



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 2023/083

Région du Québec

Résultats des pêches comparatives entre le NGCC *Teleost* pêchant le chalut Western IIA et le NGCC *Capt. Jacques Cartier* pêchant le chalut NEST dans le sud du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022

Hugues P. Benoît¹ and Yihao Yin²

¹ Pêches et Océans Canada
Institut Maurice-Lamontagne
Mont-Joli, QC G5H 3Z4

² Pêches et Océans Canada
Bedford Institute of Oceanography
Dartmouth, NS B2Y 4A2

Avant-propos

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

Publié par :

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

<http://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/>
csas-sccs@dfo-mpo.gc.ca



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

ISSN 2292-4272

ISBN 978-0-660-68851-0 N° cat. Fs70-5/2023-083F-PDF

La présente publication doit être citée comme suit :

Benoît, H.P., et Yin, Y. 2023. Résultats des pêches comparatives entre le NGCC *Teleost* pêchant le chalut Western IIA et le NGCC *Capt. Jacques Cartier* pêchant le chalut NEST dans le sud du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/083. xiv + 187 p.

Also available in English :

Benoît, H.P., and Yin, Y. 2023. Results of Comparative Fishing Between the CCGS Teleost Fishing the Western IIA Trawl and CCGS Capt. Jacques Cartier Fishing the NEST Trawl in the Southern Gulf of St. Lawrence in 2021 and 2022. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2023/083. xiii + 183 p.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	xiv
1. INTRODUCTION	1
2. MÉTHODES.....	2
2.1. PÊCHE COMPARATIVE.....	2
2.2. ANALYSE DES DONNÉES DE LA PÊCHE COMPARATIVE.....	3
2.2.1. Modèles binomiaux	3
2.2.2. Modèles bêta-binomiaux	5
2.2.3. Modèle de Tweedie pour les données sur la biomasse	6
2.2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles	7
2.2.5. Traitement des données avant l'analyse.....	9
2.2.6. Interprétation des résultats des analyses et application des facteurs de conversion ..	9
3. RÉSULTATS	10
3.1. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS.....	10
3.2. QUELQUES RÉSULTATS EN PARTICULIER	11
3.2.1. Morue franche (<i>Gadus morhua</i>).....	11
3.2.2. Merluche blanche (<i>Urophycis tenuis</i>).....	11
3.2.3. Sébastes (<i>Sebastes</i> sp.).....	12
3.2.4. Flétan de l'Atlantique (<i>Hippoglossus hippoglossus</i>).....	12
3.2.5. Flétan du Groenland (<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>).....	12
3.2.6. Plie canadienne (<i>Hippoglossoides platessoides</i>).....	12
3.2.7. Plie grise (<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>)	13
3.2.8. Limande à queue jaune (<i>Limanda ferruginea</i>)	13
3.2.9. Plie rouge (<i>Pseudopleuronectes americanus</i>)	13
3.2.10. Hareng de l'Atlantique (<i>Clupea harengus</i>).....	13
3.2.11. Maquereau (<i>Scomber scombrus</i>).....	14
3.2.12. Loup atlantique (<i>Anarhichas lupus</i>).....	14
3.2.13. Raie épineuse (<i>Amblyraja radiata</i>).....	14
3.2.14. Crabe des neiges (<i>Chionoecetes opilio</i>)	14
3.2.15. Homard d'Amérique (<i>Homarus americanus</i>).....	14
3.2.16. Autres résultats dignes de mention.....	15
3.2.17. Recommandations pour l'application de facteurs de conversion	15
4. DISCUSSION.....	16
5. REMERCIEMENTS	17
6. RÉFÉRENCES CITÉES	17
7. TABLEAUX	20
8. FIGURES	39

