombre de RMNA pour S. fasciatus. Dans l'unité 1, il s'agissait de 642 poissons avec une longueur à la fourche moyenne de 219,6 mm (± 73,2 ET) et une gamme de 70 à 440 mm. L'échantillon contenait 258 mâles, 271 femelles et 113 poissons dont le sexe n'a pu être déterminé. Dans l'unité 2, il s'agissait de 1 528 poissons avec une longueur à la fourche moyenne de 249,0 mm (± 72,8 ET) et une gamme de 60 à 530 mm. Cet échantillon contenait 741 mâles, 778 femelles et neuf poissons dont le sexe n'a pu être déterminé. Historiquement, les deux génotypes MDH-A11 et MDH-A12 étaient assignés à S. mentella. Dans l'unité 1, il s'agissait de 920 poissons avec une longueur à la fourche moyenne de 290,6 mm (± 97,0 ET) et une gamme de 70 à 520 mm. L'échantillon contenait 382 mâles, 435 femelles et 103 poissons dont le sexe n'a pu être déterminé. Dans l'unité 2, il s'agissait de 1 252 poissons avec une longueur à la fourche moyenne de 331,10 mm (± 59,9 ET) et une gamme de 90 à 490 mm. Cet échantillon contenait 673 mâles, 576 femelles et trois poissons dont le sexe n'a pu être déterminé.

Les distributions des nombres de RMNA propres à l'espèce (figure 6) différaient nettement entre les unités 1 et 2 pour les deux espèces (*S. mentella* : χ^2 = 34,80, valeur de p < 0,001; *S. fasciatus :* χ^2 = 34,34, valeur de p < 0,001). Les distributions des nombres de RMNA entre les espèces dans chaque unité étaient également statistiquement différentes (unité 1 : χ^2 = 537,81, valeur de p < 0,001; unité 2 : χ^2 = 1 394,00, valeur de p < 0,001). Pour *S. mentella*, dans les deux unités, huit RMNA étaient la caractéristique la plus commune, contre sept pour *S. fasciatus* (figure 6). Bien que les distributions des RMNA entre les deux espèces dans chaque unité soient nettement différentes, elles se chevauchent, en particulier pour les décomptes de sept et huit RMNA, comme les recherches antérieures permettaient de s'y attendre (Gascon 2003). Les différences importantes dans la distribution des nombres de RMNA propres aux espèces entre les deux unités expliquent l'utilisation des distributions des RMNA propres aux unités et aux espèces. Ces différences pourraient être dues à des conditions environnementales différentes ou à une composition génétique particulière dans l'espace.

En plus des poissons identifiés par le MDH-A*, nous avons utilisé 679 individus identifiés au niveau de l'espèce avec les loci microsatellites et une probabilité d'appartenance d'au moins 95 %. En tout, 121 individus ont été capturés dans l'unité 1 et avaient une longueur à la fourche moyenne de 323,5 mm (± 38,2 ET) et une gamme de 233 à 405 mm. L'échantillon comprenait 57 mâles et 64 femelles. Dans l'unité 2, les 558 individus avaient une longueur à la fourche moyenne de 317,0 mm (± 58,7 ET) et une gamme de 150 à 511 mm. Cet échantillon contenait 132 mâles, 190 femelles et 236 poissons dont le sexe n'a pu être déterminé (tableau 2c). La taille de l'échantillon de cet ensemble de données était plus petite que celle de l'ensemble utilisant le génotype au locus du MDH-A* (121 contre 1 562 pour l'unité 1 et 558 contre 2 780 pour l'unité 2). Nous avons donc regroupé les deux unités pour augmenter la taille de l'échantillon, décrire les distributions des RMNA d'après l'identification par les microsatellites et évaluer comment elles peuvent différer des distributions fondées sur le MDH-A*. Cette décision était également étayée par le manque de couverture spatiale dans l'unité 1. En effet, les échantillons de l'unité 1 sont limités à une petite zone, laissant la majeure partie de l'unité 1 non couverte. En revanche, la majorité de l'unité 2 a été échantillonnée (figure 7). Comme pour les distributions axées sur le MDH-A*, huit RMNA étaient la caractéristique la plus commune pour S. mentella, contre sept pour S. fasciatus, et les deux distributions se chevauchaient.

La comparaison des distributions du nombre de RMNA obtenues avec le *MDH-A** et les analyses des microsatellites pour chaque espèce dans chaque unité est illustrée sur la figure 9. Pour *S. mentella,* un test de chi-carré de Pearson a indiqué que les distributions des RMNA dans l'unité 1 étaient nettement différentes entre les méthodes d'identification (χ^2 = 21,98, valeur de p < 0,001). Cependant, il n'était pas statistiquement différent dans l'unité 2 (χ^2 = 7,43, valeur de p = 0,115). On a observé la tendance opposée pour les distributions des RMNA de *S fasciatus*, où le *MDH-A** et les analyses des microsatellites ont donné des résultats similaires dans l'unité 1 (χ^2 = 3,11, valeur de p = 0,376), mais différents dans l'unité 2 (χ^2 = 8,06 et valeur de p = 0,045). Il convient de faire preuve de prudence pour interpréter ces distributions car la fusion des deux unités n'a été réalisée qu'en raison de la petite taille de l'échantillon. Étant donné les différences marquées dans les distributions d'après le *MDH-A** entre les unités et les espèces, il serait souhaitable de recueillir plus de données dans les deux unités afin d'augmenter la taille de l'échantillon et d'améliorer la couverture spatiale, en particulier dans l'unité 1.

