



Pêches et Océans  
Canada

Fisheries and Oceans  
Canada

Sciences des écosystèmes  
et des océans

Ecosystems and  
Oceans Science

## **Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS)**

---

**Document de recherche 2023/004**

**Région du Québec**

### **Réexamen des populations de bélugas dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson et évaluation des répercussions sur les récoltes dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq**

Geneviève J. Parent<sup>1</sup>, Arnaud Mosnier<sup>1</sup>, Luca Montana<sup>1</sup>, Grégoire Cortial<sup>1</sup>, Anne P. St-Pierre<sup>1</sup>, Xavier Bordeleau<sup>1</sup>, Véronique Lesage<sup>1</sup>, Cortney Watt<sup>2</sup>, Lianne Postma<sup>2</sup>, Mike O. Hammill<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut Maurice-Lamontagne  
Pêches et Océans Canada  
850 route de la Mer  
Mont-Joli, Québec, G5H 3Z4

<sup>2</sup>Freshwater Institute  
Pêches et Océans Canada  
501 University Crescent  
Winnipeg, Manitoba, R3T 2N6

---

## Avant-propos

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

### Publié par :

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

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



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

ISSN 2292-4272

ISBN 978-0-660-48052-7 N° cat. Fs70-5/2023-004F-PDF

### La présente publication doit être citée comme suit :

Parent, G.J, Mosnier, A., Montana, L., Cortial, G., St-Pierre, A.P., Bordeleau, X., Lesage, V., Watt, C., Postma, L., et Hammill, M.O. 2023. Réexamen des populations de bélugas dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson et évaluation des répercussions sur les récoltes dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/004. iv + 32 p.

### **Also available in English :**

*Parent, G.J, Mosnier, A., Montana, L., Cortial, G., St-Pierre, A.P., Bordeleau, X., Lesage, V., Watt, C., Postma, L., and Hammill, M.O. 2023. Reexamining populations of beluga in the Hudson Bay-Strait Complex and assessing the impact on harvests in Nunavik and Sanikiluaq management units. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2023/004. iv + 31 p.*

---

---

## TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
INTRODUCTION .....	1
MÉTHODES.....	3
ÉCHANTILLONS.....	3
HAPLOTYPAGE.....	3
DÉFINITION ET VALIDATION DES POPULATIONS DE RÉFÉRENCE.....	4
ANALYSES GÉNÉTIQUES DE L'ORIGINE DES BÉLUGAS RÉCOLTÉS DANS LES UNITÉS DE GESTION.....	4
RÉSULTATS.....	4
HAPLOTYPAGE.....	4
RÉÉVALUATION DE LA STRUCTURE DES POPULATIONS DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON.....	5
ESTIMATION DES PROPORTIONS DES BÉLUGAS RÉCOLTÉS PROVENANT DES GROUPES DE RÉFÉRENCE DANS LES UNITÉS DE GESTION.....	6
QUANTIFICATION DE L'INCIDENCE DES CHANGEMENTS SUR LES AGO.....	7
DISCUSSION.....	7
CINQ POPULATIONS DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON ...	7
QUATRE GROUPES DE RÉFÉRENCE DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON.....	9
AUGMENTATION DES BÉLUGAS DU STOCK BEL-EBH RÉCOLTÉS DANS CERTAINES UNITÉS DE GESTION.....	9
LES PROPORTIONS DE BÉLUGAS DES POPULATIONS JAM ET BCU ET D'AUTRES POPULATIONS PRÉTENDUES ÉTAIENT FAIBLES DANS TOUTES LES UNITÉS DE GESTION.....	10
LES NOUVEAUX STOCKS/NOUVELLES POPULATIONS DE RÉFÉRENCE, ET NON LE RESÉQUENÇAGE, ONT EU L'INCIDENCE LA PLUS IMPORTANTE SUR LES PROPORTIONS DE RÉCOLTES.....	11
AMÉLIORATION DE LA CLASSIFICATION GÉNÉTIQUE À L'AVENIR.....	12
REMERCIEMENTS .....	13
RÉFÉRENCES CITÉES .....	13
FIGURES.....	18
TABLEAUX.....	25
DOCUMENTS SUPPLÉMENTAIRES.....	32

---

## RÉSUMÉ

Les bélugas du complexe de la baie et du détroit d'Hudson sont récoltés par des chasseurs des collectivités du Nunavik et du Nunavut. Dans des études antérieures, une analyse génétique de l'origine (AGO) a été utilisée pour déterminer la contribution des animaux des populations de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH) et de l'est de la baie d'Hudson (EBH) aux récoltes dans les différentes unités de gestion. La définition des populations OBH et EBH reposait sur des haplotypes courts de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (mt). Des études avec des haplotypes longs ont toutefois montré que quatre populations pourraient être identifiées dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Ici, nous visons à 1) revoir la définition des populations dans cette zone en effectuant le reséquençage et en comparant les haplotypes courts et longs pour la région de contrôle de l'ADN mt de 2 861 bélugas et 2) mettre à jour la contribution relative des groupes de référence nouvellement définis dans les unités de gestion en utilisant une AGO. Les haplotypes longs ont confirmé l'existence de quatre populations définies précédemment : OBH, EBH, baie James (JAM) et baie Cumberland (BCU). Ils ont aussi permis d'identifier une cinquième population aux îles Belcher (BEL). Pour le deuxième objectif, nous avons testé la validité des cinq populations à l'aide d'une approche un contre tous et observé un taux élevé d'attributions erronées entre les populations EBH et BEL. Les erreurs d'attribution étaient dues à des matrilignages génétiques partagés et à des mélanges possibles pendant l'été. Les attributions ont été améliorées lorsque les populations EBH et BEL ont été combinées en tant que groupe de référence unique appelé stock BEL-EBH. L'AGO avec les quatre nouveaux groupes de référence (populations OBH, JAM et BCU et stock BEL-EBH) a donné lieu à des proportions plus élevées du stock BEL-EBH à la récolte d'automne dans le détroit d'Hudson (5,6 %) et dans le nord-est de la baie d'Hudson (14,9 %), et toute l'année au Nunavut (Sanikiluaq; 3,3 à 61,2 %), comparativement aux études antérieures utilisant seulement deux groupes de référence. Les changements dans les groupes de référence, et non dans le reséquençage, ont probablement causé la majeure partie de la variation de l'estimation de la proportion du stock BEL-EBH dans les unités de gestion. Les résultats de cette étude ont accru l'exactitude de la contribution proportionnelle des groupes de référence à la récolte par les collectivités du Nunavik et de Sanikiluaq.

---

## INTRODUCTION

Le béluga est un cétacé de taille moyenne ayant une répartition circumpolaire arctique et subarctique. Des études télémétriques ont montré que les bélugas dans certaines régions effectuent des mouvements saisonniers sur de longues distances, tandis que d'autres peuvent être considérés comme résidents (O'Corry-Crowe *et al.* 2010). Les bélugas présentent régulièrement une philopatrie, malgré des perturbations persistantes (Caron et Smith 1990; Smith *et al.* 1994; Lewis *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012; Colbeck *et al.* 2013; Ouellet *et al.* 2021). L'existence d'une structure génétique chez le béluga est probablement une conséquence de la transmission culturelle et verticale des mères lors de l'utilisation répétée de voies migratoires, de mouvements saisonniers répétés et d'un habitat préféré (Brown Gladden *et al.* 1997, O'Corry-Crowe *et al.* 1997, 2002, 2010, 2018, 2020; de March *et al.* 2002, 2004; de March et Postma 2003; Meschersky *et al.* 2008, 2013; Turgeon *et al.* 2012; Colbeck *et al.* 2013; Skovrind *et al.* 2019). D'autres études suggèrent une structure beaucoup plus complexe que la simple dominance matrilinéaire (Palsbøll *et al.* 2002; O'Corry-Crowe *et al.* 2020). Il a été proposé que la perte de certaines composantes de population, en particulier des animaux âgés, ait entraîné la perte de connaissances écologiques au sein des groupes et, par conséquent, limite leur potentiel de rétablissement (O'Corry-Crowe *et al.* 2010, 2018, 2020; Colbeck *et al.* 2013; Whitehead 2017; Brakes *et al.* 2021; Bonnell *et al.* 2022).

Dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson, des études génétiques menées à l'aide de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (mt; ou boucle D) du béluga ont permis de déterminer des groupes génétiques distincts qui sont isolés géographiquement durant la période estivale (juillet et août; figure 1; de March *et al.* 2002, 2004; de March et Postma 2003). Les premières études réalisées à l'aide d'haplotypes courts (environ 234 nucléotides) de la région de contrôle de l'ADN mt ont révélé que les animaux de l'est de la baie d'Hudson (EBH) et de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH) présentaient des compositions distinctes d'haplotypes (Brown Gladden *et al.* 1997; de March *et al.* 2002, 2004; de March et Postma 2003). Des études ultérieures portant sur des haplotypes plus longs (environ 609 nucléotides) ont également suggéré le caractère distinctif génétique des individus qui passent l'été dans la baie James (JAM) et la baie Cumberland (BCU; Turgeon *et al.* 2009, 2012; Postma *et al.* 2012; Postma 2017), qui sont considérés comme des populations résidant toute l'année dans leur région respective et qui montrent peu ou pas de migration saisonnière (Richard et Stewart 2009; Bailleul *et al.* 2012; Watt *et al.* 2020). Près des îles Belcher (BEL), on a suggéré l'existence d'une population estivale locale et d'une combinaison de différentes populations de béluga de la baie d'Hudson (Turgeon *et al.* 2012; Postma 2017).

La philopatrie aux aires d'estivage a entraîné l'utilisation de regroupements d'estivage distincts comme unités de conservation dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson (p. ex., Smith et Hammill 1986; Richard *et al.* 1990; Richard 2010; Mosnier *et al.* 2017). Ces unités de conservation ont également été désignées par le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada (COSEPAC) comme des unités désignables, à savoir OBH, JAM, EBH et BCU. Ces unités désignables sont considérées comme des unités distinctes et importantes sur le plan de l'évolution qui, si elles disparaissaient, ne seraient vraisemblablement pas remplacées par la dispersion naturelle (COSEPAC 2016).

Plusieurs collectivités inuites du Nunavik et certaines collectivités du Nunavut chassent le béluga des populations EBH et OBH à des fins de subsistance (figure 1). La population EBH compte environ 3 400 animaux (Hammill *et al.* 2021) et a été désignée « espèce menacée » par le COSEPAC (2016). En revanche, la population OBH est plus importante avec environ 54 000 animaux (Matthews *et al.* 2017). Les récoltes de bélugas au Nunavik (nord du Québec) ont été réglementées au moyen d'une récolte totale autorisée combinée à des fermetures

---

saisonnères et spatiales, telles que définies dans les plans de gestion, qui sont réexaminés régulièrement (Lesage *et al.* 2001).

Au Nunavik comme au Nunavut, les chasseurs fournissent des échantillons de tissus de certains des bélugas qu'ils récoltent. Ces échantillons sont haplotypés pour la région de contrôle de l'ADN mt afin d'estimer la contribution de chaque population aux récoltes dans chacune des unités de gestion définies (figure 2; de March et Postma 2003; Turgeon *et al.* 2009; Doniol-Valcroze *et al.* 2016; Mosnier *et al.* 2017). Ces renseignements sont ensuite utilisés pour déterminer les récoltes provenant du stock menacé qui passe l'été dans l'est de la baie d'Hudson afin de respecter les limites de durabilité (Mosnier *et al.* 2017; Hammill *et al.* 2017; Hammill *et al.* 2021).

La proportion des récoltes provenant des différentes populations dans chacune des unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq est estimée au moyen d'une analyse génétique de l'origine (AGO). Dans le passé, l'AGO était fondée sur des haplotypes courts d'ADN mt et évaluait les proportions des récoltes provenant des populations EBH et OBH (Turgeon *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012). Ce type d'analyse a été sélectionné en raison de sa robustesse même avec les haplotypes d'ADN mt partagés entre des populations (Turgeon *et al.* 2009; Doniol-Valcroze *et al.* 2016; Mosnier *et al.* 2017).

Seules les populations EBH et OBH ont été utilisées comme références dans les AGO antérieures élaborées pour les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq. Des études antérieures utilisant trois populations de référence, à savoir OBH, EBH et BCU, suggèrent qu'une proportion des bélugas récoltés près du sud du détroit d'Hudson provenaient de la population BCU (Turgeon *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012). Ces résultats ont été jugés peu probables, car la population BCU est très petite, de l'ordre d'environ 1 000 animaux, et elle demeure dans la région de la baie Cumberland tout au long de l'année. Ces résultats ont plutôt été attribués au partage d'haplotypes entre les populations OBH et BCU (Doniol-Valcroze *et al.* 2016; Marcoux et Hammill 2016). Dans les évaluations récentes, les populations OBH et EBH étaient donc les deux seules populations considérées dans les AGO (Doniol-Valcroze *et al.* 2016; Mosnier *et al.* 2017; Hammill *et al.* 2021).

Dans le cadre de cette étude, nous avons séquencé tous les échantillons disponibles recueillis entre 1982 et 2021 afin de réexaminer d'abord le caractère distinctif des populations dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson en comparant les haplotypes courts et longs d'ADN mt (figure 1). Des études antérieures ont étendu la longueur de la région de contrôle séquencée de 234 à 609 nucléotides, ce qui a fait passer le nombre de nucléotides variables de 19 à 39 dans les échantillons de toutes les unités désignables canadiennes (Postma *et al.* 2012; Postma 2017). Des haplotypes courts étaient disponibles pour une grande proportion des échantillons d'animaux récoltés au cours des quatre dernières décennies dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq. En revanche, à l'origine, les haplotypes longs n'étaient disponibles que pour un sous-ensemble de ces échantillons en raison des limites de temps et de financement. Nous avons ensuite estimé la contribution proportionnelle de chacun des groupes génétiques nouvellement définis aux récoltes effectuées dans les unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq (figure 2). Nous avons comparé ces résultats à ceux obtenus en utilisant seulement deux populations de référence et des haplotypes courts, et nous avons évalué l'effet du reséquençage sur les allocations de récolte.