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Détails sur les paires de calées pertinentes dans la pêche comparative en 2021 et 2022 dans le sud du golfe du Saint-Laurent; les colonnes indiquées par TEL représentent les valeurs pour le NGCC <i>Teleost</i> et celles indiquées par CA représentent les valeurs pour le NGCC <i>Capt. Jacques Cartier</i>	20
Tableau 2. Ensemble de modèles binomiaux avec diverses hypothèses pour l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative.....	25
Tableau 3. Un ensemble de modèles bêta-binomiaux avec diverses hypothèses sur l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative, et l'effet de la longueur sur le paramètre de variance.....	26
Tableau 4. Groupements taxonomiques utilisés pour les analyses des données de la pêche comparative dans le sGSL. Les codes sont ceux utilisés couramment dans la région du Golfe du MPO, communément appelés codes RVAN.....	27
Tableau 5. Résumé des prises selon la longueur exclues des analyses sans regroupement par longueur.....	28
Tableau 6. Nombre total de paires de calées pertinentes (calées avec au moins une capture) et paires dans lesquelles le taxon a été capturé uniquement par le NGCC <i>Capt. Jacques Cartier</i> ou uniquement par le NGCC <i>Teleost</i> , ainsi qu'une référence au numéro de la figure sur laquelle les résultats sont représentés.....	28
Tableau 7a. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sans regroupement par longueur, d'après les valeurs delta du critère d'information d'Aikaike (CIA).....	32
Tableau 7b. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sans regroupement par longueur, d'après les valeurs delta du critère d'information de Bayes (CIB).....	33
Tableau 8. Valeurs de P associées aux tests pour un effet lisse de la profondeur, un effet lisse de l'heure et un effet fixe du jour sur les quantiles des résidus normalisés du meilleur modèle sélectionné sans regroupement par longueur. Les valeurs < 0,01 sont indiquées en caractères gras.....	35
Tableau 9. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux avec regroupement par taille pour les nombres de prises d'après les valeurs du critère d'information d'Aikaike (CIA) et du critère d'information de Bayes (CIB), et estimations du facteur de conversion Rho, avec les intervalles de confiance approximatifs à 95 %, pour les prises en nombre et en poids des taxons pour lesquels des analyses sans regroupement par longueur ont également été entreprises.....	36
Tableau 10. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux avec regroupement par taille pour les nombres de prises d'après les valeurs du critère d'information d'Aikaike (CIA) et du critère d'information de Bayes (CIB), et estimations du facteur de conversion Rho, avec les intervalles de confiance approximatifs à 95 %, pour les prises en nombre et en poids des taxons pour lesquels seules des analyses avec regroupement par taille ont également été entreprises.....	37

LISTE DES FIGURES

Figure 1. Plan de stratification pour le relevé plurispécifique au chalut de fond dans le sud du golfe du Saint-Laurent.....	39
Figure 2. Emplacement des paires de calées comparatives pêchées en 2021 et en 2022.....	39

Figure 3. Interprétation du premier des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur.	40
Figure 4. Interprétation du deuxième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur.	41
Figure 5. Interprétation du troisième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur.	42
Figure 6. Interprétation des figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses avec regroupement par taille.	43
Figure 7a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Gadus morhua</i>	44
Figure 7b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Gadus morhua</i>	45
Figure 7c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Gadus morhua</i>	45
Figure 8a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Urophycis tenuis</i>	46
Figure 8b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Urophycis tenuis</i>	47
Figure 8c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Urophycis tenuis</i>	47
Figure 9a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Sebastes sp.</i>	48
Figure 9b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Sebastes sp.</i>	49
Figure 9c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Sebastes sp.</i>	49
Figure 10a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Hippoglossus hippoglossus</i>	50
Figure 10b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Hippoglossus hippoglossus</i>	51
Figure 10c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Hippoglossus hippoglossus</i>	51
Figure 11a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	52
Figure 11b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	53
Figure 11c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	53
Figure 12a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Hippoglossoides platessoides</i>	54
Figure 12b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Hippoglossoides platessoides</i>	55
Figure 12c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Hippoglossoides platessoides</i>	55

Figure 13a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	56
Figure 13b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	57
Figure 13c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	57
Figure 14a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Limanda ferruginea</i>	58
Figure 14b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Limanda ferruginea</i>	59
Figure 14c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Limanda ferruginea</i>	59
Figure 15a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Pseudopleuronectes americanus</i>	60
Figure 15b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Pseudopleuronectes americanus</i>	61
Figure 15c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Pseudopleuronectes americanus</i>	61
Figure 16a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Clupea harengus</i>	62
Figure 16b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Clupea harengus</i>	63
Figure 16c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Clupea harengus</i> ...	63
Figure 17a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Alosa pseudoharengus</i>	64
Figure 17b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Alosa pseudoharengus</i>	65
Figure 17c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Alosa pseudoharengus</i>	65
Figure 18a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Osmerus mordax</i>	66
Figure 18b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Osmerus mordax</i>	67
Figure 18c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Osmerus mordax</i> . .	67
Figure 19a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Mallotus villosus</i>	68
Figure 19b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Mallotus villosus</i>	69
Figure 19c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Mallotus villosus</i>	69
Figure 20a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Scomber scombrus</i>	70