3.3 Estimation de la composition des prises de sébastes et des biais associés d'après les rayons mous de la nageoire anale

Les résultats des simulations ont révélé qu'aussi bien l'approche de la distribution de mélange multinomial que l'approche numérique du chi-carré prédisaient correctement la proportion des espèces (S. mentella ou S. fasciatus) dans les échantillons sans biais lorsque les proportions vraies se situaient approximativement entre 0,2 et 0,8. Cependant, à mesure que les proportions vraies tendaient vers les extrêmes, les proportions estimées étaient de plus en plus biaisées (figure 10). L'ampleur des biais était plus faible pour une taille de l'échantillon plus grande et plus importante pour l'approche numérique du chicarré pour des proportions vraies d'au moins 0,8. Aux extrêmes simulés et pour une taille de l'échantillon de 25 poissons, les biais étaient considérables avec des proportions estimées par le modèle de distribution de mélange multinomial d'environ 0,05 et 0,95, respectivement, pour des proportions simulées de 0,001 et 0,999. Ce résultat est particulièrement inquiétant pour les estimations des prises de S. fasciatus, beaucoup moins abondant. Cela pose une probabilité asymétrique de surestimer l'abondance de S. fasciatus lorsque la proportion vraie dans les prises est faible, ce qui pourrait entraver la capacité à suivre correctement la gravité des déclins, le cas échéant. Dans la pêche, si des mesures de gestion sont adoptées pour réduire les prises de S. fasciatus, les biais pourraient également générer une probabilité asymétrique de restrictions indues de la pêche (spatiales, temporelles ou autres).

Sur la gamme des proportions vraies simulées allant d'environ 0,2 à 0,8, la couverture des intervalles de confiance à 95 % n'était nominalement correcte que pour une taille de l'échantillon simulée de 200 et devenait trop prudente à mesure que la taille de l'échantillon diminuait (figure 11). En dehors de cette gamme de proportions vraies, la couverture était de moins en moins nominale à mesure que les probabilités tendaient vers les extrêmes. Cela s'explique certainement, au moins en partie, par les biais de l'estimation.

L'étendue des intervalles de confiance estimés était également une fonction de la taille de l'échantillon simulé (figure 12). Elle était très grande pour des tailles de l'échantillon de 25 et 50, ce qui montre que la précision des estimations de la proportion des espèces dans une prise sera faible pour de telles tailles.

Les simulations fondées sur la distribution décalée du décompte des RMNA de *S. mentella*, réduisant le chevauchement entre les nombres de RMNA des espèces, ont indiqué une fiabilité beaucoup plus élevée de l'approche de la distribution de mélange multinomial, ainsi que de l'approche du chi-carré. Les biais d'estimation étaient considérablement réduits et, pour une taille de l'échantillon de 200, ils étaient faibles même pour des proportions vraies extrêmes de 0,001 et 0,999 (figure 13). La couverture des intervalles de confiance était également nettement améliorée et atteignait les valeurs nominales ou s'en approchait pour toutes les proportions vraies, sauf les plus extrêmes (figure 14). En outre, la précision des estimations était également sensiblement améliorée (figure 15).

3.4 Validation du décompte des rayons de nageoire anale par les observateurs en mer et les échantillonneurs à quai

Les échantillons validés par des observateurs en mer comprenaient 5 724 poissons (tableau 2d), avec une longueur à la fourche moyenne de 234,7 mm (± 34,1 ET) et une gamme de 160 à 440 mm. L'échantillon contenait 3 003 mâles, 2 672 femelles et 49 poissons dont le sexe n'a pu être déterminé. En comparant les décomptes des RMNA effectués par les observateurs en mer avec les nombres validés mesurés à l'Institut Maurice-Lamontagne, l'erreur minimale observable moyenne était de 14,95 %, avec une valeur minimale de 0,00 % et une valeur maximale de 86,00 % (± 17,03 ET). La valeur médiane de l'erreur minimale observable était de 10,00 %, ce qui laissait 50,85 % des échantillons (60 sur 118) avec une erreur minimale observable supérieure à 10,00 % (figure 16).

L'erreur minimale observable moyenne pour les traits effectués peu de temps après la formation (moins de 6 semaines) était de 9,43 %, avec un minimum et un maximum de 0,00 et 28,00 %, respectivement (± 7,40 ET, figure 17). En revanche, pour les trois voyages qui ont eu lieu longtemps après la formation (plus de 6 mois), l'erreur minimale observable moyenne était deux fois plus importante (20,68 %), avec un minimum et un maximum de 2,00 et 75,11 %, respectivement (± 19,85 ET, figure 18). Bien que l'erreur minimale observable moyenne entre les observateurs varie dans le groupe qui a réalisé l'échantillonnage peu après la formation et dans celui qui a échantillonné longtemps après la formation, il y a très peu de chevauchement entre les deux groupes. En fait, l'erreur minimale observable moyenne individuelle la plus élevée était de 13,37 % lorsque l'observateur en mer avait été formé peu de temps avant l'échantillonnage (figure 17) et la plus faible était de 12,49 % lorsqu'il avait été formé longtemps avant l'échantillonnage (figure 18), ce qui indique que le moment de la formation est crucial pour la fiabilité des données.

Les figures 17 et 18 permettent toutes deux de penser que les observateurs peuvent améliorer la précision de leurs décomptes des RMNA en se familiarisant davantage au nouveau protocole. Par exemple, l'erreur minimale observable des deux observateurs qui ont échantillonné peu de temps après la formation était plus faible lors du deuxième voyage par rapport au premier, passant de 9,78 à 5,78 % pour l'observateur 1, et de 13,37 à 5,33 % pour l'observateur 2 (figure 17). De même, l'erreur minimale observable de l'observateur 1, qui a été formé longtemps avant l'échantillonnage, était élevée, à 62,89 % lors de la première sortie, mais a ensuite chuté à 14,42 % pour le reste du voyage (figure 18). Cela dit, l'amélioration avec le temps ne se produit pas toujours, comme le montre la dernière sortie de l'observateur 2, qui a échantillonné longtemps après la formation (figure 18). D'autres facteurs peuvent entrer en jeu, comme la fatigue ou le mauvais temps.