Ce document présente des concepts issus de la biologie évolutive et de la gestion des ressources qui peuvent semer la confusion dans les définitions. Les termes « population » et « stock » ont été associés à des significations variables en biologie (p. ex., Waples et Gaggiotti 2006; Stewart 2008; Cadrin 2020). Dans la biologie évolutive, le terme « population » est souvent utilisé pour définir un groupe d'individus interféconds qui existent ensemble dans

---

l'espace et dans le temps (Waples et Gaggiotti 2006). Pour le béluga, cette définition de « population » reflète la forte structure génétique familiale présente géographiquement pendant l'été et la migration grégaire dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson (Brown Gladden *et al.* 1997; de March *et al.* 2002; 2004; de March et Postma 2003; Turgeon *et al.* 2012). L'expression « populations de béluga » correspond également aux unités désignables utilisées par le COSEPAC pour les efforts de conservation au Canada. En revanche, un stock est défini ici comme étant des animaux situés dans une unité de gestion et peut comprendre plus d'une population. Nous considérons une unité de gestion comme étant définie par une région géographique, limitée sur le plan temporel, comme utilisée pour la gestion de la récolte. Il convient de noter que la définition de stock varie dans la documentation principale et les documents du MPO.

## MÉTHODES

### ÉCHANTILLONS

Des tissus provenant de 2 861 bélugas récoltés, échantillonnés à l'aide d'une biopsie ou étiquetés entre 1982 et 2021 dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson ou à proximité ont été sélectionnés (figure 1). L'endroit exact où chaque animal a été récolté était habituellement inconnu et attribué à la zone où l'activité de récolte avait eu lieu (tableau 1; voir le tableau S1 pour des renseignements détaillés sur chaque échantillon). Les métadonnées d'échantillonnage sont habituellement fournies pour chaque échantillon, mais pour certains, seuls le mois et l'année de récolte étaient disponibles.

La plupart des tissus ont été conservés dans une solution salée saturée contenant 20 % de diméthylsulfoxyde (DMSO) et de l'acide éthylènediaminetétracétique (EDTA) de 0,5 mol/l (Seutin *et al.* 1991). Certains échantillons ont été congelés seulement tandis que d'autres ont été congelés en premier et conservés plus tard à l'aide de la solution de DMSO.

### HAPLOTYPAGE

L'ADN a été extrait de tous les échantillons à l'aide de la trousse DNeasy Blood and Tissue (QIAGEN, Valencia, É.-U.). Les séquences longues (615 nucléotides) de la région de contrôle de l'ADN mt ont été amplifiées au moyen d'amorces et de conditions de PCR comme dans Postma *et al.* (2012), avec la trousse Multiplex PCR (QIAGEN, Valencia, États-Unis). Le séquençage a été traité comme dans Postma *et al.* (2012) en utilisant un séquenceur ABI 3130 (Applied Biosystems Inc., Foster City, États-Unis) à l'Institut Maurice-Lamontagne.

Des séquences consensus à l'aide des résultats de séquençage avant et arrière ont été produites et vérifiées manuellement à l'aide de Geneious Prime 2020.1 (Biomatters Ltd, Auckland, Nouvelle-Zélande). Les séquences ont ensuite été alignées à l'aide de l'algorithme *muscle* disponible pour l'ensemble Biostrings 2.62.0 (Pagès *et al.* 2021; pénalités pour l'ouverture de l'écart : 10 000; extension : 400) dans R (R Core team 2022). Les limites des haplotypes courts et longs correspondaient aux positions suivantes dans la région de contrôle de l'ADN mt complet (Lillie *et al.* 1996) : 126 et 359 (courts) et 38 et 652 (longs). Les polymorphismes mononucléotides (SNP) ont été identifiés au moyen du progiciel R adegenet 2.1.5 (Jombart 2008; Jombart et Ahmed 2011). Les haplotypes ont été définis en utilisant des séquences sans les paires de base manquantes ou les ambiguïtés dans les SNP. Les haplotypes courts et longs ont été désignés avec des numéros uniques selon les bibliothèques de séquences (tableau S2, tableau S3).

---

## DÉFINITION ET VALIDATION DES POPULATIONS DE RÉFÉRENCE

Pour définir les populations de référence, nous avons d'abord caractérisé la composition génétique de chaque aire d'estivage avec un réseau haplotype (réseau statistique de parcimonie, PopART; Leigh et Bryant 2015) et en termes de nombre de sites polymorphes, de nombre d'haplotypes, d'haplotypes privés (c.-à-d. haplotypes propres à une aire d'estivage ou à une population de référence) et de diversité haplotypes (adegenet et pegas 1.1, Paradis 2010, progiciels en R). Le caractère distinctif génétique entre les aires d'estivage a également été évalué au moyen d'analyses des composantes principales (ACP) à l'aide des fréquences d'haplotypes (progiciel ade4 1.7.16, Dray et Dufour 2007).

Nous avons ensuite évalué la validité de populations génétiquement distinctes comme groupes de référence pour une AGO. Un test de réassignation a été effectué à l'aide de la procédure « un contre tous » (Anderson *et al.* 2008), qui est disponible dans le module rubias 0.3.2 du progiciel R (Moran et Anderson 2019). Des nombres uniques d'haplotypes longs ont été utilisés comme entrées dans l'algorithme « un contre tous ». Le résultat est la probabilité a posteriori (ci-après appelée « probabilité ») d'attribuer un échantillon à chaque groupe de référence. Nous avons utilisé les résultats pour quantifier la proportion d'échantillons qui ont été correctement attribués à leur population de référence initiale à quatre seuils de probabilité :  $\geq 95\%$ ,  $\geq 80\%$ ,  $\geq 60\%$  et  $\geq 40\%$ . Dans un système idéal, une population de référence bien définie donnerait lieu à une grande exactitude (seuil de probabilité  $\geq 80\%$ ) de l'attribution pour une proportion élevée (p. ex.  $> 80\%$ ) des échantillons. Toutefois, une telle précision est rarement possible en utilisant un seul marqueur génétique.

## ANALYSES GÉNÉTIQUES DE L'ORIGINE DES BÉLUGAS RÉCOLTÉS DANS LES UNITÉS DE GESTION

Les proportions de spécimens appartenant à des groupes de référence par unité de gestion ou par période ont été estimées au moyen d'une AGO réalisée à l'aide de la version 3,7b du logiciel SPAM (Debevec *et al.* 2000; Alaska Department of Fish and Game 2003) comme dans Turgeon *et al.* (2009).

Les erreurs-types ont également été calculées au moyen d'une procédure de rééchantillonnage jackknife « un contre tous » pour éliminer, à chaque itération, les individus récoltés à la même date dans la même région et tenir compte de l'autocorrélation entre les échantillons (comme l'ont fait précédemment Doniol-Valcroze *et al.* [2016]).

La méthode d'analyse génétique de l'origine de Pella-Masuda a été sélectionnée dans le logiciel SPAM pour permettre l'occurrence possible de groupes de référence inconnus (voir Mosnier *et al.* 2017). Des bélugas récoltés peuvent provenir de groupes de référence inconnus, comme dans les évaluations précédentes.

Dans Hammill *et al.* (2021), les groupes de référence EBH et OBH de l'AGO étaient basés respectivement sur 206 et 132 individus. En 2022, nous avons utilisé les séquences de 186 et 318 spécimens de référence pour les groupes EBH et OBH respectivement. Les individus de référence utilisés dans Hammill *et al.* (2021) et cette étude étaient identiques à 98 % pour le groupe EBH (N = 183) et à 13 % (N = 41) pour le groupe OBH.

## RÉSULTATS

### HAPLOTYPAGE

Nous avons obtenu 2 861 haplotypes de grande qualité (sans ambiguïté) à partir d'échantillons recueillis dans 12 aires (figure 1, tableau 1). Au total, 43 haplotypes uniques courts et 126 longs



---

ont été identifiés à partir des 2 861 séquences (tableau S1, tableau S2, tableau S3). Le sud du détroit d'Hudson et le sud-ouest de la baie d'Hudson affichaient respectivement le plus grand nombre (N = 1 372) et le plus petit nombre (N = 17) d'individus par région (tableau 1).

Parmi les 2 861 individus, un sous-ensemble de 1 600 individus a été haplotypé pour la région de contrôle court par les installations de l'Institut des eaux douces (IED) et de l'Institut Maurice-Lamontagne (IML). Les installations de l'IED et de l'IML ont identifié 35 et 33 haplotypes courts, respectivement. Trente haplotypes, les haplotypes les plus courants, étaient communs aux deux ensembles de données. Les différences dans l'haplotypage ont fortement augmenté, passant de 1,5 % pour les deux haplotypes les plus abondants à 4,9 % pour les 6 haplotypes les plus abondants et à 7 % pour toutes les comparaisons possibles (c.-à-d. 25 haplotypes avec 2 échantillons ou plus; figure 3).

## **RÉÉVALUATION DE LA STRUCTURE DES POPULATIONS DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON**

De multiples approches complémentaires ont été utilisées pour identifier les populations de béluga dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson. En utilisant un sous-ensemble de 1 136 individus échantillonnés en juillet et en août dans 11 aires (tableau 1), nous avons d'abord étudié la spécificité haplotypique des animaux dans les aires d'estivage en utilisant des réseaux ayant les deux longueurs d'haplotypes. Les haplogroupes de l'est et de l'ouest ont été séparés par deux et quatre mutations respectivement pour les réseaux des haplotypes courts et longs (figure 4). Dans les réseaux d'haplotypes (longs et courts), la grande majorité des échantillons de béluga de l'est de la baie d'Hudson avaient un haplotype de l'haplogroupe de l'est (77 % pour les deux longueurs). L'haplogroupe de l'ouest qui comprenait principalement des échantillons provenant de l'ouest de la baie d'Hudson (nord de la baie d'Hudson, nord-ouest de la baie d'Hudson et sud-ouest de la baie d'Hudson), mais aussi ceux de toutes les autres aires d'estivage. Des haplotypes très spécifiques à la baie Cumberland ont été observés dans les deux réseaux dans l'haplogroupe de l'ouest (p. ex., courts : HS014; longs : HL024; figure 4). Des haplotypes très spécifiques à la baie James (JAM) et à l'île Long (LON) ont été observés dans les deux haplogroupes (p. ex., courts : HS029 de l'ouest, HS017 de l'est, figure 4a; longs : HL070 de l'ouest, HL038 de l'est, figure 4b). Dans toutes les régions, le nombre d'haplotypes, la diversité des haplotypes et le nombre et la proportion d'haplotypes privés (seulement présents dans une aire d'estivage, figure 1) étaient plus élevés pour les haplotypes longs que courts (tableau 2). La proportion la plus élevée d'haplotypes privés pour les deux longueurs d'haplotypes a été observée dans le groupe BCU (tableau 2). La diversité haplotypique dans le groupe JAM était la plus faible selon les deux longueurs d'haplotypes. Pour l'haplotype court, seul le groupe BCU avait une proportion d'allèles privés supérieure à 5 %. Pour les haplotypes longs, les groupes BCU, LON, du nord-ouest de la baie d'Hudson et EBH présentaient tous des proportions d'haplotypes privés supérieures à 5 % (tableau 2). En utilisant des haplotypes longs, la spécificité haplotypique élevée des animaux dans les aires d'estivage suggère que les groupes OBH, JAM, LON, EBH et BCU sont des populations différentes.

Les analyses des composantes principales ont permis de déterminer différents nombres de regroupements d'estivage distincts en utilisant les fréquences des haplotypes courts et longs. Pour les haplotypes courts, les résultats des ACP indiquaient trois groupes : EBH, JAM/LON et tous les autres regroupements estivaux (figure 5a). Pour les haplotypes longs, les groupes EBH, JAM, LON et BEL ont été séparés de tous les autres regroupements estivaux (nord de la baie d'Hudson, nord-ouest de la baie d'Hudson, sud-ouest de la baie d'Hudson, sud du détroit d'Hudson, baie d'Ungava, baie Frobisher, BCU), indiquant cinq groupes génétiques distincts (figure 5b). Pour les haplotypes longs, les groupes JAM et LON ont des fréquences

---

d'haplotypes très semblables (tableau S4). De plus, les deux haplotypes les plus abondants dans les groupes JAM et LON étaient les mêmes (HL008, HL070; figure 5b, tableau S4). Ces résultats suggèrent que les groupes JAM et LON forment une seule population (la population JAM comprend les individus du groupe LON ci-après). En revanche, les deux types d'haplotypes les plus abondants dans le groupe EBH (HL009, HL016) sont différents de ceux du groupe BEL (HL001, HL022; tableau S4). Nous avons également effectué des tests pour déterminer si les animaux du groupe BEL différaient des autres groupes génétiques avec une troisième ACP des fréquences des haplotypes longs des populations (EBH, OBH, JAM, BCU) et des unités de gestion (en tenant compte des zones et des saisons; figure 2). Dans le cadre de cette ACP, les populations OBH, JAM, EBH et BCU ont été séparées les unes des autres (figure 6). Les fréquences d'haplotypes du groupe BEL au cours des quatre saisons formaient une grappe distincte des autres groupes génétiques de l'ACP (figure 6), ce qui donne également à penser qu'une population distincte habite les eaux près des îles Belcher.

Cinq populations ont été identifiées dans les aires d'estivage comportant des haplotypes longs, à savoir OBH, JAM, EBH, BEL et BCU. L'approche « un contre tous » a montré une proportion croissante d'attributions correctes à des groupes de référence avec un seuil décroissant de probabilité, sauf pour la population BCU qui s'est stabilisée à 39,1 % à un seuil de probabilité  $\geq 60$  %. Un tel résultat est attendu puisque la population BC partage plusieurs haplotypes avec la population OBH (figure 6). Une forte proportion ( $> 75$  %) d'individus a été affectée correctement aux populations OBH et JAM à un seuil de probabilité  $\geq 40$  % (tableau 3). En revanche, des proportions plus faibles d'individus ont été affectées aux populations EBH (69,4 %) et BEL (19,7 %) à un seuil de probabilité  $\geq 40$  % (tableau 3). Le regroupement des populations EBH et BEL en tant que stock BEL-EBH a augmenté la proportion de réattributions au stock BEL-EBH (84 %) à un seuil de probabilité  $\geq 40$  % (tableau 3, section sur les quatre populations et le stock BEL-EBH). Les proportions d'attributions correctes étaient identiques pour les populations OBH, JAM et BCU à tous les seuils de probabilité pour les deux tests d'attribution (tableau 3).