Figure 20b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Scomber scombrus</i>	71
Figure 20c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Scomber scombrus</i>	71
Figure 21a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Enchelyopus cimbrius</i>	72
Figure 21b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Enchelyopus cimbrius</i>	73
Figure 21c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Enchelyopus cimbrius</i>	73
Figure 22a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Amblyraja radiata</i>	74
Figure 22b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Amblyraja radiata</i>	75
Figure 22c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Amblyraja radiata</i> ..	75
Figure 23a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	76
Figure 23b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	77
Figure 23c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	77
Figure 24a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Myoxocephalus scorpius</i>	78
Figure 24b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Myoxocephalus scorpius</i>	79
Figure 24c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Myoxocephalus scorpius</i>	79
Figure 25a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Gymnocanthus tricuspis</i>	80
Figure 25b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Gymnocanthus tricuspis</i>	81
Figure 25c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Gymnocanthus tricuspis</i>	81
Figure 26a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Triglops murrayi</i>	82
Figure 26b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Triglops murrayi</i>	83
Figure 26c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Triglops murrayi</i> ...	83
Figure 27a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Hemitripterus americanus</i>	84

Figure 27b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Hemitripterus americanus</i> .	85
Figure 27c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Hemitripterus americanus</i> .	85
Figure 28a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Aspidophoroides monopterygius</i> .	86
Figure 28b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Aspidophoroides monopterygius</i> .	87
Figure 28c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Aspidophoroides monopterygius</i> .	87
Figure 29a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Leptagonus decagonus</i> .	88
Figure 29b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Leptagonus decagonus</i> .	89
Figure 29c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Leptagonus decagonus</i> .	89
Figure 30a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Liparidae sp</i> .	90
Figure 30b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Liparidae sp</i> .	91
Figure 30c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Liparidae sp</i> .	91
Figure 31a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Cyclopterus lumpus</i> .	92
Figure 31b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Cyclopterus lumpus</i> .	93
Figure 31c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Cyclopterus lumpus</i> .	93
Figure 32a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Eumicrotremus spinosus</i> .	94
Figure 32b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Eumicrotremus spinosus</i> .	95
Figure 32c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Eumicrotremus spinosus</i> .	95
Figure 33a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Ammodytes dubius</i> .	96
Figure 33b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Ammodytes dubius</i> .	97
Figure 33c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Ammodytes dubius</i> .	97
Figure 34a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Lycodes lavalaei</i> .	98

Figure 34b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Lycodes lavalaei</i>	99
Figure 34c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Lycodes lavalaei</i> ..	99
Figure 35a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Lumpenus lampretæformis</i>	100
Figure 35b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Lumpenus lampretæformis</i>	101
Figure 35c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Lumpenus lampretæformis</i>	101
Figure 36a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Leptoclinus maculatus</i>	102
Figure 36b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Leptoclinus maculatus</i>	103
Figure 36c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Leptoclinus maculatus</i>	103
Figure 37a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Eumesogrammus praecisus</i>	104
Figure 37b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Eumesogrammus praecisus</i>	105
Figure 37c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Eumesogrammus praecisus</i>	105
Figure 38a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Anisarchus medius</i>	106
Figure 38b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Anisarchus medius</i>	107
Figure 38c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Anisarchus medius</i>	107
Figure 39a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Cancer irroratus</i>	108
Figure 39b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Cancer irroratus</i>	109
Figure 39c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Cancer irroratus</i> ..	109
Figure 40a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Hyas coarctatus</i>	110
Figure 40b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Hyas coarctatus</i>	111
Figure 40c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Hyas coarctatus</i> ..	111
Figure 41a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Chionoecetes opilio</i>	112
Figure 41b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Chionoecetes opilio</i>	113