D'autres décomptes des RMNA provenant d'autres sources ont été validés. Dans les échantillons examinés par les échantillonneurs à quai, l'erreur minimale observable moyenne était de 3,30 % et s'échelonnait de 0,00 à 7,30 %. La comparaison effectuée à

l'Institut Maurice-Lamontagne avec six personnes différentes ayant des niveaux d'expérience variés du décompte des RMNA, allant de plusieurs décennies à aucune, a donné un pourcentage d'erreur moyen de 1,66 %. Ce pourcentage d'erreur variait de 0,00 à 3,28 % entre les six individus. Dans l'ensemble, ces résultats ont montré que le moment de la formation est essentiel pour le rendement initial de l'observateur et que la formation doit être dispensée peu de temps avant l'échantillonnage afin de réduire les erreurs dans le décompte des RMNA. De plus, le rendement de trois des cinq observateurs s'est amélioré à mesure qu'ils acquéraient de l'expérience dans le domaine.

3.5 Répartition des espèces en fonction des gradients d'espace et de profondeur

Pour les 118 échantillons, nous avons estimé la composition par espèce en utilisant la distribution des RMNA et en réduisant le critère du chi-carré. Le pourcentage moyen de *S. fasciatus* était de 12,49 % (\pm 28,48 ET) et variait de 0,00 à 100,00 % entre les échantillons. Les cinq échantillons de la zone du cône Laurentien étaient dominés par *S. fasciatus* (figure 4a). Pour mieux illustrer la répartition spatiale près de la côte sud-ouest de Terre-Neuve, les données ont été divisées selon la période d'échantillonnage. Entre novembre 2018 et mars 2019, le pourcentage moyen de *S. fasciatus* était de 16,21 % (\pm 24,93 ET) et variait de 0,00 à 100,00 % (figure 4c). En octobre et décembre 2019, on a observé un pourcentage moyen de *S. fasciatus* de 0,77 % (\pm 3,08 ET), variant entre 0 et 18,12 % (figure 4d). Visuellement, nous n'avons pas pu identifier de structure spatiale qui pourrait être attribuée à la zone limitée couverte par cet échantillonnage.

La composition par espèce en fonction de la profondeur pour les 118 traits de chalut a montré que S. fasciatus se trouvait à des profondeurs plus faibles que S.mentella, sauf pour dans le cône Laurentien, où S. fasciatus était à des profondeurs plus grandes (figure 19a), ce qui correspond aux connaissances existantes pour cette zone (Senay et al. 2021). Lorsqu'on exclut les échantillons du cône Laurentien, tous les échantillons sauf un étaient dominés par S. fasciatus et (plus de 50 %) avaient été récoltés à moins de 250 m. De même, dans les échantillons prélevés à plus de 250 m de profondeur, on a estimé que S. mentella représentait 94,00 % des prises (figure 19a). En comparant les gradients de profondeur sur différentes périodes d'échantillonnage, des tendances similaires se sont dégagées pour les mois de novembre à décembre 2018 (figure 19b) et de janvier à mars 2019 (figure 19c). Cependant, les échantillons d'octobre à décembre 2019 étaient presque exclusivement composés de S. mentella, même à moins de 250 m (figure 19d). Ce contraste avec 2018 est surprenant étant donné que les échantillons ont été collectés à un endroit, une profondeur et une période de l'année similaires. Il est possible que le déclin de la biomasse de S. fasciatus observé dans les relevés de 2019 du MPO (Senay et al. 2021) puisse expliquer, du moins en partie, cette observation. Compte tenu de la couverture spatiale limitée de l'échantillonnage présenté dans ce rapport, il n'est pas possible de déterminer si la baisse de S. fasciatus dans cette zone est applicable au reste du golfe du Saint-Laurent et du chenal Laurentien. Cette diminution peut avoir d'autres causes, comme le déplacement des poissons, le

comportement de regroupement en bancs, les biais de la méthode des RMNA ou des erreurs d'identification des espèces.

4. DISCUSSION

L'arrivée de cohortes de sébastes d'une force sans précédent a nécessité de différencier S. mentella de S. fasciatus dans les prises de la pêche et des relevés, afin de mieux quantifier les taux de récolte potentiels par espèce et d'élaborer des stratégies de pêche qui ciblent S. mentella et protègent S. fasciatus. Différents outils ont été utilisés pour identifier les espèces au niveau des individus et des prises, mais les erreurs et les biais associés à ces outils n'ont pas été évalués ou signalés dans le passé. Nos résultats mettent en évidence trois problèmes majeurs dans l'identification des espèces au niveau des prises à l'aide des RMNA. Tout d'abord, l'identification des individus fondée sur le MDH-A* peut conduire à des erreurs dans les distributions des nombres de RMNA utilisées pour estimer la composition par espèce au niveau des prises. Ensuite, notre étude indique des biais dans la méthode analytique actuelle qui consiste à minimiser le critère du chi-carré pour estimer la composition par espèce au niveau des prises. Enfin, la formation des observateurs en mer et des échantillonneurs à quai est essentielle pour que les RMNA soient une approche fiable pour identifier les espèces au niveau des prises. D'après ces résultats, la méthode actuelle de décompte des RMNA, bien qu'utile, doit être améliorée pour mieux estimer la composition par espèce.