## **ESTIMATION DES PROPORTIONS DES BÉLUGAS RÉCOLTÉS PROVENANT DES GROUPES DE RÉFÉRENCE DANS LES UNITÉS DE GESTION**

Nous avons estimé les proportions d'animaux des nouveaux groupes de référence (populations OBH, JAM et BCU et stock BEL-EBH) récoltés par les collectivités du Nunavik et de Sanikiluaq dans les différentes unités de gestion à l'aide des haplotypes longs. Les proportions d'animaux du stock BEL-EBH récoltés dans le détroit d'Hudson (12,3 %) et dans la baie d'Ungava (4,7 %) au printemps étaient semblables aux estimations précédentes (détroit d'Hudson : 11,7 %; baie d'Ungava : 6,0 %; tableaux 4 et 5). Des augmentations des récoltes de bélugas appartenant à la population EBH ont été observées à l'automne dans le détroit d'Hudson (44,0 %) et dans le nord-est de la baie d'Hudson (50,1 %), respectivement, comparativement aux estimations précédentes (détroit d'Hudson : 29,1 %; nord-est de la baie d'Hudson : 44,5 %; tableaux 4 et 5). Dans le détroit d'Hudson, la division des échantillons d'automne en une échelle temporelle plus fine a montré que la proportion de récoltes provenant du stock BEL-EBH diminue à la fin de novembre (tableau 7). Nous avons observé les plus fortes augmentations, soit environ 60 %, de la proportion de récoltes provenant du stock BEL-EBH dans les échantillons du printemps et de l'automne de Sanikiluaq (tableaux 4 et 5). Les proportions de récoltes provenant du stock BEL-EBH observées à Sanikiluaq pendant l'hiver étaient semblables entre les estimations actuelles et précédentes (tableaux 4 et 5).

Les populations JAM et BCU représentaient de petites proportions d'animaux récoltés dans les unités de gestion du nord-est de la baie d'Hudson, du détroit d'Hudson et de la baie d'Ungava (tableau 5). Dans ces unités de gestion, la plus forte proportion d'animaux des populations JAM et BCU a été récoltée dans le nord-est de la baie d'Hudson à l'automne et dans le détroit

---

d'Hudson au printemps, respectivement. À Sanikiluaq, la population de JAM était plus fréquente lors des récoltes au printemps et en hiver que lors de la récolte en automne (tableau 5). Aucun animal de la population BCU n'a été récolté à Sanikiluaq (tableau 5).

Dans tous les domaines de gestion, la proportion d'individus associés à une population inconnue est significativement plus faible que lors de la dernière évaluation, particulièrement à Sanikiluaq au printemps et à l'hiver (tableaux 4 et 5). Les proportions inconnues étaient encore les plus élevées dans les unités de gestion de Sanikiluaq avec les estimations actuelles (tableau 5).

## **QUANTIFICATION DE L'INCIDENCE DES CHANGEMENTS SUR LES AGO**

Nous avons quantifié l'incidence du reséquençage et des variations des populations de référence sur les estimations de la proportion du stock BEL-EBH dans la récolte par unité de gestion (haplotypes courts de 1 517 individus). L'incidence du reséquençage a entraîné en moyenne une variation de 4,3 % (erreur-type de  $\pm 1,0$  %) de la proportion estimée d'animaux du stock de BEL-EBH récoltés par unité de gestion. L'incidence du reséquençage la plus importante (12,0 %) sur la proportion d'animaux du stock BEL-EBH récoltés a été observée à Sanikiluaq en hiver (tableau 6).

## **DISCUSSION**

Dans le cadre de cette étude, nous avons revu les séquences courtes et longues de la région de contrôle de l'ADN mt et avons fait passer le nombre de populations de quatre à cinq dans le complexe de la baie d'Hudson. Nos résultats en utilisant les haplotypes longs confirment que les populations OBH, JAM, EBH et BCU sont des populations distinctes. Ils indiquent également que les bélugas récoltés autour des îles Belcher ont une composition génétique distincte de ceux de la population OBH. Du point de vue de la conservation, la population BEL devrait être considérée comme une unité évolutive distincte nouvellement décrite, c'est-à-dire une autre population de béluga de l'Arctique. Toutefois, le rendement de l'AGO lorsque les populations BEL et EBH étaient utilisées comme références indépendantes a été réduit par le partage d'haplotypes entre les deux. À l'heure actuelle, il est également impossible d'estimer séparément l'abondance des bélugas des populations BEL et EBH puisqu'elles se chevauchent dans l'espace et dans le temps pendant les relevés d'été. Par conséquent, une approche plus parcimonieuse consiste à considérer l'abondance combinée des populations BEL et EBH comme un stock (BEL-EBH) du point de vue de l'évaluation des stocks et de la gestion. L'incidence la plus grande de la combinaison des populations BEL et EBH a été la proportion accrue d'animaux du stock BEL-EBH récoltés toute l'année dans l'unité de gestion de Sanikiluaq. Au Nunavik, l'augmentation des estimations du nombre d'animaux du stock BEL-EBH récoltés au cours de la saison est variable, mais elle est plus importante à l'automne dans le nord-est de la baie d'Hudson comparativement au détroit d'Hudson. Au total, cette étude constitue un outil plus fiable pour la gestion de toutes les unités désignables du complexe de la baie et du détroit d'Hudson (COSEPAC 2016).

## **CINQ POPULATIONS DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON**

Nos résultats confirment que la région de contrôle de l'ADN mt peut caractériser la structure des populations de béluga qui passent l'été dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson (Brown Gladden *et al.* 1997; de March et Postma 2003; Turgeon *et al.* 2012; Postma 2017). Ils confirment également la séparation des haplotypes en deux haplogroupes qui sont largement limités géographiquement, soit les haplogroupes ouest et est (Postma 2017). Les populations

---

OBH et EBH ont été détectées, ce qui confirme les résultats des études antérieures (Turgeon *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012). Nos constatations soulignent également la nécessité de tenir compte de trois nouvelles populations dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson, soit JAM, BCU et BEL. Leur composition génétique à l'aide des haplotypes longs est distincte de celle des populations OBH et EBH.

Les analyses des haplotypes longs ont mis en évidence la spécificité de la population JAM, qui a également été observée dans des études antérieures (Postma *et al.* 2012; Postma 2017). Notre étude a également démontré la similarité entre les fréquences haplotypes des individus des populations JAM et LON durant l'été. Des études antérieures suggéraient la présence d'individus ayant des haplotypes de l'haplogroupe EBH dans l'aire de l'île Long durant l'été (Postma *et al.* 2012; Postma 2017). Bien que cela soit conforme à nos résultats, les groupes JAM et LON ont des haplotypes les plus abondants semblables, qui sont différents de ceux du groupe EBH. Les groupes JAM et LON ont des haplotypes très spécifiques des haplogroupes de l'ouest (p. ex., HL070, HL072, HL074) et de l'est (p. ex., HL038). Ensemble, ces résultats suggèrent que la majorité des individus du groupe LON récoltés font partie de la population JAM. Cela est conforme au cadre de gestion actuel qui regroupe les prises de l'aire de l'île Long avec celles de la baie James (figure 1b).

La population BCU présentait la proportion la plus élevée d'haplotypes privés chez les haplotypes courts et longs. Il y avait également une forte proportion d'haplotypes partagés avec la population OBH, ce qui est conforme aux études antérieures (de March *et al.* 2002, 2004; Turgeon *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012; Postma 2017). Les données de télémétrie par satellite indiquent que les bélugas de la baie Cumberland forment une population distincte qui habite la région toute l'année (Richard et Stewart 2009). Par ailleurs, les connaissances traditionnelles indiquent que différents types de bélugas visitent la baie Cumberland chaque année (Kilabuk 1998; Watt *et al.* 2020). La composition mixte observée au cours de l'été dans la baie Cumberland pourrait refléter à la fois les renseignements sur la télémétrie et sur le savoir traditionnel, et pourrait suggérer la présence d'individus migrants et d'individus résidents.

Les analyses des haplotypes longs ont permis de déterminer que les individus des îles Belcher formaient une population distincte. Avec l'haplotype court, la population BEL a été regroupée avec la population OBH, principalement en raison du partage d'haplotypes. Toutefois, l'haplotype long a montré que les haplotypes les plus abondants de l'haplogroupe de l'ouest différaient entre les populations OBH (HL003) et BEL (HL001). De plus, la population BEL n'a pas partagé ses deux haplotypes les plus abondants avec la population EBH, bien que les deux populations aient partagé quelques haplotypes non abondants qui font partie de l'haplogroupe de l'est. Ces résultats appuient ceux d'études antérieures montrant que 20 % des individus récoltés près des îles Belcher avaient des haplotypes longs ou des haplotypes ou mitogénomes privés ou très spécifiques (Turgeon *et al.* 2012; Postma 2017). Les plus grandes tailles d'échantillon utilisées dans la présente étude montrent que les bélugas des îles Belcher forment une population distincte, semblable à d'autres unités désignables de béluga dans l'Arctique (COSEPAC 2016).

Aucune population de référence n'a été identifiée dans d'autres aires d'estivage, à savoir le sud du détroit d'Hudson, la baie d'Ungava et la baie Frobisher. Dans ces régions, les deux haplotypes les plus abondants étaient HL001 et HL003, qui sont des haplotypes abondants dans la population OBH. Il n'y a eu aucun ou peu d'haplotypes privés détectés pour les longues séquences dans le sud du détroit d'Hudson, la baie d'Ungava et la baie Frobisher, ce qui donne à penser qu'il n'y a pas de population endémique qui passe l'été dans ces régions. Le détroit d'Hudson est reconnu comme un corridor de migration et une zone d'hivernage pour les populations OBH et EBH (Finley *et al.* 1982; Bailleul *et al.* 2012). Cependant, il semble également que des individus issus d'un métissage des populations OBH et EBH passent l'été

---

dans la région du détroit d'Hudson. Cela représente très peu d'animaux détectés dans les relevés aériens d'été dans le détroit d'Hudson au cours des années 1980, 2008 et 2010, mais l'effort de relevé a été limité dans ce secteur (figure 7; Finley *et al.* 1982; Gosselin *et al.* 2009; observations personnelles de J.-F. Gosselin).

## **QUATRE GROUPES DE RÉFÉRENCE DANS LE COMPLEXE DE LA BAIE ET DU DÉTROIT D'HUDSON**

Nous avons identifié quatre groupes de référence valides pour l'AGO lorsque nous considérons un seuil de probabilité  $\geq 40$  % pour les taux de réassignation : les populations OBH, JAM et BCU et le stock BEL-EBH. Les taux de réassignation étaient élevés pour les populations OBH et JAM avec cinq populations de référence ou quatre groupes de référence. Ces résultats concordent avec ceux d'études antérieures soulignant que les populations OBH et JAM avaient des compositions génétiques distinctes (Turgeon *et al.* 2012; Postma *et al.* 2012; Postma 2017). Avec les deux ensembles de groupes de référence, les taux de réassignation de la population BCU étaient inférieurs (39 %) à ceux des populations OBH et JAM à un seuil de probabilité  $\geq 40$  %. Les haplotypes privés et une grande proportion d'haplotypes partagés avec la population OBH expliquent ces faibles taux de réassignation pour la population BCU, qui sont également conformes aux études antérieures (Turgeon *et al.* 2009; Turgeon *et al.* 2012). Les taux de réassignation étaient faibles (19,7 %) pour la population BEL et acceptables (69,4 %) pour la population EBH lorsque l'on tient compte de cinq populations de référence. Cela est probablement attribuable au partage entre les populations BEL et EBH de plusieurs haplotypes non abondants provenant de l'haplogroupe de l'est. Le partage d'haplotypes entre les populations BEL et EBH peut être attribuable aux lignées partagées. Par ailleurs, des recherches en télémétrie ont montré des mouvements entre le continent et les îles Belcher (Bailleul *et al.* 2012).

L'utilisation des individus en estivage des populations EBH et BEL comme groupe de référence unique, appelé « stock BEL-EBH », a considérablement amélioré les taux de réassignation. Le terme « stock BEL-EBH » est utilisé ici pour définir le regroupement des populations BEL et EBH et décrire la composition génétique des animaux qui passent l'été dans l'est de la baie d'Hudson qui sont comptés lors des levés aériens (St-Pierre, A.P. *et al.* En préparation<sup>1</sup>). Dans des documents antérieurs (p. ex., Hammill *et al.* 2017, 2021), les animaux qui passent l'été dans ces aires étaient décrits sous le terme « stock EBH ». L'utilisation du terme « stock BEL-EBH » reflète maintenant le changement dans la définition de la composition génétique de ces animaux, ce qui indique la combinaison de deux populations dans un espace particulier (est de la baie d'Hudson).

## **AUGMENTATION DES BÉLUGAS DU STOCK BEL-EBH RÉCOLTÉS DANS CERTAINES UNITÉS DE GESTION**

La forte augmentation des proportions de bélugas du stock BEL-EBH récoltés qui a été observée à Sanikiluaq est principalement attribuable à l'ajout de la population BEL au stock BEL-EBH. La capacité de l'haplotype long à distinguer la population BEL de la population OBH a permis d'améliorer la définition génétique des bélugas qui passent l'été dans la région de l'est de la baie d'Hudson. À l'aide d'haplotypes courts, des évaluations antérieures ont déterminé

---

<sup>1</sup> St-Pierre, A.P., Gosselin, J.-F., Mosnier, A. et Hammill, M.O. Estimation de l'abondance du béluga (*Delphinapterus leucas*) dans la baie James et la région des îles Belcher-est de la baie d'Hudson à l'été 2021. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. En préparation.

---

que les animaux récoltés toute l'année près des îles Belcher appartenait principalement à la population OBH (p. ex. Hammill *et al.* 2021). Les résultats de cette étude utilisant des haplotypes longs appuient l'hypothèse selon laquelle les bélugas récoltés par la collectivité de Sanikiluaq proviennent principalement d'une population propre aux îles Belcher (Turgeon *et al.* 2012; Postma 2017). Cette analyse montre également que des analyses antérieures ont probablement sous-estimé l'incidence de la récolte sur les animaux qui passent l'été dans la région de l'est de la baie d'Hudson.

Au sein des unités de gestion du Nunavik, la proportion de bélugas récoltés pendant la chasse de printemps dans la baie d'Ungava et le détroit d'Hudson relativement au stock BEL-EBH était semblable aux estimations antérieures. La proportion de récoltes provenant du stock BEL-EBH (4,7 %) dans la chasse de printemps dans la baie d'Ungava correspond approximativement au ratio de 6 % des estimations d'abondance entre le stock BEL-EBH et la population OBH ( $6\% = 3\,300 / (3\,300 + 54\,000)$ ; Matthews *et al.* 2017; Hammill *et al.* 2021). Toutefois, la proportion de récoltes provenant du stock BEL-EBH dans la chasse de printemps dans le détroit d'Hudson a été estimée à 12,3 %, et des proportions encore plus importantes ont été observées dans la chasse d'automne dans le détroit d'Hudson ou dans le nord-est de la baie d'Hudson. Dans ces dernières régions, on estime qu'environ la moitié des bélugas récoltés appartiennent au stock BEL-EBH, ce qui représente une proportion beaucoup plus élevée que prévu en fonction de la taille relative du stock BEL-EBH et de la population OBH. La proportion estimée d'animaux appartenant au stock BEL-EBH récoltés lors de la chasse automnale dans le détroit d'Hudson et dans le nord-est de la baie d'Hudson est également plus élevée que lors de l'évaluation précédente. Étant donné que la population BEL contribue maintenant à la définition de la composition génétique du stock BEL-EBH, ce résultat suggère qu'une fraction de la population BEL pourrait également migrer à l'extérieur de la baie d'Hudson avec des individus de la population EBH. L'autre fraction de la population BEL hiverne probablement près des îles Belcher, car les animaux récoltés en hiver avaient une composition génétique semblable à ceux récoltés en l'été. Dans le détroit d'Hudson, les tailles d'échantillon étaient suffisamment grandes pour vérifier les variations de la proportion d'animaux appartenant au stock BEL-EBH dans la chasse se déroulant en novembre. La proportion de bélugas du stock BEL-EBH est élevée (51,5 %; intervalle de confiance de 95 % : 39,0 à 63,9 %) au début de novembre et elle baisse à 10,4 % à la fin de novembre (intervalle de confiance de 95 % : 0,9 à 29,5 %; tableau 7).