Figure 41c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Chionoecetes opilio</i>	113
Figure 42a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Hyas araneus</i>	114
Figure 42b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Hyas araneus</i>	115
Figure 42c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Hyas araneus</i>	115
Figure 43a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Homarus americanus</i>	116
Figure 43b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Homarus americanus</i>	117
Figure 43c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Homarus americanus</i>	117
Figure 44a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour <i>Illex illecebrosus</i>	118
Figure 44b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour <i>Illex illecebrosus</i>	119
Figure 44c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour <i>Illex illecebrosus</i> . ..	119
Figure 45. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Merluccius bilinearis</i>	120
Figure 46. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Anarhichas lupus</i>	121
Figure 47. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Alosa sapidissima</i>	122
Figure 48. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Gadus macrocephalus</i>	123
Figure 49. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Tautoglabrus adspersus</i>	124
Figure 50. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Scophthalmus aquosus</i>	125
Figure 51. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Malacoraja senta</i>	126
Figure 52. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Myxine limosa</i>	127
Figure 53. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Icelus spatula</i>	128
Figure 54. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Arteidiellus sp.</i>	129
Figure 55. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Gasterosteus aculeatus</i>	130

Figure 56. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Nezumia bairdii</i>	131
Figure 57. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Zoarces americanus</i>	132
Figure 58. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Arctozenus risso</i>	133
Figure 59. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de <i>Rajidae sp.</i>	134
Figure 60. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de <i>Buccinidae sp.</i>	135
Figure 61. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de <i>Gastropoda sp.</i>	136
Figure 62. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Tunicata (sp.)</i>	137
Figure 63. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Ascidia sp.</i>	138
Figure 64. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Boltenia sp.</i>	139
Figure 65. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Halocynthia pyriformis</i>	140
Figure 66. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Bryozoa (p.)</i>	141
Figure 67. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Decapoda (o.)</i>	142
Figure 68. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Anonyx sp.</i>	143
Figure 69. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Annelida (p.)</i>	144
Figure 70. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Aphrodita hastata</i>	145
Figure 71. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Buccinum sp.</i>	146
Figure 72. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Neptunea decemcostata</i>	147
Figure 73. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Chlamys islandica</i>	148
Figure 74. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Ciliatocardium ciliatum</i>	149
Figure 75. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Mollusca sp vide</i>	150

Figure 76. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Nudibranchia (o.)</i>	151
Figure 77. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Semirossia tenera</i>	152
Figure 78. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Bathypolypus arcticus</i>	153
Figure 79. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Artediellus sp.</i>	154
Figure 80. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Asterias sp.</i>	155
Figure 81. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Asterias rubens</i>	156
Figure 82. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Leptasterias (Hexasterias) polaris</i>	157
Figure 83. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Leptasterias sp.</i>	158
Figure 84. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Ctenodiscus crispatus</i>	159
Figure 85. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Hippasteria phrygiana</i>	160
Figure 86. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Henricia sp.</i>	161
Figure 87. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Henricia sanguinolenta</i>	162
Figure 88. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Solaster endeca</i>	163
Figure 89. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Crossaster papposus</i>	164
Figure 90. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Pteraster militaris</i>	165
Figure 91. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Ophiuroidea (c.)</i>	166
Figure 92. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Euryalida (f.)</i>	167
Figure 93. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Strongylocentrotus sp.</i>	168
Figure 94. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Clypeasteroidea (o.)</i>	169
Figure 95. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Holothuroidea (c.)</i>	170

Figure 96. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Psolus fabricii</i>	171
Figure 97. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Psolus phantapus</i>	172
Figure 98. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Actiniaria (o.)</i>	173
Figure 99. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Anthozoa (c.)</i>	174
Figure 100. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Stomphia coccinea</i>	175
Figure 101. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Pennatulacea sp.</i>	176
Figure 102. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Gersemia rubiformis</i>	177
Figure 103. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les coraux mous non identifiés.	178
Figure 104. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Pseudarchaster parelii</i>	179
Figure 105. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Ptilella grandis</i>	180
Figure 106. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Hydrozoa (c.)</i>	181
Figure 107. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Scyphozoa (c.)</i>	182
Figure 108. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Porifera</i>	183
Figure 109. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Suberites ficus</i>	184
Figure 110. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Mycale (Mycale) lingua</i>	185
Figure 111. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Cladocroce spatula</i>	186
Figure 112. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour <i>Semisuberites cribrosa</i>	187