Les taux d'erreur dans l'identification des espèces fondée sur les résultats de MDH-A* étaient supérieurs à 10 % pour S. mentella dans l'unité 1 et pour les deux espèces dans l'unité 2. Le taux d'erreur dans l'identification des espèces à l'aide du MDH-A* a limité notre capacité à caractériser la distribution réelle des RMNA pour chaque espèce et leur chevauchement dans les deux unités. Ainsi, nos résultats donnent à penser que les distributions des RMNA propres aux espèces devraient être améliorées en utilisant une approche génétique plus fiable telle que les microsatellites ou les polymorphismes mononucléotidiques pour identifier les espèces au niveau de l'individu. Néanmoins, nos résultats montrent des différences marquées dans les distributions des RMNA pour chaque espèce dans les deux unités, ce qui a motivé le reste de l'étude. Nos résultats ont révélé un bon rendement de la méthode des RMNA pour estimer la composition par espèce au niveau des prises si la proportion de l'une ou l'autre des espèces de Sebastes était supérieure à 20 %. Le mauvais rendement de la méthode des RMNA avec une petite proportion d'une espèce s'explique par le chevauchement entre les distributions inférées pour les deux espèces. Le taux d'erreur élevé dans l'identification des espèces au niveau de l'individu peut également contribuer au chevauchement entre les distributions des RMNA propres aux espèces. Il convient d'améliorer l'identification des espèces au niveau de l'individu et d'augmenter la taille des échantillons (c'est-à-dire plus de 200 individus / prise) pour estimer de manière plus fiable la composition par espèce, avec un biais minimal et une précision acceptable, en utilisant les nombres de RMNA propres aux espèces. Il est peu probable que d'autres approches statistiques pour estimer les proportions puissent éviter les biais étant donné le degré de chevauchement des distributions des RMNA propres aux espèces. En outre, il ne semble pas possible de

corriger les biais. On espère que les nouvelles recherches génétiques et morphométriques prévues pour 2021-2023 permettront d'obtenir des distributions des RMNA propres à chaque espèce avec un chevauchement moins important. L'objectif de ce projet est de valider l'identification des espèces dans les relevés et dans la pêche, une condition préalable pour mieux comprendre la biologie des deux espèces et gérer durablement ces stocks. Des méthodes génomiques récentes (polymorphismes mononucléotidiques, Benestan et al. 2021) seront utilisées pour confirmer les distributions des RMNA par espèce, ainsi que la variabilité temporelle correspondante. L'approche analytique adoptée sera améliorée en incorporant et en propageant l'incertitude des estimations utilisées dans les évaluations de stocks, ce qui garantira l'intégrité des relevés de recherche entre les navires dans la série chronologique. Cependant, à défaut, il pourrait être nécessaire d'envisager une stratégie de gestion pour les sébastes des unités 1 et 2 qui résistera aux problèmes de fiabilité des estimations de la composition par espèce dans les prises des relevés et de la pêche. Il pourrait également être nécessaire d'évaluer des approches permettant d'augmenter la taille des échantillons de RMNA, tout en réduisant la charge de travail accrue qui en découle. On pourrait, par exemple, élaborer une application de reconnaissance et de traitement automatisé des images.

La validation des nombres de RMNA par les observateurs en mer et par les échantillonneurs à quai a montré qu'une formation adéquate peu avant l'échantillonnage est cruciale et peut améliorer l'exactitude des données. De plus, l'exactitude des données peut également augmenter avec l'expérience. À la suite de ces constatations, une collection de poissons congelés dont le nombre de RMNA est connu a été fournie aux trois entreprises d'observateurs en mer en 2020, et une vidéo décrivant comment les décompter a été produite et transmise aux observateurs en mer et aux échantillonneurs à quai en avril 2021 (https://www.youtube.com/watch?v=RQ5RkSzwipU&t=164s). Ces outils pourraient améliorer l'exactitude des données en proposant une formation adéquate peu avant l'échantillonnage. Avec l'augmentation prévue des débarguements de sébastes dans les années à venir, le protocole de décompte des RMNA devrait être appliqué plus souvent, ce qui permettra d'améliorer l'expérience. Il faut continuer à valider les données sur les prises de la pêche provenant du programme des observateurs en mer afin de déterminer quand la qualité des données est suffisamment fiable pour estimer la composition par espèce. La collecte de ces informations permettra d'élaborer des stratégies de pêche qui ciblent S. mentella et protègent S. fasciatus, qui se trouvait encore dans la zone de prudence de l'approche de précaution en 2019 (Senay et al. 2021). On pourrait par exemple pêcher à plus de 250 m de profondeur, sauf dans le cône Laurentien où S. fasciatus se trouve à de plus grandes profondeurs. Une approche plus prudente pourrait fixer la profondeur minimale de la pêche à 300 m, ce qui pourrait également protéger d'autres espèces sensibles capturées accidentellement (Senay et al. 2021). Des informations supplémentaires sont nécessaires pour évaluer si les distributions de la profondeur des espèces sont cohérentes dans l'espace et d'une saison à l'autre.