## **LES PROPORTIONS DE BÉLUGAS DES POPULATIONS JAM ET BCU ET D'AUTRES POPULATIONS PRÉTENDUES ÉTAIENT FAIBLES DANS TOUTES LES UNITÉS DE GESTION**

De faibles proportions de bélugas des populations JAM et BCU ont été récoltés dans le détroit d'Hudson, la baie d'Ungava et le nord-est de la baie d'Hudson, tandis qu'une plus grande proportion de bélugas de la population JAM a été récoltée par la collectivité de Sanikiluaq au cours du printemps et de l'hiver. Certains individus de la population JAM peuvent hiverner près des îles Belcher dans des zones de glace détachée (polynie) (McDonald *et al.* 1997). Nous avons également observé des proportions plus faibles de bélugas de la population JAM dans le détroit d'Hudson au printemps et dans le nord-est de la baie d'Hudson à l'automne, ce qui suggère le déplacement de certains bélugas de la population JAM à l'extérieur des régions de la baie James et des îles Belcher. Ces résultats contrastent avec les données de télémétrie obtenues grâce à 23 animaux étiquetés dans la baie James qui n'ont révélé aucune migration saisonnière (Bailleul *et al.* 2012); toutefois, le nombre d'animaux étiquetés était faible par rapport à la population globale estimée de 19 200 animaux et ne capte probablement qu'une fraction des mouvements possibles des animaux de cette population (Hammill *et al.* En

---

préparation<sup>2</sup>). En revanche, nous n'avons détecté aucun individu de la population BCU dans la baie d'Hudson, en accord avec une étude antérieure (Turgeon *et al.* 2012). La présence d'animaux de la baie Cumberland dans le détroit d'Hudson et dans la baie d'Ungava est intéressante et a été signalée ailleurs; elle souligne la complexité du comportement social des bélugas selon lequel certains animaux peuvent résider dans une zone, tandis que d'autres peuvent effectuer des migrations à plus grande échelle (Richard et Orr 1986; de March *et al.* 2004; O'Corry-Crowe *et al.* 2010, 2020). Il convient de noter que l'AGO peut sous-estimer la récolte provenant de la population BCU pour les individus portant des haplotypes fréquents dans la population OBH. Nous n'avons pas observé de biais de la population OBH envers la population BCU avec l'AGO, alors que ce biais était important pour les régions de gestion de l'est de la baie d'Hudson dans une étude antérieure (Doniol-Valcroze *et al.* 2016). Le plus grand nombre d'individus dans le groupe de référence OBH a probablement limité cet effet.

Les proportions de groupes de référence inconnus étaient plus faibles que lors des analyses antérieures de l'origine génétique dans la plupart des unités de gestion. Cela peut s'expliquer par l'intégration de la population BEL au stock BEL-EBH. Néanmoins, les proportions de groupes de référence inconnus étaient les plus importantes dans les unités de gestion de Sanikiluaq. Nous avons examiné les fréquences des haplotypes dans les échantillons de bélugas capturés à Sanikiluaq au printemps, à l'automne et à l'hiver. La forte proportion de HL001, l'haplotype le plus abondant de la population BEL, au fil des saisons, suggère que certaines composantes de la population locale (BEL) pourraient hiverner dans la région des îles Belcher. Nous avons également repéré des haplotypes (c.-à-d. HL036, HL037, HL089, HL131, HL132, HL133, HL134, HL135) récoltés uniquement dans les unités de gestion du printemps, de l'automne et de l'hiver de Sanikiluaq, ce qui laisse entendre que des populations inconnues supplémentaires pourraient hiverner autour des îles Belcher. Nous connaissons au moins deux autres groupes de béluga qui ont été observés dans le sud de la baie d'Hudson et dont les données génétiques sont peu ou pas disponibles à des fins d'analyse. Dans la présente étude, le regroupement estival du sud-ouest de la baie d'Hudson est représenté par un petit échantillon (N = 17), et des études antérieures ont suggéré une certaine spécificité génétique dans cette région (Turgeon *et al.* 2009; Postma 2017). Il existe aussi un grand groupe de bélugas souvent observé dans le nord-ouest de la baie James lors de levés aériens (Gosselin *et al.* 2013), qui n'a jamais été caractérisé génétiquement.

## **LES NOUVEAUX STOCKS/NOUVELLES POPULATIONS DE RÉFÉRENCE, ET NON LE RESÉQUENÇAGE, ONT EU L'INCIDENCE LA PLUS IMPORTANTE SUR LES PROPORTIONS DE RÉCOLTES**

Le reséquençage a permis d'expliquer un léger changement dans la proportion de récoltes provenant du stock BEL-EBH (4,3 %). Les différences dans les résultats de séquençage entre les deux établissements (IED et IML) s'expliquent principalement par les changements apportés aux méthodologies au cours des 20 dernières années. Le programme d'haplotypage pour la gestion du béluga a débuté vers 2000 à l'IED (de March et Postma 2003). Au stade précoce de l'haplotypage, les taux d'erreur associés à la Taq polymérase ou aux technologies de séquençage étaient plus élevés. Par conséquent, le regroupement singleton (haplotype unique) avec les haplotypes les plus abondants était une procédure entreprise chaque année pour améliorer le rendement des AGO et éviter le biais attribuable à des haplotypes rares et peut-

---

<sup>2</sup> Hammill, M.O., St-Pierre, A.P., Mosnier, A., Parent, G.J. et Gosselin, J.-F. Abondance totale et impact des prélèvements sur le béluga de l'est de la baie d'Hudson et de la baie James 2015-2022. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. En préparation.

---

être erronés. Avec les années, les taux d'erreur de la Taq polymérase et de la technologie de séquençage se sont améliorés, tout en réduisant le regroupement d'haplotypes. Nous n'avons pas effectué de regroupement d'haplotypes avec l'ensemble de données de l'IML, car les taux d'erreur étaient probablement assez faibles puisque toutes les séquences ont été synthétisées au cours de la dernière année. En outre, le taux d'erreur était globalement plus faible dans le cas de la base de données de l'IML, puisque toutes les séquences ont été produites à l'aide de séquences consensus, avec des résultats de séquençage avant et arrière. Pour réduire les coûts, seul le séquençage vers l'avant a été effectué pour les échantillons de récoltes à l'IED. Une autre source d'erreur se produit lors de la lecture des chromatogrammes. À l'IED, un seul technicien a examiné les chromatogrammes, ce qui réduit le taux d'erreur. À l'IML, nous avons créé une procédure normale d'exploitation pour la production de séquences consensus qui pourrait être transférée à n'importe quelle installation de séquençage à l'avenir. Puisque l'incidence du reséquençage était faible, nous pouvons conclure que les principales différences observées entre les résultats de l'AGO précédente (Hammill *et al.* 2021) et ceux de la présente étude ont été causées par le changement du nombre de groupes de référence nouvellement définis, qui est passé de deux à quatre.

## **AMÉLIORATION DE LA CLASSIFICATION GÉNÉTIQUE À L'AVENIR**

La caractérisation génétique des individus du sud de la baie d'Ungava n'a pas été possible dans cette étude. La population de la baie d'Ungava a connu une chasse commerciale à la baleine excessive à la fin du 19<sup>e</sup> et au début du 20<sup>e</sup> siècle et est actuellement désignée comme une espèce en voie de disparition (COSEPAC 2016). Cette population est très fidèle à la partie sud de la baie d'Ungava, dans une zone où la chasse est restreinte. Un projet lancé en 2018, en collaboration avec la Nunavik Hunting, Fishing and Trapping Association (Nunavimmi Umajulivijit Katujiqatigininga régionale; NUKR), a mené à l'obtention de quelques biopsies (n = 3) sur des bélugas de cette région, mais il n'y a pas suffisamment d'échantillons pour leur inclusion dans les analyses des populations. L'échantillonnage d'ADN environnemental est en cours d'élaboration pour l'haplotypage du béluga afin de limiter l'incidence de la récolte sur cet animal.

De nouveaux marqueurs génétiques (mitogénomes, SNP du génome nucléaire) pourraient améliorer la classification et l'attribution aux populations de référence du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. La séquence de l'ADN mt ne peut faire de distinction entre les individus migrants saisonniers (ne se reproduisant pas avec la population locale) et les individus migrants efficaces (se reproduisant avec la population locale). Les marqueurs génétiques tirés de l'ADN nucléaire pourraient établir une distinction entre les deux types de migrants, si les populations sont génétiquement distinctes dans les loci nucléaires. Des études antérieures utilisant des marqueurs nucléaires ont révélé une certaine différenciation génétique entre les populations BCU ou JAM et d'autres populations, mais non entre les populations OBH et EBH, qui peuvent se reproduire (Turgeon *et al.* 2012).

D'autres variables approximatives pourraient également améliorer la classification des populations de référence du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Une étude antérieure combinant isotopes stables et éléments traces a permis de définir les stocks en estivage et leurs contributions relatives à la récolte de subsistance au Nunavik (Rioux *et al.* 2012). La combinaison de la caractérisation des isotopes stables, des éléments traces et des haplotypes de l'ADN mt pour les régions de contrôle dans chaque individu de référence pourrait aider à identifier différents types d'individus migrants et à réduire encore plus l'incertitude entourant la classification de la population OBH et du stock BEL-EBH. La combinaison d'approximations tout en utilisant ces nouvelles populations de référence fondées sur la séquence étendue de l'ADN



---

mt pourrait compléter l'attribution génétique et améliorer la classification tout en réduisant l'incertitude.

## REMERCIEMENTS

Nous remercions les chasseurs et les intervenants inuits du Nunavik et du Nunavut d'avoir fourni des échantillons de bélugas. Nous remercions également Samuel Turgeon, Samuel Mongrain, Denise Tenkula, Tera Edkins et Justine Hudson pour leur aide à obtenir des échantillons et des métadonnées associés aux échantillons de tissus de bélugas. Nous reconnaissons également le travail essentiel des personnes suivantes dans ce document. Frédérique Paquin, Éric Parent et Caroline Chavarria ont procédé au séquençage et à la révision des séquences de l'ADN mt. Claudie Bonnet a organisé de façon itérative la base de données génétique de l'IML pour améliorer les métadonnées. Benjamin Hornoy a créé un pipeline automatisé pour mettre à jour annuellement la bibliothèque de référence et identifier les haplotypes à partir des échantillons de bélugas récoltés. Jean-François Gosselin pour la figure 7. Laura Feyrer pour une révision grandement appréciée du document de recherche.

## RÉFÉRENCES CITÉES

- Alaska Department of Fish and Game. 2003. SPAM Version 3.7: Statistics Program for Analyzing Mixtures. Alaska Department of Fish and Game, Commercial Fisheries Division, Gene Conservation Lab. Software available at: [Gene Conservation Laboratory SPAM Download, Division of Commercial Fisheries, Alaska Department of Fish and Game](#)
- Anderson, E.C., Waples, R.S. et Kalinowski, S.T. 2008. An improved method for predicting the accuracy of genetic stock identification. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 65 : 1475-1486. doi:10.1139/F08-049
- Bailleul, F., Lesage, V., Power, M., Doidge, D.W. et Hammill, M.O. 2012. Differences in diving and movement patterns of two groups of Beluga Whales in a changing Arctic environment reveal discrete populations. *Endanger. Species Res.* 17 : 27-41. doi:10.3354/esr00420.
- Bonnell, T.R., Michaud, R., Dupuch, A., Lesage, V. et Chion, C. 2022. Extracting spatial networks from capture-recapture data reveals individual site fidelity patterns within a marine mammal's spatial range. *Ecol. Evol.* 12(2) : e8616. doi:10.1002/ece3.8616
- Brakes, P., Carroll, E.L., Dall, S.R.X., Keith, S.A., McGregor, P.K., Mesnick, S.L., Noad, M.J., Rendell, L., Robbins, M.M., Rutz, C., Thornton, A., Whiten, A., Whiting, M.J., Aplin, L.M., Bearhop, S., Ciucci, P., Fishlock, V., Ford, J.K.B., Notarbartolo di Sciara, G., Simmonds, M.P., Spina, F., Wade, P.R., Whitehead, H., Williams, J. et Garland, E.C. 2021. A deepening understanding of animal culture suggests lessons for conservation. *Proc. R. Soc. B.* 288 : 20202718. doi:10.1098/rspb.2020.2718
- Brown Gladden, J.G., Ferguson, M.M. et Clayton, J.W. 1997. Matriarchal genetic population structure of North American Beluga Whales *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae). *Mol. Ecol.* 6 : 1033-1046. doi:10.1046/j.1365-294x.1997.00275.x
- Cadrin, S.X. 2020 Defining spatial structure for fishery stock assessment. *Fish. Res.* 221 : 105397. doi:10.1016/j.fishres.2019.105397
- Caron, L.M.J. et Smith, T.G. 1990. Philopatry and site tenacity of Belugas, *Delphinapterus leucas*, hunted by the Inuit at the Nastapoka estuary, eastern Hudson Bay. *In* Smith, T.G., St. Aubin, D.J. and Geraci, J.R. (ed.). *Advances in research on the Beluga Whale, Delphinapterus leucas*. *Can. Bull. Fish. Aquat. Sci.* 224 : 69-79.