RÉSUMÉ

Les relevés au chalut de fond fournissent des données essentielles pour l'évaluation des stocks de poissons de fond et d'autres taxons, pour la surveillance des écosystèmes et l'établissement de rapports, ainsi que pour la recherche. Ils peuvent permettre de produire des indices annuels de l'abondance qui sont proportionnels à la taille du stock, à condition que la constante de proportionnalité, généralement appelée « capturabilité », ne change pas au fil du temps. Ce résultat est normalement obtenu en utilisant un plan et des procédures de relevé normalisés. Périodiquement, il devient nécessaire ou souhaitable de modifier un ou plusieurs aspects du protocole et des expériences d'étalonnage sont généralement nécessaires pour estimer les ajustements à apporter en fonction des variations potentielles de la capturabilité. De 2004 à 2022, on a utilisé le NGCC *Teleost*, équipé d'un chalut de fond Western IIA, pour le relevé annuel dans le sud du golfe du Saint-Laurent (sGSL). Ce navire sera bientôt mis hors service et sera remplacé par le NGCC *Capt. Jacques Cartier*, qui est équipé d'un chalut différent. En septembre 2021 et septembre 2022, on a réalisé des expériences de pêche comparative avec ces deux navires et ces deux engins jumelés afin d'obtenir les données sur les prises nécessaires pour estimer leur efficacité de pêche relative pour un grand nombre de taxons de poissons et d'invertébrés qui sont régulièrement échantillonnés dans ce relevé. Dans ce document, nous décrivons brièvement ces expériences de pêche comparative et présentons les analyses des données obtenues pour 116 taxons de poissons et d'invertébrés régulièrement échantillonnés dans le relevé mené dans le sud du golfe du Saint-Laurent. Les analyses ont fait appel à une série de modèles statistiques contemporains utilisés précédemment dans des analyses approfondies de pêche comparative dans l'est des États-Unis et qui ont été récemment largement testés à l'aide de simulations. La capturabilité relative en fonction de la longueur des individus (poissons, homards et calmars) ou de la largeur de la carapace (crabes) a été évaluée et estimée pour 38 taxons et des estimations avec regroupement par taille ont été dérivées pour les autres. Étant donné les différences considérables entre l'ancien et le nouveau protocole de relevé, notamment une modification substantielle de l'engin de pêche et de la longueur du trait, nous nous attendions à des différences importantes dans la capturabilité relative indépendante et dépendante de la longueur pour cette expérience de pêche comparative, et les avons estimées pour un certain nombre de taxons. Des recommandations pour l'application des facteurs de conversion sont fournies. L'utilisation de ces facteurs de conversion permettra de maintenir l'intégrité des séries chronologiques de plus de cinq décennies pour divers taxons marins du sud du golfe.

1. INTRODUCTION

Dans le monde entier, les relevés au chalut de fond fournissent des données essentielles pour l'évaluation des stocks de poissons de fond et d'autres taxons, pour la surveillance des écosystèmes et l'établissement de rapports connexes, ainsi que pour la recherche. Ils peuvent permettre de produire des indices annuels de l'abondance qui sont proportionnels à la taille du stock, à condition que la constante de proportionnalité, généralement appelée « capturabilité », ne change pas au fil du temps. Si cette cohérence n'est pas assurée par un plan et une normalisation adéquats de l'échantillonnage, le risque de confondre les changements de l'abondance avec les variations de la capturabilité est accru. Il est essentiel de maintenir la cohérence des protocoles de relevé, ainsi que des navires de recherche et des engins (que nous appellerons simplement le « protocole » dans le reste du document) pour préserver une capturabilité constante. Périodiquement, il devient cependant nécessaire ou souhaitable de modifier un ou plusieurs aspects du protocole et des expériences d'étalonnage sont généralement nécessaires pour estimer les ajustements à apporter en fonction des variations potentielles de la capturabilité. La forme la plus courante et la plus efficace de ces expériences est la pêche comparative, qui consiste habituellement à effectuer un chalutage jumelé avec les deux navires, soit celui de l'ancien protocole et celui du nouveau, aussi près l'un de l'autre qu'il est possible de le faire en toute sécurité. Cette façon de faire minimise la différence entre les densités de poissons échantillonnées par les chaluts, de sorte que les différences entre les prises sur les répétitions de l'échantillonnage par les chaluts jumelés reflètent la différence de capturabilité.