Trois approches différentes ont été envisagées pour identifier la composition par espèce. Leurs avantages et inconvénients respectifs sont résumés dans le tableau 6. La première est celle qui est actuellement mise en œuvre : le recours aux observateurs en mer pour consigner le nombre de RMNA directement à bord des bateaux de pêche. Cette approche utilise un programme déjà en place, constitue l'option la moins coûteuse, donne des résultats rapidement et est respectueuse de l'environnement. Ses principaux inconvénients sont la dépendance à l'égard de sociétés externes pour la fourniture de données, l'incertitude entourant la qualité des données résultant du taux élevé de roulement du personnel, de même que la dépendance à l'égard des sociétés pour offrir une formation adéquate. La deuxième approche consiste à faire appel à des techniciens formés par le MPO pour consigner le nombre de RMNA dans les échantillons de poissons congelés expédiés à l'Institut Maurice-Lamontagne. Elle annule tous les inconvénients de la première approche concernant l'exactitude des données, mais pose plusieurs défis logistiques. Dans le cas d'une pêche à grande échelle, la collecte de milliers d'échantillons dans les provinces de l'Atlantique et leur expédition à l'Institut Maurice-Lamontagne, ainsi que la présence d'un personnel spécialisé chargé de coordonner les efforts et de mesurer le nombre de RMNA, prendraient beaucoup de temps, seraient coûteuses et moins écologiques que la première option. La troisième approche repose sur l'utilisation de méthodes génétiques qui sont encore en cours d'élaboration. En définitive, il s'agirait de petits échantillons de tissus prélevés par les observateurs en mer et envoyés à l'Institut Maurice-Lamontagne pour une analyse génétique. Le principal avantage serait une augmentation de l'exactitude de l'identification des espèces. Toutefois, cette approche est la plus longue, la plus coûteuse et la moins respectueuse de l'environnement compte tenu des matériels génétiques et des consommables nécessaires, notamment les plastiques à usage unique. Quelle que soit l'approche de surveillance choisie ou la combinaison de différentes approches choisies, il est impératif de continuer à améliorer l'estimation de la composition par espèce des sébastes dans les prises de la pêche. Ces informations sont cruciales pour mieux comprendre la répartition spatiale saisonnière de chaque espèce et leur utilisation de l'habitat, qui à leur tour peuvent orienter des stratégies de récolte durable.

5 RÉFÉRENCES CITÉES

- Benestan, L., Rougemont, Q., Senay, C., Normandeau, E., Parent, E., Rideout, R., Bernatchez, L., Lambert, Y., Audet, C., and Parent, G.J. 2021. Population genomics and history of speciation reveal fishery management gaps in two related redfish species (*Sebastes mentella* and *Sebastes fasciatus*). Evol. Appl. 14, 588-606.
- Chen, K.-Y., Marschall, E.A., Sovic, M.G., Fries, A.C., Gibbs, H.L., and Ludsin, S.A. 2018. assignPOP: An R package for population assignment using genetic, non-genetic, or integrated data in a machine-learning framework. Methods Ecol. Evol. 9, 439-446.
- DFO. 2010. Assessment of redfish stocks (*Sebastes fasciatus* and *S. mentella*) in Units 1 and 2 in 2009. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Advis. Rep. 2010/037.
- DFO. 2018a. Assessment of Redfish Stocks (*Sebastes mentella* and *S. fasciatus*) in Units 1 and 2 in 2017. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Advis. Rep. 2018/032.
- DFO. 2018b. Units 1+2 Redfish Management Strategy Evaluation. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Advis. Rep. 2018/033.
- Gascon, D. (ed.). 2003. Multidisciplinary research program on redfish (1995-1998): Final report. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 2462: xiv + 148 p.
- Hebert, P., and Beaton, M. 1989. Methodologies for Allozyme Analysis Using Cellulose Acetate Electrophoresis A Practical Handbook.
- McGlabe, J.M., Annanda, M.C., and Kenchington, T.J. 1983. Electrophoretic identification of *Sebastes* and *Helicolenus* in the northwestern Atlantic. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 40, 1861-1870.
- Payne, R.H., and Ni, I-Hsun. 1982. Biochemical population genetics of redfishes (sebastes) off newfoundland. J. Northwest Atl. Fish. Sci. 3(2), 169-172.
- Roques, S., Pallotta, D., Sévigny, J.-M., and Bernatchez, L. 1999a. Isolation and characterisation of microsatellite markers in the North Atlantic redfish (Teleostei : Scorpaenidae, genus *Sebastes*). Mol. Ecol. 8, 685-702.
- Roques, S., Duchesne, P., and Bernatchez, L. 1999b. Potential of microsatellites for individual assignment: the North Atlantic redfish (genus *Sebastes*) species complex as a case study. Mol. Ecol. 8, 1703-1717.
- Rubec, P.J., McGlade, J.M., Trottier, B.L., and Ferron, A. 1991. Evaluation of methods for separation of Gulf of St Lawrence beaked redfishes, *S. fasciatus* and *S. mentella*: malate dehydrogenase mobility patterns compared with extrinsic gas bladder muscle passages and anal fin ray counts. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 48, 640-660.
- Senay, C., Ouellette-Plante, J., Bourdages, H., Bermingham, T., Gauthier, J., Parent, G., Chabot, D., and Duplisea, D. 2021. Unit 1 Redfish (*Sebastes mentella* and *S. fasciatus*) stock status in 2019 and updated information on population structure,

biology, ecology, and current fishery closures. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2021/015. xi + 119 p.

- Valentin, A., Sévigny, J.-M., Power, D., Branton, R.M., and Morin, B. 2006. Extensive sampling and concomitant use of meristic characteristics and variation at the *MDH-A** locus reveal new information on redfish species distribution and spatial pattern of introgressive hybridization in the Northwest Atlantic. J. Northw. Atl. Fish. Sci. 36, 1-16.
- Valentin, A.E., Penin, X., Chanut, J.-P., Power, D., and Sévigny, J.-M. 2014. Combining microsatellites and geometric morphometrics for the study of redfish (*Sebastes* spp.) population structure in the Northwest Atlantic. Fish. Res. 154, 102-119.

6. TABLEAUX

Tableau 1. Pourcentage d'identifications vraies, fausses et inconnues des espèces par rapport à la probabilité d'appartenance minimale utilisée pour reclasser les individus de référence dans chaque espèce à l'aide de quatre microsatellites.