- 
- Colbeck, G.J., Duchesne, P., Postma, L.D., Lesage, V.L., Hammill, M.O. et Turgeon, J. 2013. Groups of related Belugas (*Delphinapterus leucas*) travel together during their seasonal migrations in and around Hudson Bay. Proc. R. Soc. B. 280 : 20122552. doi:10.1098/rspb.2012.2552
- COSEWIC. 2016. Designatable Units for Beluga Whales (*Delphinapterus leucas*) in Canada. [Committee on the Status of Endangered Wildlife in Canada](#). Ottawa. 73 p.
- de March, B.G.E. et Postma, L.D. 2003. Molecular genetic stock discrimination of Belugas (*Delphinapterus leucas*) hunted in eastern Hudson Bay, Northern Quebec, Hudson Strait, and Sanikiluaq (Belcher Islands), Canada, and comparisons to adjacent populations. Arctic 56 : 111-124. doi:10.14430/arctic607
- de March, B., Maiers, L.D. et Friesen, M.K. 2002. An overview of genetic relationships of Canadian and adjacent populations of Belugas (*Delphinapterus leucas*) with emphasis on Baffin Bay and Canadian eastern Arctic populations. NAAMCO Sci. Publ. 4 : 17-38. doi:10.7557/3.2835
- de March, B., Stern, G. et Innes, S. 2004. The combined use of organochlorine contaminant profiles and molecular genetics for stock discrimination of White Whales (*Delphinapterus leucas*) hunted in three communities on southeast Baffin Island. J. Cetacean Res. Manage. 6 : 241-250.
- Debevec, E. M., Gates, R.B., Masuda, M., Pella, J., Reynolds, J. et Seeb, L. W. 2000. SPAM (Version 3.2): Statistics Program for Analyzing Mixtures. J. Hered. 91 : 509-510. doi:10.1093/jhered/91.6.509
- Doniol-Valcroze, T., Hammill, M.O., Turgeon, S. et Postma, L.D. 2016. [Updated analysis of genetic mixing among Nunavik Beluga summer stocks to inform population models and harvest allocation](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2016/008. iv + 13 p.
- Dray, S. et Dufour, A. 2007. The ade4 Package: Implementing the Duality Diagram for Ecologists. J. Stat. Softw. 22 : 1-20. doi:10.18637/jss.v022.i04
- Finley, K.J., Miller, G.W., Allard, M., Davis, R.A. et Evans, C.R. 1982. The Belugas (*Delphinapterus leucas*) of northern Quebec: distribution, abundance, stock identity, catch history and management. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 1123: v + 57 p.
- Gosselin, J.F., Hammill, M.O., Lesage, V. et Bourdages, H. 2002. [Abundance indices of Beluga in James Bay, eastern Hudson Bay and Ungava Bay in summer 2001](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2002/042. 27 p.
- Gosselin, J.-F., Lesage, V. et Hammill, M.O. 2009. [Index estimates of abundance for Beluga in eastern Hudson Bay, James Bay and Ungava Bay in Summer 2008](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2009/006. iv + 25 p.
- Gosselin, J.-F., Doniol-Valcroze, T. et Hammill, M.O. 2013. [Abundance estimate of Beluga in eastern Hudson Bay and James Bay, summer 2011](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2013/016. vii + 20 p.
- Hammill, M.O., Mosnier, A., Gosselin, J.-F., Matthews, C.J.D., Marcoux, M. et Ferguson, S.H. 2017. [Management approaches, abundance Indices and total allowable harvest levels of Belugas in Hudson Bay](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/062. iv + 43 p.
- Hammill, M.O., Mosnier, A., et Bordeleau, X. 2021. [Mise à jour des impacts des prélèvements sur l'abondance du béluga du Nunavik](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO. Doc. de rech. 2021/003. iv + 22 p.
-

- 
- Hobbs, R.C., Reeves, R.R., Prewitt, J.S. et autres. 2019. Global review of the conservation status of Monodontid stocks. *Mar. Fish. Rev.* 81 : 1-53.
- Jombart, T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics.* 24(11) : 1403-1405. doi:10.1093/bioinformatics/btn129
- Jombart, T. et Ahmed, I. 2011. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics.* doi: 10.1093/bioinformatics/btr521
- Kilabuk, P. 1998. A study of Inuit knowledge of the Southeast Baffin Beluga. The Southeast Baffin Beluga Management Committee. 74 p.
- Leigh, J.W. et Bryant, D. 2015. PopART: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods Ecol. Evol.* 6 : 1110-1116. doi:10.1111/2041-210X.12410
- Lesage, V., Doidge, D.W. et Fibich, R. 2001. [Harvest statistics for Beluga Whales in Nunavik, 1974–2000](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2001/022. 35 p.
- Lewis, A., Hammill, M.O., Power, M., Doidge, D.W. et Lesage, V. 2009. Movement and aggregation of eastern Hudson Bay Beluga Whales (*Delphinapterus leucas*): a comparison of patterns found through satellite telemetry and Nunavik traditional ecological knowledge. *Arctic* 62 : 1-24. doi:10.14430/arctic109
- Lillie, W.R., Gladden, J.G.B. et Tretiak, D.N. 1996. Amplification and sequencing of control region mitochondrial DNA from the Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.*, 2080, 8 p.
- Marcoux, M. et Hammill, M.O. 2016. [Model estimates of Cumberland Sound Beluga \(\*Delphinapterus leucas\*\) population size and total allowable removals](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2016/077. iv + 35 p.
- Matthews, C.J.D., Watt, C.A., Asselin, N.C., Dunn, J.B., Young, B.G., Montsion, L.M., Westdal, K.H., Hall, P.A., Orr, J.R., Ferguson, S.H. et Marcoux, M. 2017. [Estimated abundance of the Western Hudson Bay Beluga stock from the 2015 visual and photographic aerial survey](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/061. v + 20 p.
- McDonald, M., Arraqtainaq, L. et Novalinga, Z. 1997. Voices from the bay: traditional ecological knowledge of Inuit and Cree in the Hudson Bay bioregion. Canadian Arctic Resources Committee ; Environmental Committee of Municipality of Sanikiluaq. Ottawa; Sanikiluaq. 98 p.
- Meschersky, I.G., Kholodova, M.V. et Zvyhaynaya, E.Y. 2008. Molecular genetic study of the Beluga (*Delphinapterus leucas*: Cetacea, Monodontidae) summering in the southern Sea of Okhotsk as compared to North American populations. *Genetika.* 44 : 1105-1110. doi:10.1134/S1022795408090147
- Meschersky, I.G., Shpak, O.V., Litovka et autres. 2013. A genetic analysis of the Beluga Whale *Delphinapterus leucas* (Cetacea: Monodontidae) from summer aggregations in the Russian Far East. *Russ. J. Mar. Biol.* 39 : 125-135. doi:10.1134/S1063074013020065
- Moran, B.M. et Anderson, E.C. 2019. Bayesian inference from the conditional genetic stock identification model. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 76 : 551-560. doi:10.1139/cjfas-2018-0016
- Mosnier, A., Hammill, M.O., Turgeon, S. et Postma, L. 2017. [Updated analysis of genetic mixing among Beluga stocks in the Nunavik marine region and Belcher Islands area: information for population models and harvest allocation](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2017/016. v + 15 p.
-

- 
- O’Corry-Crowe, G., Suydam, R.S., Rosenberg, A., Frost, K.J. et Dizon, A.E. 1997. Phylogeography, population structure and dispersal patterns of the Beluga Whale *Delphinapterus leucas* in the western Nearctic revealed by mitochondrial DNA. *Mol. Ecol.* 6 : 955-970. doi:10.1046/j.1365-294X.1997.00267.x
- O’Corry-Crowe, G.A., Dizon, E., Suydam, R.S. et Lowry, L.F. 2002. Molecular genetic studies of population structure and movement patterns in a migratory species: the Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*, in the western Arctic. *In* Molecular and cell biology of marine mammals. Edited by C.J. Pfeiffer. Krieger Publ. Co., Malabar, Fla. pp. 53-64.
- O’Corry-Crowe, G., Lydersen, C., Heide-Jørgensen, M.P., Hansen, L., Mukhametov, L.M., Dove, O. et Kovacs, K.M. 2010. Population genetic structure and evolutionary history of North Atlantic Beluga Whales (*Delphinapterus leucas*) from West Greenland, Svalbard and the White Sea. *Polar Biol.* 33 : 1179-1194. doi:10.1007/s00300-010-0807-y
- O’Corry-Crowe, G., Suydam, R., Quakenbush, L., Potgieter, B., Harwood, L., Litovka, D., Ferrer, T., Citta, J., Burkanov, V., Frost, K. et Mahoney, B. 2018. Migratory culture, population structure and stock identity in North Pacific Beluga Whales (*Delphinapterus leucas*). *PLoS ONE* 13 : e0194201. doi:10.1371/journal.pone.0194201
- O’Corry-Crowe, G., Suydam, R., Quakenbush, L., Smith, T.G., Lydersen, C., Kovacs, K.M., Orr, J., Harwood, L., Litovka, D. et Ferrer, T. 2020. Group structure and kinship in Beluga Whale societies. *Sci. Rep.* 10 : 11462. doi:10.1038/s41598-020-67314-w
- Ouellet, J.-F., Michaud, R., Moisan, M. et Lesage, V. 2021. Estimating the proportion of a Beluga population using specific areas from connectivity patterns and abundance indices. *Ecosphere.* 12 : e03560. doi:10.1002/ecs2.3560
- Pagès, H., Aboyoun, P., Gentleman, R. et DebRoy, S. 2021. [Biostrings: efficient manipulation of biological strings](#). R package version 2.62.0.
- Palsbøll, P.J., Heide-Jørgensen, M.P. et Bérubé, M. 2002. Analysis of mitochondrial control region nucleotide sequences from Baffin Bay Belugas (*Delphinapterus leucas*): detecting pods or subpopulations? *NAMMCO Sci. Publ.* 4 : 39-50.
- Paradis, E. 2010. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics.* 26 : 419-420. doi:10.1093/bioinformatics/btp696
- Postma, L.D. 2017. [Genetic diversity, population structure and phylogeography among Belugas \(\*Delphinapterus leucas\*\) in Canadian waters: broad to fine-scale approaches to inform conservation and management strategies](#) (PhD Thesis). University of Manitoba, Winnipeg (Manitoba). 314 p.
- Postma, L.D., Petersen, S.D., Turgeon, J., Hammill, M.O., Lesage, V. et Doniol-Valcroze, T. 2012. [Beluga Whales in James Bay: a separate entity from eastern Hudson Bay Belugas?](#) *DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc.* 2012/074. iii + 23 p.
- R Core Team. 2022. [R: a language and environment for statistical computing](#). R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Richard, P.R. 2010. [Stock definition of Belugas and Narwhals in Nunavut](#). *DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc.* 2010/022. iv + 14 p.
- Richard, P. et Orr, J.R. 1986. A review of the status and harvest of White Whales (*Delphinapterus leucas*) in the Cumberland Sound area, Baffin Island. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 1447. iv + 25 p.
-

- 
- Richard, P.R. et Stewart, D.B. 2009. [Information relevant to the identification of critical habitat for Cumberland Sound Belugas \(\*Delphinapterus leucas\*\)](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2008/085. 28 p.
- Richard, P.R., Orr, J.R. et Barber, D.G. 1990. The distribution and abundance of Belugas, *Delphinapterus leucas*, in eastern Canadian subarctic waters: a review and update. In Smith, T.G., D.J. St. Aubin, and J.R. Geraci (ed.). Advances in research on the Beluga Whale, *Delphinapterus leucas*. Can. Bull. Fish. Aquat. Sci. 224 : p. 23-38.
- Rioux, È., Lesage, V., Postma, L., Pelletier, É., Turgeon, J., Stewart, R.E.A., Stern, G. et Hammill, M.O. 2012. Use of stable isotopes and trace elements to determine harvest composition and wintering assemblages of Belugas at a contemporary ecological scale. Endang. Species Res. 18 : 179-191. doi:10.3354/esr00445
- Seutin, G., White, B.N. et Boag, P.T. 1991. Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analyses. Can. J. Zool. 69 : 82-90. doi:10.1139/z91-013
- Skovrind, M., Castruita, J.A.S., Madsen, T.B., Postma, L. et Lorenzen, E.D. 2019. Patterns of mtDNA variation in relation to currently recognized stocks of Beluga Whales, *Delphinapterus leucas*. Mar. Fish. Rev. 81 : 87-97.
- Stewart, R.E.A. 2008. Redefining Walrus stock in Canada. Arctic 61(3) : 292-308. doi:10.14430/arctic26
- Smith, T.G. et Hammill, M.O. 1986. Population estimates of White Whale, *Delphinapterus leucas*, in James Bay, Eastern Hudson Bay and Ungava Bay. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 43 : 1982-1987. doi:10.1139/f86-243
- Smith, T.G., Hammill, M.O. et Martin, A.R. 1994. Herd composition and behaviour of White Whales (*Delphinapterus leucas*) in two Canadian Arctic estuaries. Medd. Grøn. Bioscience, 39 : 175-184.
- Turgeon, J., Duchesne, P., Postma, L.D. et Hammill, M.O. 2009. [Spatiotemporal distribution of Beluga stocks \(\*Delphinapterus leucas\*\) in and around Hudson Bay: Genetic mixture analysis based on mtDNA haplotypes](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2009/011. iv + 14 p.
- Turgeon, J., Duchesne, P., Colbeck, G.J.C., Postma, L. et Hammill, M.O. 2012. Spatiotemporal segregation among summer stocks of Beluga (*Delphinapterus leucas*) despite nuclear gene flow: implication for an endangered population in eastern Hudson Bay (Canada). Conserv. Genet. 13(2) : 419-433. doi:10.1007/s10592-011-0294-x
- Waples, R.S. et Gaggiotti, O. 2006. What is a population? An empirical evaluation of some genetic methods for identifying the number of gene pools and their degree of connectivity. Mol. Ecol. 15 : 1419-1439. doi:10.1111/j.1365-294X.2006.02890.x
- Watt, C.A., Marcoux, M., Ferguson, S.H., Hammill, M.O. et Matthews, C.J.D. 2020. Population dynamics of the threatened Cumberland Sound Beluga (*Delphinapterus leucas*) population. Arct. Sci. 7(2) : 545-566. doi:10.1139/as-2019-0030
- Whitehead, H. 2017. Gene-culture coevolution in Whales and Dolphins. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 114 : 7814-7821. doi:10.1073/pnas.1620736114
-