Pêches et Océans Canada (MPO) entreprend une pêche comparative dans chacun de ses six relevés au chalut de fond dans l'Atlantique de 2021 à 2023 afin d'étalonner deux nouveaux navires de recherche utilisés pour les relevés des pêches hauturières qui remplaceront deux navires anciens qui seront mis hors service. Dans certains relevés, le changement de navire s'accompagnera également d'un changement de chalut et des procédures de relevé (p. ex. la durée du trait) et l'effet combiné de tous ces facteurs sur la capturabilité relative devrait se refléter dans les résultats des expériences de pêche comparative. Dans le relevé du sud du golfe du Saint-Laurent (sGSL), qui a lieu chaque année en septembre depuis 1971, le NGCC *Capt. Jacques Cartier* (63,4 m; 2 975 t de jauge brute) remplacera le NGCC *Teleost* (63 m; 2 405 t de jauge brute), qui est utilisé pour effectuer le relevé depuis 2004. Pendant le relevé du sGSL, le NGCC *Teleost* utilise le chalut Western IIA (Hurlbut et Clay 1990), mais le NGCC *Capt. Jacques Cartier* utilisera une version légèrement modifiée du chalut NEST (chalut de relevés de l'écosystème du Northeast Fisheries Science Center) (détails sur le chalut dans Denton 2020; modifications décrites dans Ricard *et al.* 2023). Un trait standard à bord du NGCC *Capt. Jacques Cartier* est effectué à une vitesse de 3,0 nœuds pendant 20 minutes, alors qu'un trait standard à bord du NGCC *Teleost* est réalisé à une vitesse de 3,5 nœuds pendant 30 minutes. De plus, la durée du trait à bord du NGCC *Capt. Jacques Cartier* est mesurée à partir du moment où le chalut touche le fond jusqu'à la levée du chalut, alors qu'à bord du *Teleost*, elle est mesurée à partir du moment où les treuils cessent de déployer la chaîne, jusqu'au moment où la remontée est initiée (Ricard *et al.* 2023). La pêche comparative entre les deux navires, avec leurs chaluts respectifs, a eu lieu pendant le relevé régulier du sGSL en 2021 et en 2022. Le plan utilisé, parfois appelé plan de relevé parallèle (Thiess *et al.* 2018), prévoyait un chalutage jumelé à certains sites dans le cadre du plan aléatoire stratifié de routine du relevé (figure 1). Ce plan garantit le mieux que les résultats de la pêche comparative reflètent les conditions environnementales de la zone du relevé, principalement les profondeurs et le substrat du fond, qui peuvent influencer sur la capturabilité. Il garantit également que des données seront disponibles pour estimer les facteurs d'ajustement de la capturabilité relative

pour le plus grand nombre possible de taxons échantillonnés par le relevé et pour lesquels une normalisation est nécessaire pour les recherches en cours et les rapports connexes.

Dans le présent document, nous décrivons brièvement les expériences de pêche comparative pour le sGSL menées en 2021 et 2022 (voir une description plus détaillée dans Ricard *et al.* 2023) et présentons les analyses des données obtenues pour 116 taxons de poissons et d'invertébrés régulièrement échantillonnés par le relevé du sGSL. Les analyses ont fait appel à des modèles statistiques contemporains utilisés précédemment dans des analyses approfondies de pêche comparative dans l'est des États-Unis (Miller *et al.* 2010; Miller 2013) et appliqués récemment à des analyses de données de pêche comparative passée pour certains stocks du golfe du Saint-Laurent (Yin et Benoît 2022a; Benoît *et al.* 2022). Ces modèles ont été largement testés dans un contexte de simulation et il a été confirmé qu'ils convenaient pour des analyses telles que celles employées dans le cas présent (Yin et Benoît 2022b). Dans le cadre des analyses, la capturabilité relative en fonction de la longueur des individus (poissons, homards et calmars) ou de la largeur de la carapace (crabes) a été estimée pour 38 taxons et des estimations avec regroupement par taille ont été dérivées pour les autres. Étant donné les différences considérables entre l'ancien et le nouveau protocole de relevé, notamment une modification substantielle de l'engin de pêche et de la longueur du trait, nous nous attendions à des différences importantes dans la capturabilité relative indépendante et dépendante de la longueur pour cette expérience de pêche comparative.