Probabilité			
d'appartenance	Vraie (%)	Fausse (%)	Inconnue (%)
minimale (%)			
50	92	8	0
55	90	7	3
60	88	5	7
65	87	5	8
70	87	5	8
75	87	5	8
80	86	4	10
85	72	3	14
90	81	2	17
95	75	1	24

Tableau 2. Caractéristiques de l'ensemble de données, décrivant le nombre de poissons par sexe et longueur à la fourche (valeurs moyennes, écart-type (ET), valeurs minimales et maximales), utilisé pour différents objectifs : a) comparaison du MDH-A* et des microsatellites pour l'identification des espèces au niveau de l'individu; b) composition par espèce au niveau de la prise d'après le nombre de RMNA fondé sur l'identification par le MDH-A*; c) composition par espèce au niveau de la prise d'après le nombre de RMNA fondé sur l'identification par les microsatellites; et d) validation du décompte des rayons de la nageoire anale et répartition spatiale des espèces par rapport aux gradients d'espace et de profondeur.

				Longueur à l			
	Mâle	Femelle	Indéterminé	Moyenne	ET	Min	Max
a)							
Unité 1	53	61	0	326.7	37.0	233	405
Unité 2	110	162	0	335.8	49.6	227	511
b)							
Unité 1	640	706	216	261.4	95.7	70	520
Unité 2	1,414	1,354	12	286.0	78.7	60	530
c)							
Unité 1	57	64	0	323.5	38.2	233	405
Unité 2	132	190	236	317.0	58.7	150	511
d)							
Unités 1 et 2	3,003	2,672	49	234.7	34.1	160	440

a)		Unité 1		
	MDH-A11	MDH-A12	MDH-A22	- MDH-A11 + MDH-A12
Vraie	51	6	42	57
Fausse	8	6	1	14
Mauvaise classification %	13.56	50.00	2.33	19.72
b)		Unité 2		
	MDH-A11	MDH-A12	MDH-A22	- MDH-A11 + MDH-A12
Vraie	112	14	100	126
Fausse	26	8	12	34
Mauvaise classification %	18.84	36.36	10.71	21.25

Tableau 3. Nombre d'identifications vraies et erronées au niveau de l'individu en fonction de quatre microsatellites en utilisant le génotype du MDH-A* et pourcentage d'erreur de classification pour a) l'unité 1 et b) l'unité 2.

a)		Nombre		
RMNA	MDH-A11	- MDH-A11 + MDH-A12		
6	0	1	5	1
7	64	35	415	99
8	479	153	215	632
9	158	28	7	186
10	1	1	0	2
b)		Proportion		
RMNA	MDH-A11	MDH-A12	MDH-A22	- MDH-A11 + MDH-A12
6	0.0000	0.0046	0.0078	0.0010
7	0.0912	0.1606	0.6464	0.1076
8	0.6823	0.7018	0.3349	0.6870
9	0.2251	0.1284	0.2022	
10	0.0014	0.0046	0.0000	0.0022

Tableau 4. Nombre (a) et proportion (b) d'individus par catégories de décompte des RMNA pour chaque génotype du MDH-A* pour les 1 562 poissons échantillonnés en août 1994 à 1997 dans l'unité 1.

a)		Nombre		
RMNA	MDH-A11	MDH-A11 + MDH-A12		
6	1	1	19	2
7	71	29	1160	100
8	594	178	330	772
9	295	60	19	355
10	20	3	0	23
b)		Proportion		
RMNA	MDH-A11	MDH-A12	MDH-A22	MDH-A11 + MDH-A12
6	0.0010	0.0037	0.0124	0.0016
7	0.0724	0.1070	0.7592	0.0799
8	0.6055	0.6568	0.2160	0.6166
9	0.3007	0.2214	0.0124	0.2835
10	0.0204	0.0111	0.0000	0.0184

Tableau 5. Nombre (a) et proportion (b) d'individus par catégories de décompte des RMNA pour chaque génotype du MDH-A* pour les 2 780 poissons échantillonnés en juillet et novembre 1995 à 1998 dans l'unité 2.

Approche de monitorage	Avantage	Désavantage
Décompte des RMNA par les OEM sur les navires de pêche	Coût minimal, résultats rapides, moins d'émissions de carbone (pas de transport, pas de plastique à usage unique, pas de sacs)	En fonction des compagnies d'OEM pour la formation du personnel, roulement important du personnel, incertitudes quant à la qualité des données
Décompte des RMNA par des techniciens du MPO à l'IML	Erreur d'observation négligeable	Considérations logistiques (espace de congélation, transport d'échantillons congelés), coût élevé (salaire des techniciens, transport)
Méthode génétique	Précision accrue, logistique complexe en comparaison des décomptes des RMNA par le MPO	Logistique complexe en comparaison des décomptes des RMNA par les OEM, coût élevé (salaire des techniciens, matériels génétiques, consommable)

Tableau 6. Avantages et inconvénients de trois approches de surveillance pour l'estimation de la composition par espèce dans les prises de la pêche.



7. FIGURES

Figure 1. Divisions et zones unitaires de l'Organisation des pêches de l'Atlantique Nord-Ouest (OPANO) (a), et unités de gestion 1 et 2 (b). Î.-P.-É. = Île-du-Prince-Édouard, N.-É. = Nouvelle-Écosse, É.-U. = États-Unis d'Amérique.



Figure 2. Effort d'échantillonnage dans les unités 1 (1 562 individus) et 2 (2 780 individus) entre 1994 et 1997 et entre 1995 et 1998, respectivement, pour la distribution du nombre de RMNA fondée sur le génotype du MDH-A*. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus échantillonnés.