## FIGURES

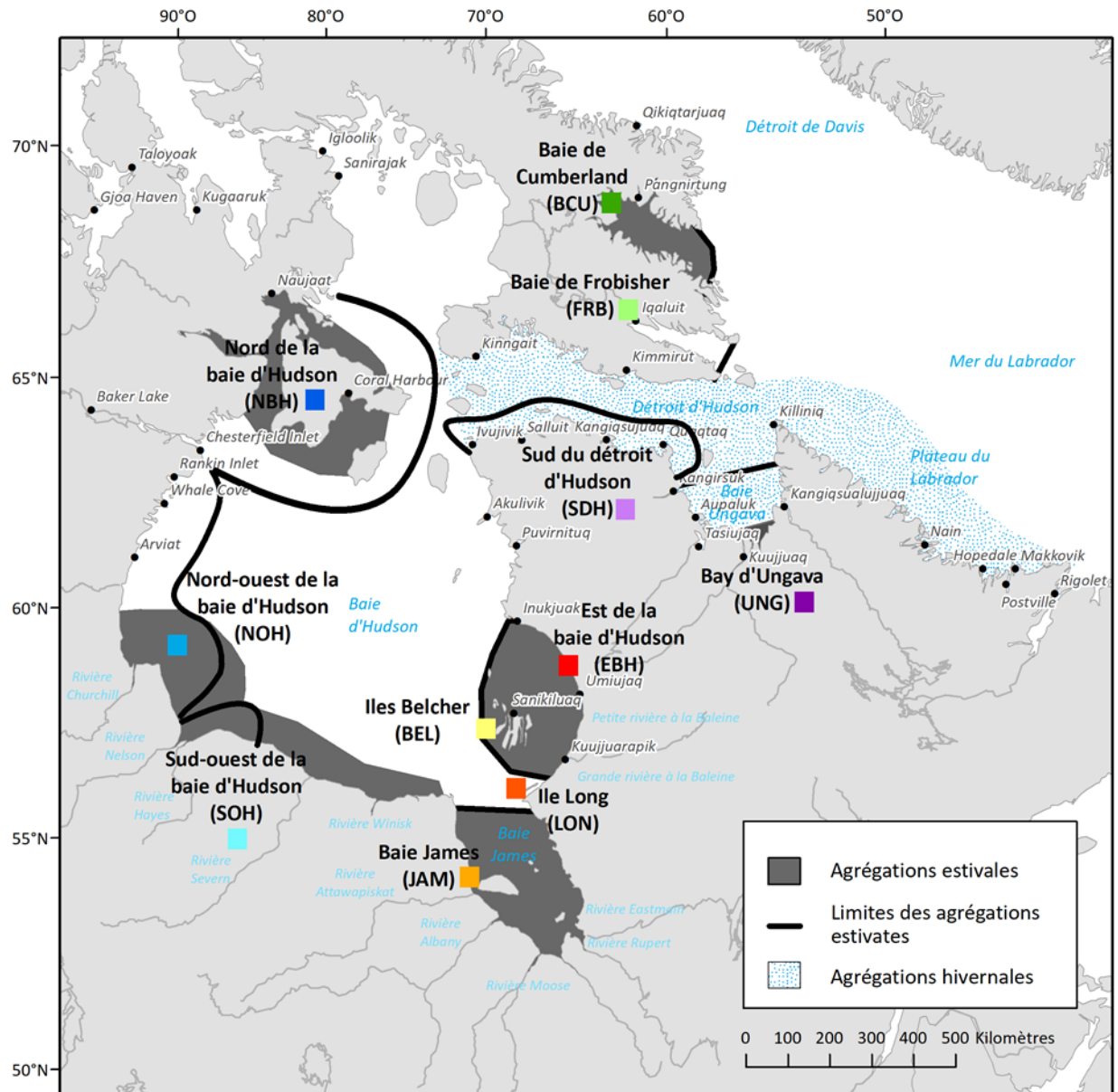


Figure 1. Délimitation géographique des aires d'estivage étudiées pour la structure des populations de béluga dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Les principales collectivités inuites (également les lieux de récolte dans le tableau 1) prises en compte dans chaque région sont indiquées, mais peuvent ne pas refléter toutes les régions de chasse des collectivités inuites. Les quatre plus grands regroupements d'estivage indiqués en gris foncé (a) sont ceux de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH), de la baie James (JAM), de l'est de la baie d'Hudson (EBH) et de la baie Cumberland (BCU; voir le tableau 1 pour tous les acronymes des aires d'estivage). Les populations OBH et EBH migrent dans le détroit d'Hudson vers la zone d'hivernage hypothétique (bleu tacheté). Les regroupements d'estivage et d'hivernage adjacents à la baie d'Hudson sont reproduits de Gosselin et al. 2002 ou de Hobbs et al. 2019.

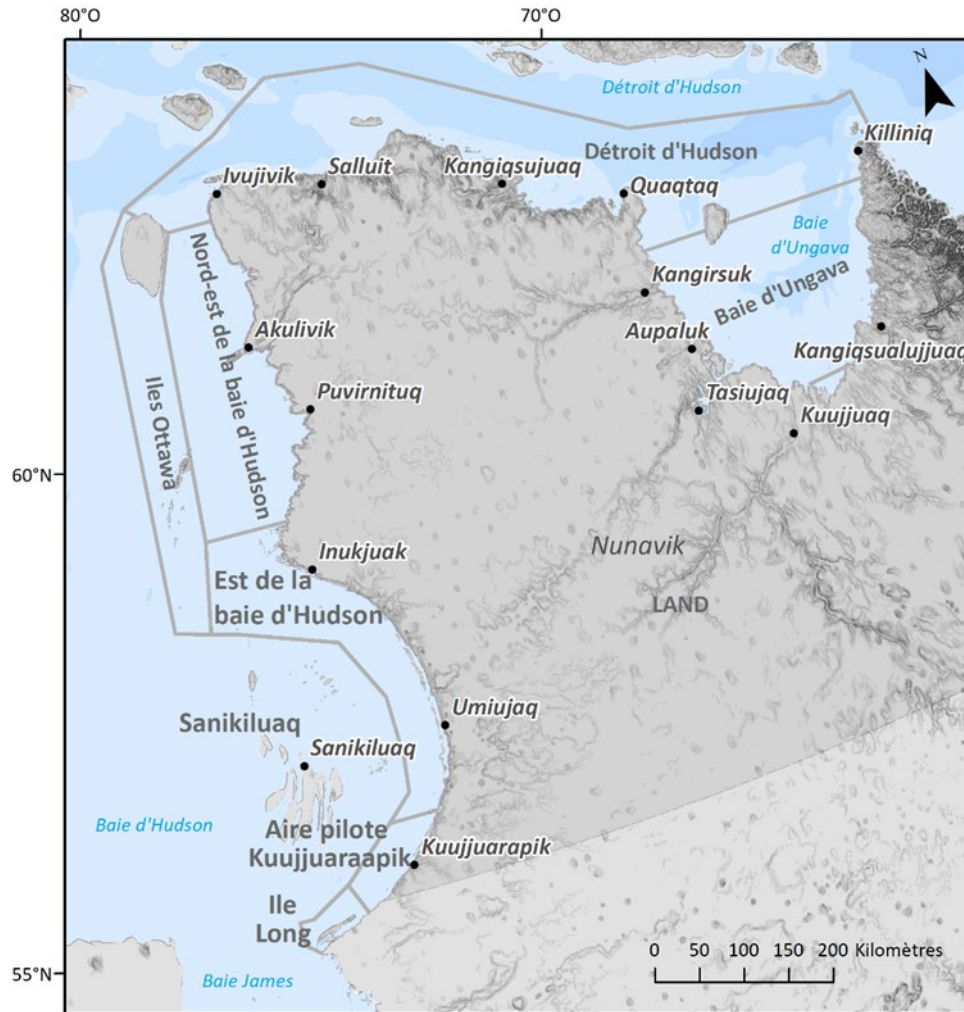


Figure 2. Zones de gestion du Nunavik. Les zones de gestion plus petites de la rivière Nastapoka et de la Petite rivière de la baleine ne sont pas présentées en raison de l'échelle de la carte. Il n'y a pas de limites géographiques officielles à la zone de gestion de Sanikiluaq.

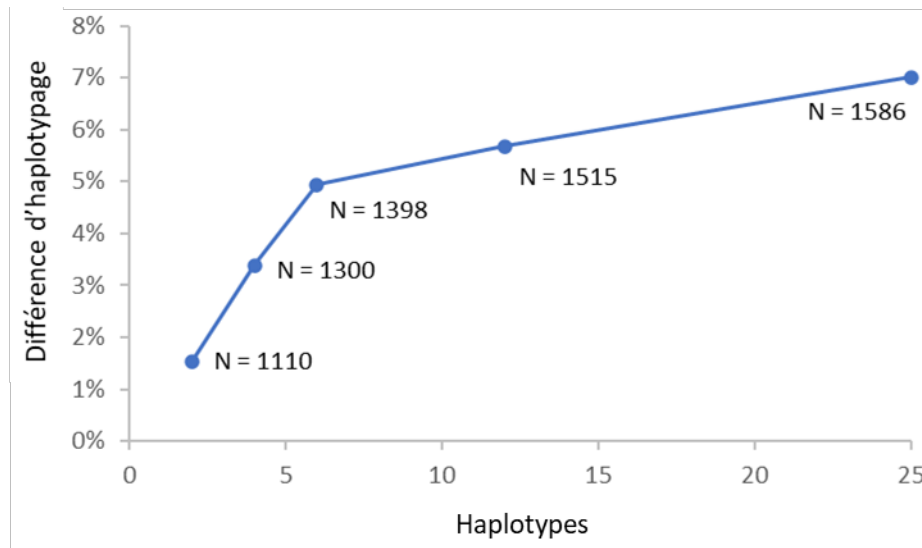


Figure 3. Augmentation des différences dans l'haplotypage avec rareté des haplotypes entre les bases de données des installations de l'IED et de l'IML. Les tailles d'échantillon sont indiquées comme valeurs cumulatives pour l'haplotype plus abondant (à gauche) et combinées à des haplotypes plus rares (à droite). Cette figure montre que les écarts d'haplotypes entre les deux bases de données ne concernent pas les deux haplotypes les plus abondants (échantillons N = 1 110), mais plutôt les 3 à 6 haplotypes les plus abondants. Les haplotypes plus rares augmentent également les différences dans l'haplotypage, mais dans une moindre mesure en raison de leurs faibles tailles d'échantillon.



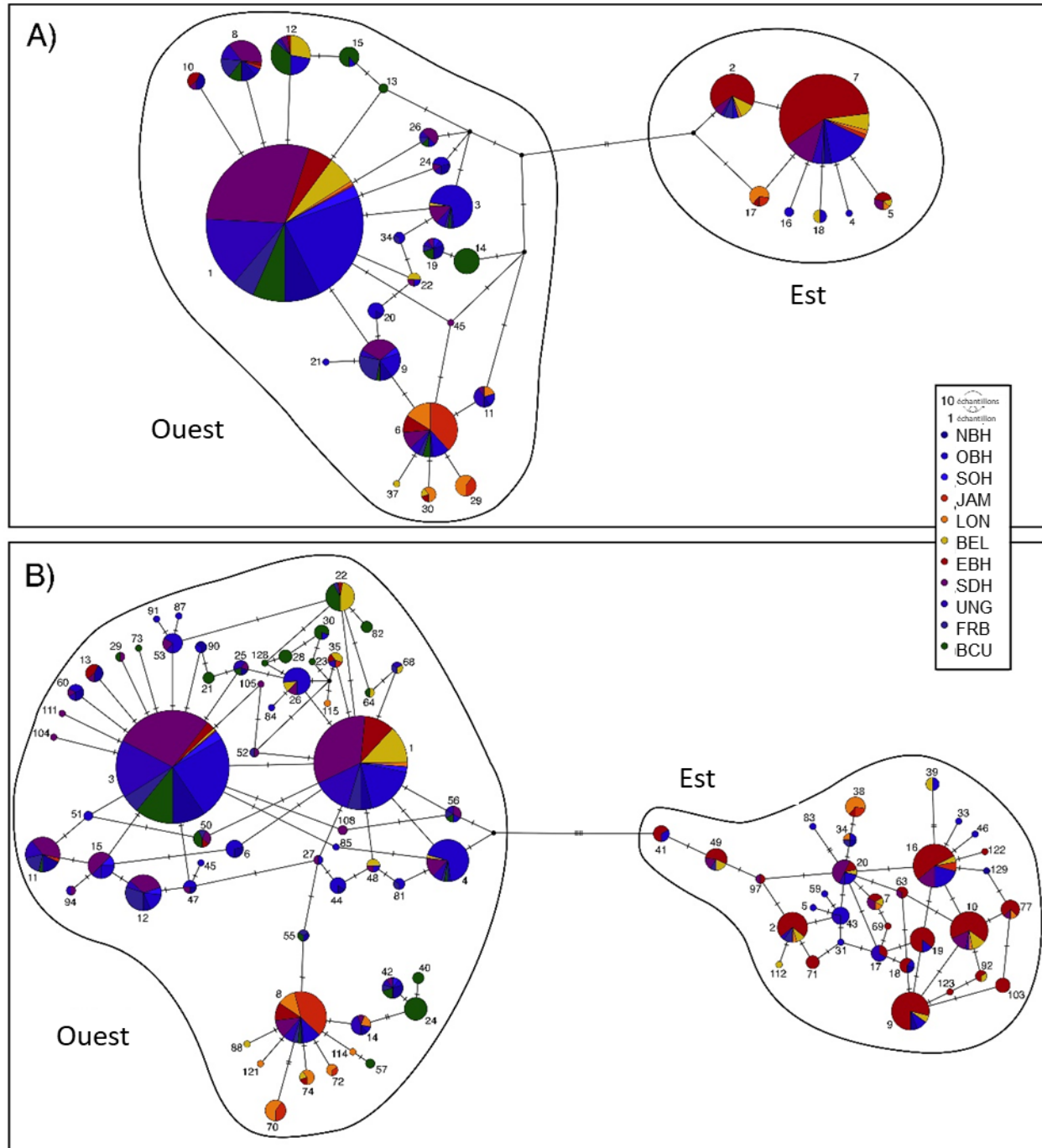


Figure 4. Réseaux d'haplotypes courts (234 nucléotides, A) ou longs (615 nucléotides, B) de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial pour les bélugas provenant des aires d'estivage du complexe de la baie et du détroit d'Hudson. Les limites géographiques des aires d'estivage sont décrites à la figure 1 et les acronymes sont définis au tableau 1. Un réseau de parcimonie statistique (TSC) utilisant PopArt est présenté. De petites barres perpendiculaires le long des lignes entre deux haplotypes indiquent le nombre de mutations entre les haplotypes. Les cercles noirs sans numéro d'haplotype indiquent des haplotypes manquants dans l'évolution du réseau. Dans les deux diagrammes, les haplogroupes de l'ouest et de l'est sont présentés respectivement à gauche et à droite.