Figure 3. Distributions du nombre de RMNA propres à l'espèce : a) inférées pour l'unité 1d'après le génotype du MDH-A* et b) décalées par rapport aux distributions inférées afin de réduire leur corrélation positive dans une simulation théorique.



Figure 4. Emplacement des voyages de pêche dirigée aux sébastes échantillonnés par des observateurs en mer : a) activités de pêche couvertes par des observateurs en mer en violet et en vert pour celles qui ont été validées à l'IML; b) composition par espèce pour chaque échantillon; c) gros plan du polygone rouge illustrant la composition par espèce pour les activités de pêche survenues entre novembre 2018 et mars 2019 et d) entre octobre et décembre 2019.



Figure 5. Répartition spatiale dans les unités 1 et 2 (entre 2001 et 2002) pour les sébastes identifiés de l'une ou l'autre espèce (S. mentella et S. fasciatus) selon deux méthodes différentes : le génotype du MDH-A* et quatre microsatellites avec une probabilité minimale d'appartenance de 95 %. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus identifiés.



Figure 6. Distribution des proportions de décompte des RMNA par espèce identifiée par le génotype MDH-A* pour les sébastes échantillonnés en août 1994 à 1997 dans l'unité 1, et en juillet et novembre 1995 à 1998 dans l'unité 2.



Figure 7. Répartition spatiale dans les unités 1 et 2 (entre août 2001 et septembre 2014) pour les sébastes d'une longueur à la fourche minimale de 150 mm identifiés de l'une ou l'autre des espèces (S. mentella et S. fasciatus) selon quatre microsatellites avec une probabilité d'appartenance minimale de 95 %. Chaque bulle représente un échantillon individuel, la couleur indique l'unité et la taille représente le nombre d'individus.



Figure 8. Distribution des proportions de nombre des RMNA par espèce identifiée par quatre microsatellites pour les poissons échantillonnés entre août 2001 et septembre 2014 dans les deux unités.



Décompte rayons mous de la nageoire anale (RMNA)

Figure 9. Comparaison de la distribution des nombres de RMNA par espèce (S. fasciatus et S. mentella) entre le MDH-A* et les microsatellites pour chaque unité séparément.



Figure 10. Proportions moyennes estimées de S. fasciatus dans une prise en tant que fonction des proportions simulées (vraies) pour l'approche de la distribution de mélange multinomial (symboles ouverts) et l'approche du chi-carré (symboles pleins) pour deux tailles de l'échantillon simulées, n=25 (symboles bleus) et n=200 (symboles noirs et gris). La ligne rouge indique une relation 1:1. Le graphique de droite agrandit simplement les résultats pour les proportions de 0,75 et plus.



Figure 11. Taux de couverture nominal des intervalles de confiance à 95 % pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles d'échantillon.



Figure 12. Étendue (envergure) de l'intervalle de confiance (IC) pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles de l'échantillon.



Figure 13. Proportions moyennes estimées de S. fasciatus dans une prise pour des simulations avec changement théorique dans la distribution des RMNA propre à l'espèce, en tant que fonction des proportions simulées (vraies) pour l'approche de la distribution de mélange multinomial (symboles ouverts) et l'approche du chi-carré (symboles pleins) pour deux tailles d'échantillon simulées, n=25 (symboles bleus) et n=200 (symboles noirs et gris). La ligne rouge indique une relation 1:1. Le graphique de droite agrandit simplement les résultats pour les proportions de 0,75 et plus.



Figure 14. Taux de couverture nominal des intervalles de confiance à 95 % pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles de l'échantillon, pour des simulations avec changement théorique dans les distributions des RMNA propres aux espèces.



Figure 15. Étendue (envergure) de l'intervalle de confiance (IC) pour les proportions estimées à l'aide de l'approche de la distribution de mélange multinomial dans des simulations avec différentes proportions vraies et tailles d'échantillon, pour des simulations avec changement théorique de la distribution des RMNA spécifique à l'espèce.



Figure 16. Distribution de la fréquence de l'erreur minimale observable (EMO, %) dans les 118 traits couverts par un observateur en mer et validés par un biologiste du MPO.



Figure 17. Série chronologique montrant l'évolution de l'erreur minimale observable (EMO, %) pour toutes les activités de pêche fructueuses, dans l'ordre chronologique, pour les quatre voyages couverts par des observateurs en mer qui ont suivi une formation sur les RMNA peu de temps avant l'échantillonnage. Deux observateurs différents ont couvert deux voyages différents. Les numéros des voyages sont classés par ordre chronologique. La ligne pointillée représente l'erreur minimale observable moyenne pour chaque voyage. Chaque couleur représente une sortie en mer différente lors d'un même voyage.

Observateur 1, Voyage #2



Numéro activité de pêche réussie

Observateur 3



Moyenne = 12.49

Numéro activité de pêche réussie



Numéro activité de pêche réussie

Figure 18. Série chronologique montrant l'évolution de l'erreur minimale observable (EMO. %) pour toutes les activités de pêche fructueuses, dans l'ordre chronologique, pour les trois voyages couverts par des observateurs en mer qui ont suivi une formation sur les RMNA longtemps avant l'échantillonnage. La ligne pointillée représente l'erreur minimale observable moyenne pour chaque voyage. Chaque couleur représente une sortie en mer différente lors d'un même voyage.



% S. fasciatus

Profondeur (m)

Figure 19. Relation entre le pourcentage de S. fasciatus et la profondeur de l'eau. La composition par espèce est illustrée par un gradient de couleur allant du bleu au rouge, correspondant à 100 % de S. mentella et 100 % de S. fasciatus, respectivement. Tous les échantillons validés à l'IML sont présentés a), et par période à l'exclusion des échantillons du cône Laurentien, b) de novembre à décembre 2018, c) de janvier à mars 2019 et d) d'octobre à décembre 2019. La ligne en pointillés délimite 250 m sur l'axe des abscisses.

8. ANNEXES

ANNEXE 1 : PROTOCOLE DES OBSERVATEURS EN MER

La nageoire anale des sébastes est composée de trois rayons durs (épines) qui sont suivis de rayons mous, dont le nombre peut varier de 6 à 10. Chacun de ces rayons mous a un seul point d'attache sur le ventre du poisson, mais il peut souvent être bifide à son extrémité libre (Figure 1). **Ne PAS** compter les trois premiers rayons durs de la nageoire anale et observer les rayons à leur base (proche du ventre) pour s'assurer de ne compter qu'un seul rayon lorsque son extrémité libre est bifide.

Remplir le formulaire approprié en indiquant la fréquence d'individus ayant 6, 7, 8, 9 ou 10 de chaque longueur dans les colonnes « Décompte RMNA » pour chacun des sexes jusqu'à l'atteinte du quota de décompte requis. Si des spécimens immatures (<16cm) sont échantillonnés, utiliser un second formulaire. Compléter le/les formulaire(s) en saisissant les fréquences par tailles pour le reste de l'échantillon en utilisant la colonne « fréquence longueur ». **Ne PAS** rajouter dans la colonne « Fréquence Longueur » les sébastes pour lesquels le décompte des RMNA a été effectué et qui apparaître **UNE SEULE FOIS!!** À la fin, additionner toutes les lignes des colonnes « Décompte RMNA » et la colonne « Fréquence Longueur » qui contiennent un compte et noter le total de cette somme dans la colonne appropriée « Total ». Additionner ensuite les colonnes « Total » pour chaque sexe et/ou les immatures (<16cm) et noter ce nombre dans l'espace approprié au bas de la feuille. La somme de tous les « Nb mesurés » doit égaler la totalité de l'échantillon.



Figure A1. Exemple de décompte des rayons de la nageoire anale (RMNA). La nageoire anale est entourée d'un rectangle noir sur le poisson. Les rayons épineux (épines) sont illustrés par des points bleus, les rayons mous par des flèches noires et les rayons bifides sont indiqués.

ANNEXE 2 : FORMULAIRE SUR LES RAYONS MOUS DE LA NAGEOIRE ANALE POUR LES OBSERVATEURS EN MER COUVRANT LES ACTIVITÉS DE PÊCHE DIRIGÉE AUX SÉBASTES

Initiales Capitaine:												Remarques / Remarks	5 - 0.5mm 9 - Autres (noter)	4 - 0.1mm 4 - Céphalothorax	i - Ind. 3 - 1.0mm 3 - Long tourche	M - Mâle 1 - 1.0cm 1 - Long, totale	Sexe Groupe Type de mesure	4 - Sans queue	3 - Évisc. + étêté 9 - Autres (noter à rem.)	2 - Éviscéré 8 - Rejet	tat echantilionne	Front Approximation		Doide / Woight /kg/	État / State	Echantillon / Sample		Nom / Name Sebastes sp.	Code : I I I Code	2.3	Espèce mesurée / Species measured	No. d'activite / Set		No. de sortie en mer / At sea trip Nc		
ω	2	1	0	9	8	7	6	5	4	з	2	1	0	9	∞	7	6	5	4	ω	2	1	0	9	8	7	6	5	4	ω	2	1	0	Longu Len	ieur / gth	
																																		Total	Sexe	
																																		6 0	Sex [_	
2								~~~~		~~~~~																								7 7	Gr	
25																												-						RMNA 8	oupe /	H.
				_											_	_		_	_		_			_	_				_	_				AFR (Group	
_																			_					_					_					9 count		
_																													_					6	ype de	
								****																										Fréquence Longueur / Length Frequency	mesure / Type of measure	0
					~		6						0		~		•	(5	2						~				2				~	Longu	ieur /	/
	2	-	0	•		7	0,		-+				0	9		7	0,	01	44			-	0	•		7	5,000	01	44	<u></u>	10		0	Total	Sex	-
																																		6	e / Sex	0
																																		Décom		
/NIA		-			_							_							_				_	-	_				_					ote RMI	Groupe	
																																		NA/AF	/ Grou	
2																												~~~~						9 R count		
																																		10	Type o	l
								~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~	*****																									Fréquence Longueur , Length Frequency	le mesure / Type of measure	

Date	Endroit	Nom	Affiliation
Août, 2018	Benoit's Cove, TN	Erin Carruthers Jason Spingle Trevor Chaulk Tyler Harris Paul Stuckless	FFAW FFAW FFAW Seawatch Seawatch
Mars, 2019	St-John's, TN	Bob Rogers Fred Tulk Jenna Makrides Gillian Forbes Kierstyn Rideout Todd Inkpen Carol Ann Peters Erin Carruthers Justin Strong	MPO MPO MPO MPO MPO FFAW FFAW
22 mai, 2019	Cap-aux-Meules, QC	Carole Turbide Michelle Langford	MPO MPO
23 mai, 2019	Gaspé, QC	André Chevrier Édith Bergeron Yvon Dufresne Bernard Chouinard Chantale Dufort Gabrielle Chapados	MPO MPO MPO Biorex Biorex
29 mai, 2019	Dartmouth, NE	Heath Stone Tania Davignon-Burton Janice Fennell Darrel Frotten Dylan Lee Buchanan Bruce Wade	MPO MPO MPO Javitech Javitech
31 mai, 2019	Port Saunders, TN	Jerry Lavers	MPO

### ANNEXE 3 : RÉSUMÉ DU PERSONNEL FORMÉ

TN = Terre-Neuve, QC = Québec et NS = Nouvelle-Écosse.