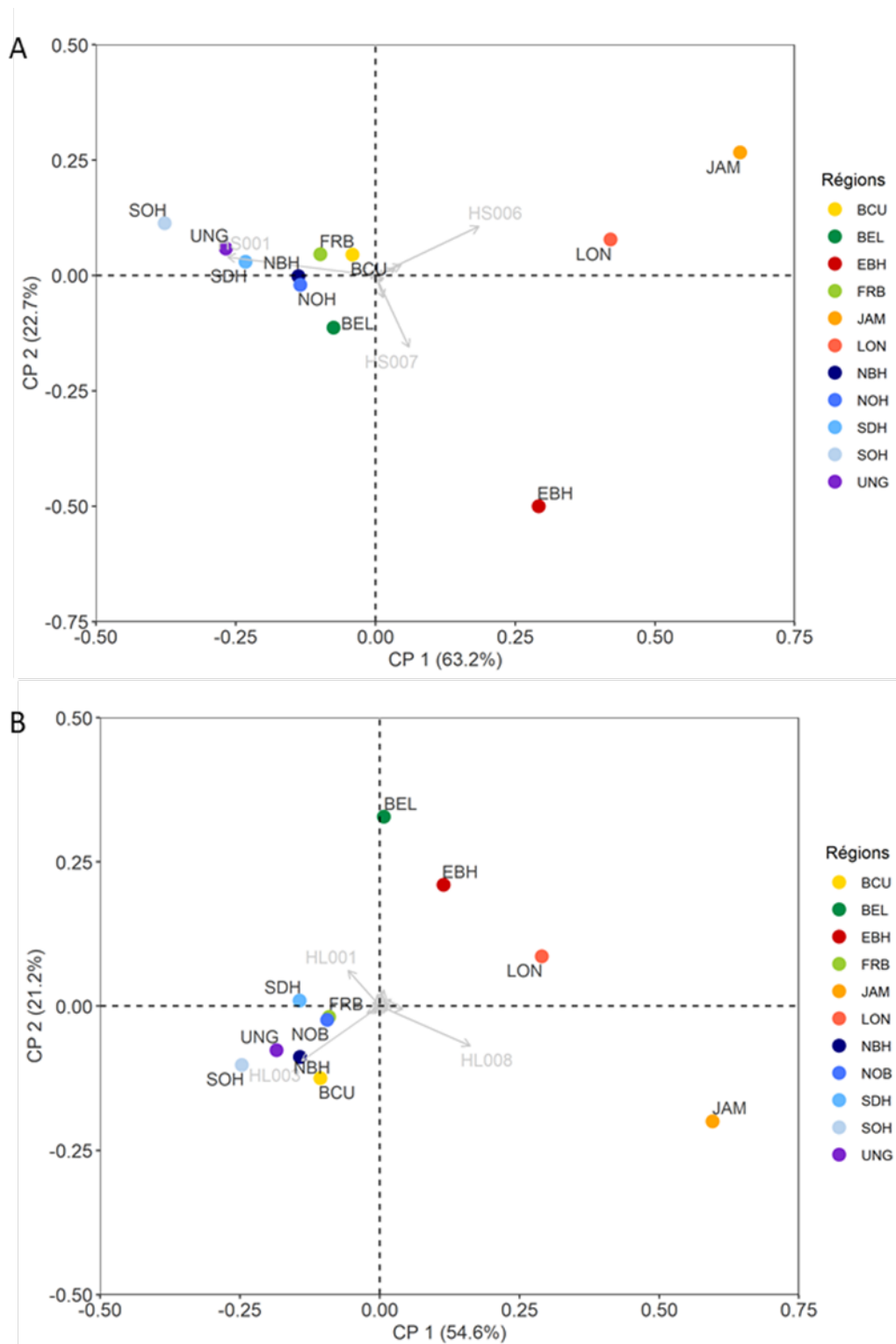


Figure 5. Diagramme de double projection tiré des analyses des composantes principales (ACP) à l'aide des fréquences des haplotypes courts (A, 234 nucléotides) ou longs (B, 615 nucléotides) de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial pour les bélugas provenant des aires d'estivage du complexe de la baie et du détroit d'Hudson (voir le tableau 1 pour les acronymes). La longueur et la direction des flèches expliquent l'effet des haplotypes sur la distance entre les regroupements estivaux.

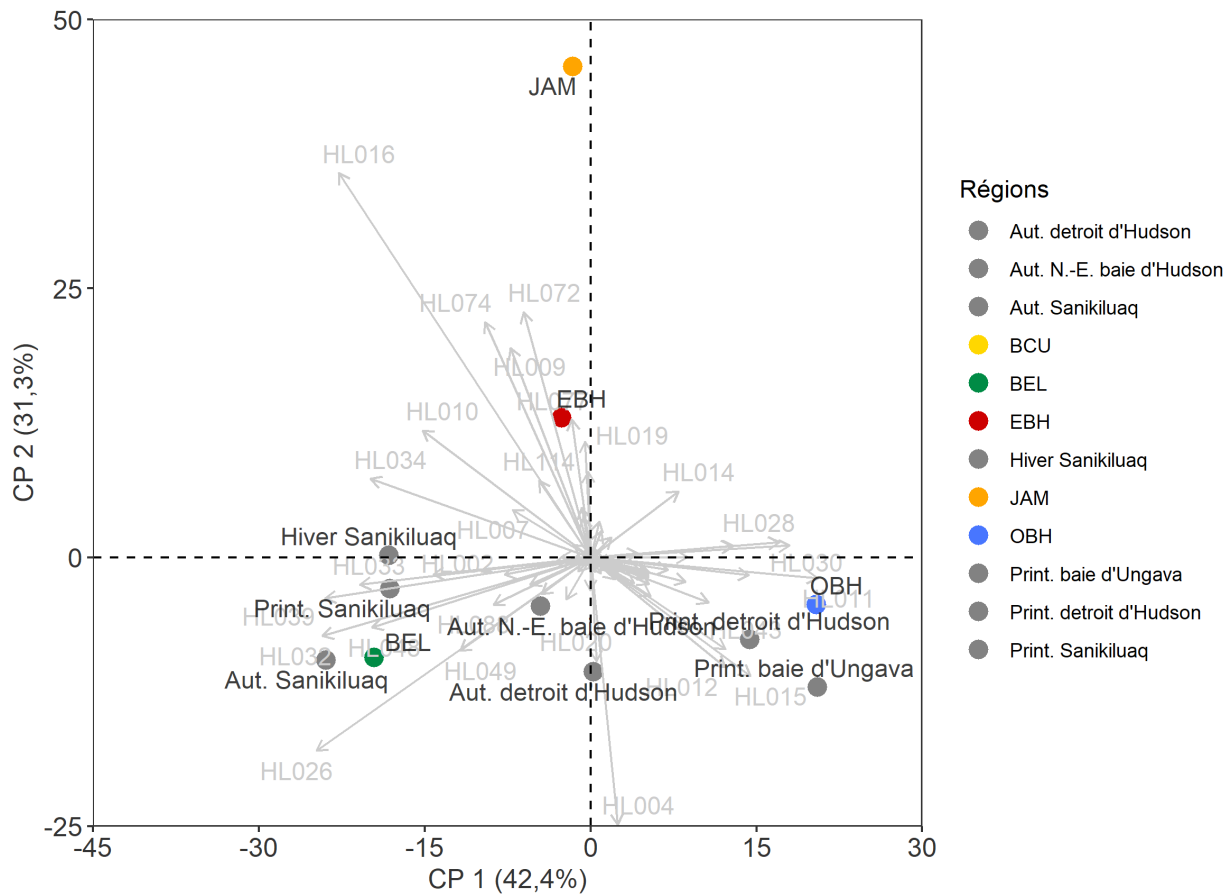


Figure 6. Diagramme de double projection tiré de l'analyse des composantes principales (ACP) en utilisant les fréquences des haplotypes longs (615 nucléotides) pour la région de contrôle de l'ADN mitochondrial pour les bélugas de cinq populations (en couleur; OBH, JAM, EBH, BEL, BCU; voir le tableau 1 pour les acronymes) et des unités de gestion du Nunavik ou de Sanikiluaq (en gris, voir la figure 1b pour les emplacements, NE : nord-est). Aut. : automne, Print. : printemps. La longueur et la direction des flèches expliquent l'effet des haplotypes sur la distance entre les regroupements estivaux.

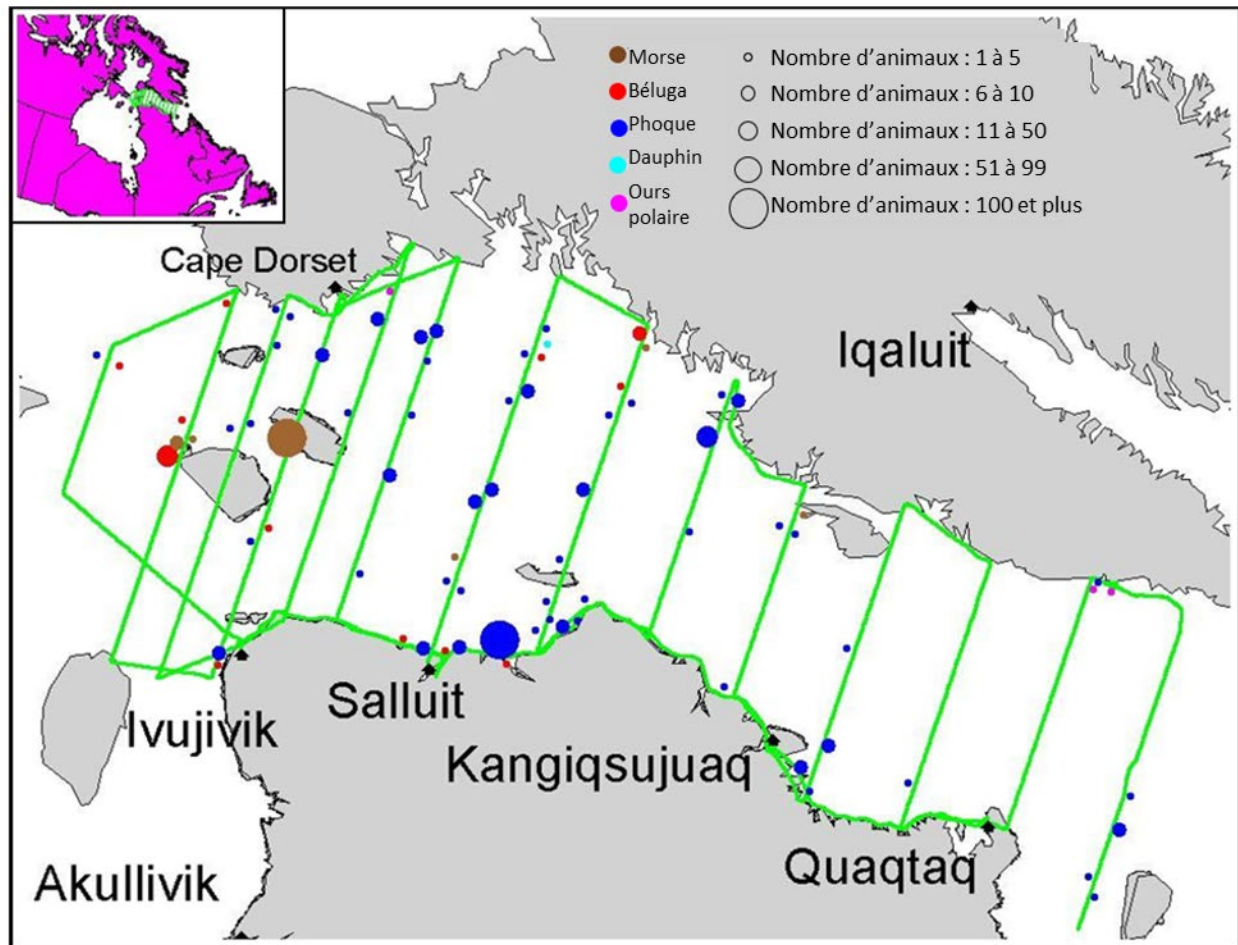


Figure 7. Observations de mammifères marins issues des relevés aériens systématiques effectués du 9 au 12 août 2010. Au total, 69 bélugas ont été comptés (J-F Gosselin, observations personnelles).

## TABLEAUX

*Tableau 1. Métadonnées résumées de tous les échantillons et d'un sous-ensemble d'échantillons d'été. Le tableau S1 fournit plus de détails sur chaque individu.*

Zones	Tous les échantillons			Regroupement estivaux		
	Mois concernés	Période	N	Mois concernés	Période	N
Nord de la baie d'Hudson (NBH)	Avr.-Nov.	1989-2009	90	Juil.-Août	1993-2009	67
Nord-ouest de la baie d'Hudson (NOH)	Juin-Oct.	1985-2015	264	Juil.-Août	1985-2015	234
Sud-ouest de la baie d'Hudson (SOH)	Juil.-Août	2002-2005	17	Juil.-Août	2002-2005	17
Baie James (JAM)	Juil.-Oct.	2002-2016	45	Juil.-Août	2003-2016	38
Île Long (LON)	Juin-Oct.	2003-2018	59	Juil.-Août	2003-2018	37
Îles Belcher (BEL)	Jan.-Déc.	1993-2021	422	Juil.-Août	1994-2020	66
Sud-Est de la baie d'Hudson (SEH)	Mai-Oct.	1990-2020	230	Juil.-Août	1994-2019	183
Nord-Est de la baie d'Hudson (NEH)	Mai-Oct.	1998-2019	48	-	-	0
Sud du détroit d'Hudson (SDH)	Mai-Nov.	1994-2021	1372	Juil.-Août	1995-2020	241
Nord de la baie d'Ungava (UNG)	Juin-Déc.	1994-2020	157	Juil.-Août	1994-2020	113
Baie Frobisher (FRB)	Juin-Août	1991-2004	53	Juil.-Août	1991-2004	53
Baie Cumberland (BCU)	Mai-Août	1982-2018	104	Juil.-Août	1982-2018	87
<b>Total</b>	-	-	<b>2861</b>	-	-	<b>1136</b>

Tableau 2. Composition génétique des 11 aires d'estivage des bélugas du complexe de la baie ou du détroit d'Hudson ou à proximité de celui-ci au moyen de séquences d'haplotypes courts (234 nucléotides) et longs (615 nucléotides) de la région de contrôle de l'ADN mt. Voir le tableau 1 pour les acronymes des regroupements estivaux et les tailles d'échantillon. Les sites polymorphes (S) ont été quantifiés avec *adegenet 2.1.5* (Jombart 2008; Jombart et Ahmed 2011), la diversité haplotype (Pi) a été estimée avec la fonction *hap.div* de *pegas 1.1* (Paradis 2010), tandis que le nombre d'haplotypes (H), d'haplotypes privés (c.-à-d. qu'ils ne sont présents que dans un seul regroupement d'estivage, Hp) et la proportion d'haplotypes privés (Hp %) ont été calculés manuellement.

Regroupements d'estivage	Haplotypes courts					Haplotypes longs				
	S	H	Pi	Hp	Hp%	S	H	Pi	Hp	Hp%
NBH	13	11	0,61	0	0,0	22	20	0,81	1	1,5
NOH	16	20	0,66	3	1,7	31	42	0,87	12	5,6
SOH	5	3	0,32	0	0,0	8	5	0,74	0	0,0
JAM	9	6	0,52	0	0,0	19	8	0,56	0	0,0
LON	11	9	0,85	0	0,0	23	15	0,91	3	8,1
EBH	13	10	0,61	0	0,0	23	29	0,92	5	6,6
BEL	12	10	0,71	1	1,5	21	21	0,83	2	3,0
SDH	15	16	0,52	1	0,4	25	34	0,80	4	2,1
UNG	12	12	0,46	0	0,0	22	21	0,75	0	0,0
FRB	13	11	0,72	0	0,0	20	17	0,86	0	0,0
BCU	10	11	0,76	2	19,5	19	22	0,84	9	34,5
Total	17	29	0,72	7	2,0	39	90	0,89	36	5,8

Tableau 3. Estimation de la robustesse des groupes de référence pour les bélugas récoltés dans le complexe de la baie et du détroit d'Hudson à l'aide du module rubias du progiciel R (plus de détails dans les méthodes; Moran et Anderson 2019). Les résultats doivent être lus en rangées, c'est-à-dire que 15,1 % des individus du groupe de référence OBH ont été réévalués selon une probabilité égale ou supérieure à 95 %. Les probabilités aléatoires de réattribution sont respectivement de 25 et 20 % pour 4 et 5 groupes de référence.

Groupes de référence	N	≥ 95 %	≥ 80 %	≥ 60 %	≥ 40 %
<b>Cinq populations</b>					
Population OBH	318	15,1	27,0	71,4	87,1
Population JAM	75	28,0	70,7	74,7	77,3
Population EBH	183	0,0	11,5	26,8	69,4
Population BEL	66	0,0	0,0	3,0	19,7
Population BCU	87	13,8	35,6	39,1	39,1
<b>Quatre populations et stock BEL-EBH</b>					
Population OBH	318	15,1	27,0	71,4	87,1
Population JAM	75	28,0	70,7	74,7	77,3
Stock BEL-EHB	249	2,4	23,3	43,0	84,7
Population BCU	87	13,8	35,6	39,1	39,1

Tableau 4. Analyse antérieure de l'origine génétique (1982-2018) à l'aide du modèle de Pella-Masuda pour déterminer la proportion de bélugas provenant de la population OBH ou du stock BEL-EBH dans la récolte des unités de gestion du Nunavik et de Sanikiluaq (format modifié, tiré de Hammill et al. 2021; le stock BEL-EBH était désigné comme population EBH dans le document original). Ns : nombre d'échantillons individuels; Nv : nombre de dates de chasse différentes (événements); P : proportion; OBH : ouest de la baie d'Hudson; EBH : est de la baie d'Hudson; INC : inconnu; IC : intervalle de confiance fondé sur la variance entre les événements de chasse; CV : coefficient de variation fondé sur des échantillons individuels (CVs) ou sur des événements de chasse (CVv). ND : non déterminé (taille d'échantillon < 10).

### Communautés du Nunavik

Saison	Ns/Nv	Population OBH (%)		Stock BEL-EBH (%)		CVs/CVv	P INC (%)
		P	IC à 95 %	P	IC à 95 %		
<b>Printemps (1<sup>er</sup> Fév.-31 août)</b>							
Détroit d'Hudson	770/347	82,9	78,5-87,0	<b>11,7</b>	8,1-16,0	0,2/0,2	5,3
N.-E. baie d'Hudson	2/1	ND	-	<b>ND</b>	-	-	-
Baie d'Ungava	122/76	87,4	77,8-94,6	<b>6,0</b>	0,8-15,8	0,6/0,7	6,6
<b>Automne (1<sup>er</sup> sept.-31 janv.)</b>							
Détroit d'Hudson	454/180	67,6	60,3-74,5	<b>29,1</b>	22,4-36,3	0,1/0,1	3,3
N.-E. baie d'Hudson	31/14	49,1	26,4-72,0	<b>44,5</b>	23,5-66,5	0,3/0,3	6,5
Baie d'Ungava	4/4	ND	-	<b>ND</b>	-	-	ND

### Sanikiluaq

Saison	Ns/Nv	Population OBH (%)		Stock BEL-EBH (%)		CVs/CVv	P INC (%)
		P	IC à 95 %	P	IC à 95 %		
Printemps (1 <sup>er</sup> avril-30 juin)	301/107	76,8	69,2-83,7	<b>1,6</b>	0,0-6,6	0,1/0,1	12,6
Printemps ext. (14 avril-1 <sup>er</sup> juill.)	31/18	75,1	67,2-82,2	<b>4,6</b>	1,1-10,2	0,4/0,5	20,4
Été (1 <sup>er</sup> juill.-31 août)	45/30	61,5	32,8-86,2	<b>25,6</b>	4,9-56,0	0,4/0,5	12,9
Automne (1 <sup>er</sup> sept.-30 nov.)	45/30	97,8	91,8-99,9	<b>0,0</b>	-	-	2,2
Hiver (1 <sup>er</sup> déc.-31 mars)	56/7	31,3	6,1-65,6	<b>36,6</b>	9-70,7	0,2/0,5	32,1



Tableau 5. Mise à jour de l'analyse génétique de l'origine à l'aide des haplotypes longs (base de données de l'IML) et de nouveaux groupes de référence pour les bélugas récoltés par les collectivités du Nunavik et de Sanikiluaq. N.-E. baie d'Hudson : nord-est de la baie d'Hudson; Ns : nombre d'échantillons individuels; Nv : nombre de dates de chasse différentes (événements); P : proportion; OBH : ouest de la baie d'Hudson, EBH : est de la baie d'Hudson; JAM : baie James; BCU : baie Cumberland; INC : inconnu; IC : intervalle de confiance fondé sur la variance entre les événements de chasse; CV : coefficient de variation fondé sur des échantillons individuels (CVs) ou sur des événements de chasse (CVv). ND : non déterminé (taille de l'échantillon ou de l'événement < 10).

### Collectivités du Nunavik

Saison	Ns/Nv	Population OBH (%)			Stock BEL-EBH (%)			Population JAM (%)			Population BCU (%)			UNK P (%)
		P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	
<u>Printemps (1<sup>er</sup> fév.-31 août)</u>														
Détroit d'Hudson	824/364	75,7	70,5-80,6	0,0/0,0	<b>12,3</b>	8,6-16,5	0,1/0,2	2,6	0,6-5,9	0,5/0,6	6,5	3,6-10,2	0,2/0,3	2,9
N.-E. baie d'Hudson	2/1	ND	-	-	<b>ND</b>	-	-	ND	-	-	ND	-	-	-
Baie d'Ungava	143/87	87,8	76,5-95,7	0,1/0,1	<b>4,7</b>	0,8-11,8	0,6/0,6	1,1	0,0-8,1	2,3/2,2	5,1	0,7-13,3	0,6/0,7	1,3
<u>Automne (1<sup>er</sup> sept.-31 janv.)</u>														
Détroit d'Hudson	512/202	49,6	40,0-59,2	0,1/0,1	<b>44,0</b>	35,1-53,0	0,1/0,1	0,0	-	-	2,8	0,7-6,1	0,5/0,5	3,6
N.-E. baie d'Hudson	45/19	37,3	18,0-59,0	0,3/0,3	<b>50,1</b>	23,9-76,2	0,2/0,3	8,2	0,4-26,3	0,8/0,9	-	-	-	4,4
Baie d'Ungava	6/6	ND	-	-	<b>ND</b>	-	-	ND	-	-	-	-	-	ND

### Sanikiluaq

Saison	Ns/Nv	Population OBH (%)			Stock BEL-EBH (%)			Population JAM (%)			Population BCU (%)			UNK P (%)
		P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	P	IC à 95 %	CVs/CVv	
Printemps (1 <sup>er</sup> avr.-30 juin)	229/99	7,2	2,1-14,8	0,5/0,5	<b>62,8</b>	51,5-73,4	0,1/0,1	17,4	9,4-27,2	0,2/0,3	-	-	-	12,6
Automne (1 <sup>er</sup> sept.-30 nov.)	49/35	28,4	9,6-52,6	0,4/0,4	<b>61,0</b>	35,1-83,9	0,2/0,2	2,4	0,0-16,1	2,3/1,9	-	-	-	8,2
Hiver (1 <sup>er</sup> déc.-31 mars)	76/11	43,7	20,1-69,0	0,3/0,3	<b>39,9</b>	13,0-70,8	0,3/0,4	13,7	2,6-32,0	0,5/0,6	-	-	-	2,7

Tableau 6. Quantification de l'incidence du reséquençage sur les proportions de bélugas de chaque population et du nombre inconnu d'individus récoltés dans les unités de gestion du Nunavik et des îles Belcher. Il convient de souligner que les proportions de la population de l'est de la baie d'Hudson (EBH) présentées dans ce tableau ne sont pas fiables en raison du faible nombre d'individus de référence dans la population de l'ouest de la baie d'Hudson (OBH; n = 41, voir la section sur les méthodes pour plus de détails) ou de la faible taille d'échantillon par unité de gestion (en utilisant uniquement des échantillons communs aux bases de données de l'IED et de l'IML). DIFF représente la différence absolue entre les proportions EBH des simulations avec les échantillons de l'IED jusqu'en 2019 et les mêmes échantillons de référence ou des échantillons différents pour les échantillons de l'IML jusqu'en 2019, respectivement.

Unités de gestion	N	Échantillons de l'IED jusqu'en 2019 (%)			Échantillons de l'IML jusqu'en 2019 (%)			DIFF (%)
		OBH	<b>EBH</b>	INC	OBH	<b>EBH</b>	INC	
<b>Détroit d'Hudson</b>								
Printemps	621	81,6	<b>13,3</b>	5,2	78,2	<b>12,6</b>	9,2	<b>0,7</b>
Automne	359	71,7	<b>25,5</b>	2,8	64,8	<b>30,2</b>	5,0	<b>4,7</b>
<b>Baie d'Ungava</b>								
Printemps	96	90,2	<b>3,6</b>	6,3	83,5	<b>10,2</b>	6,3	<b>6,6</b>
<b>Nord-est de la baie d'Hudson</b>								
Automne	22	50,9	<b>44,6</b>	4,6	47,2	<b>48,3</b>	4,6	<b>3,7</b>
<b>Sanikiluaq</b>								
Printemps	181	55,3	<b>23,1</b>	21,6	51,4	<b>26,5</b>	22,1	<b>3,4</b>
Automne	31	86,2	<b>10,6</b>	3,2	85,8	<b>11,0</b>	3,2	<b>0,4</b>
Hiver	48	59,6	<b>38,3</b>	2,1	20,5	<b>50,3</b>	29,2	<b>12,0</b>

Tableau 7. Analyse génétique de l'origine à l'aide des haplotypes longs et des nouveaux groupes de référence pour les bélugas récoltés dans le détroit d'Hudson à différentes périodes. Les mois de septembre et d'octobre représentent les proportions récoltées pendant la période habituelle de fermeture de la chasse. Ns : nombre d'échantillons individuels; Nv : nombre de dates de chasse différentes (événements); P : proportion; OBH : ouest de la baie d'Hudson; EBH : est de la baie d'Hudson; JAM : baie James; BCU : baie Cumberland; INC : inconnu; IC : intervalle de confiance fondé sur la variance entre les événements de chasse; CV : coefficient de variation fondé sur des échantillons individuels (CVs) ou sur des événements de chasse (CVv). ND : non déterminé (taille de l'échantillon ou de l'événement < 10).

Période	Ns/Nv	Population OBH (%)			Stock BEL-EBH (%)			Population JAM (%)			Population BCU (%)			P INC (%)
		P	95% CI	CVs/CVv	P	95% CI	CVs/CVv	P	95% CI	CVs/CVv	P	95% CI	CVs/CVv	
Mai	6/6	ND	-	-	<b>ND</b>	-	-	ND	-	-	ND	-	-	ND
Juin	577/230	71,3	64,977,3	0,0/0,0	<b>12,4</b>	7,9-17,7	0,2/0,2	4,8	2,0-8,8	0,4/0,4	8,6	4,7-13,5	0,2/0,3	2,9
Juillet	223/114	84,7	77,2-90,9	0,0/0,0	<b>11,0</b>	5,6-18,0	0,3/0,3	0,0	-	-	1,6	0,0-6,7	1,0/1,1	2,7
Août	18/14	75,8	46,8-95,3	0,2/0,2	<b>13,7</b>	0,0-57,4	0,8/1,2	4,7	0,0-33,2	1,9/1,9	0,3	0,0-0,6	0,5/0,6	5,6
Septembre	26/7	ND	-	-	<b>ND</b>	-	-	ND	-	-	ND	-	-	ND
Octobre	223/104	49,5	37,5-61,6	0,1/0,1	<b>47,3</b>	34,7-60,1	0,1/0,1	0,0	-	-	0,0	-	-	3,1
Novembre	263/91	45,9	32,3-59,8	0,1/0,2	<b>45,1</b>	33,0-57,6	0,1/0,1	0,0	-	-	4,4	1,1-9,7	0,5/0,5	4,6
1 <sup>er</sup> -10 nov.	167/62	41,2	27,8-55,2	0,2/0,2	<b>51,5</b>	39,0-63,9	0,1/0,1	0,0	-	-	4,4	0,5-12,2	0,6/0,7	3,0
11-20 nov.	96/29	50,1	22,5-77,6	0,2/0,3	<b>33,9</b>	13,9-57,6	0,2/0,3	4,5	0,5-12,5	1,0/0,7	4,3	0,5-12,1	0,8/0,7	7,3
21-30 nov.	49/13	71,9	47,9-90,6	0,1/0,2	<b>10,4</b>	0,9-29,5	0,5/0,7	0,0	-	-	7,5	0-35	1,0/1,3	10,2

---

## DOCUMENTS SUPPLÉMENTAIRES

### **Tableau S1**

Métadonnées pour chaque béluga de cette étude (N = 2 861)

### **Tableau S2**

Bibliothèque de séquences de la région de contrôle des haplotypes courts dans l'ADN mt des bélugas du complexe de la baie et du détroit d'Hudson

### **Tableau S3**

Bibliothèque de séquences de la région de contrôle des haplotypes longs dans l'ADN mt des bélugas du complexe de la baie et du détroit d'Hudson

### **Tableau S4**

Fréquences des haplotypes longs par aire d'estivage

Tous les tableaux sont disponibles ici : [Reexamining populations of beluga in the Hudson Bay-Strait Complex and assessing the impact on harvests in Nunavik and Sanikiluaq management units](#)