2. MÉTHODES

2.1. PÊCHE COMPARATIVE

La pêche comparative entre le NGCC *Teleost* et le NGCC *Capt. Jacques Cartier* a eu lieu entre le 31 août et le 26 septembre en 2021 et entre le 17 et le 30 septembre en 2022 (tableau 1). Le début de la pêche comparative en 2022 a été retardé pour permettre de mener des expériences de pêche comparative dans le relevé de l'estuaire et du nord du golfe du Saint-Laurent, auquel participait également le NGCC *Teleost*. Au total, 127 et 53 traits de pêche jumelées, considérées comme des paires comparatives valides, ont été réalisées en 2021 et 2022, respectivement, et retenues pour l'analyse. Parmi les paires de traits de 2022, la prise des traits 53 et 54 a été accidentellement combinée physiquement avant le tri à bord du NGCC *Capt. Jacques Cartier* (Ricard *et al.* 2023). Nous avons inclus ces données dans les analyses ultérieures en les faisant correspondre aux données combinées pour les mêmes traits du NGCC *Teleost* et en supposant une aire balayée de chalutage pour chaque navire correspondant à la somme des aires balayées de chalutage pour des différents traits.

Les détails des expériences de pêche comparative sont présentés dans Ricard *et al.* (2023) et ne sont donc que brièvement résumés ici. Aux stations présélectionnées, le NGCC *Jacques Cartier* et le NGCC *Teleost* ont pêché aussi près l'un de l'autre dans l'espace et dans le temps qu'il était possible et sécuritaire de le faire. La majorité des traits jumelées ont été réalisées côte à côte sur des trajectoires parallèles. D'une station à l'autre, les navires changeaient de côté et étaient alternativement à bâbord ou à tribord l'un de l'autre. Ils s'efforçaient de pêcher à des profondeurs similaires aux deux emplacements à une station. La distance séparant les navires ne dépassait généralement pas 0,5 mille marin. Dans certains cas où la différence de profondeur entre les trajectoires parallèles potentielles était trop importante (> 10 m), les navires ont pêché en suivant la même trajectoire, séparés de 1,5 mille marin.

Le NGCC *Teleost* a effectué des traits standard en visant une durée de 30 minutes à 3,5 nœuds, et le NGCC *Capt. Jacques Cartier* des traits standard d'une durée de 20 minutes à 3,0 nœuds. Des durées de trait d'au moins les 2/3 de la durée cible étaient considérées comme

acceptables. Les deux navires ont utilisé un système de chalutage automatique doté de capteurs Scanmar, dans lequel la géométrie du chalut est ajustée dynamiquement pendant le trait afin de maintenir le chalut perpendiculaire à sa trajectoire. Les données des capteurs Scanmar ont également été utilisées pour contrôler la géométrie du chalut et pour annuler éventuellement un trait, mais pas pour calculer la zone balayée de chaque trait en vue de l'analyse des données. La distance de remorquage a plutôt été utilisée comme seul facteur de normalisation de la zone balayée.

La procédure standard pour le relevé du sGSL consiste à obtenir le poids total des prises pour chaque taxon dans chaque trait. En outre, on obtient une fréquence de longueur représentative dans chaque trait du relevé pour tous les taxons de poissons, tous les taxons de crabes à l'exception des bernard-l'hermite, ainsi que pour les homards et les calmars. Le nombre d'individus dans les prises est également produit pour chaque taxon mesuré.

De plus amples détails sur les expériences de pêche comparative sont disponibles dans Ricard *et al.* (2023).

2.2. ANALYSE DES DONNÉES DE LA PÊCHE COMPARATIVE

2.2.1. Modèles binomiaux

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

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

où $q_{vi}(l)$ est la capturabilité du navire v , D_{vi} est la densité de la population sous-jacente échantillonnée par le navire v et f_{vi} est un terme de normalisation qui inclut généralement la zone balayée d'un trait et, le cas échéant, la proportion de sous-échantillonnage pour la mesure des tailles à bord. Dans un modèle binomial (p. ex. Miller 2013), les prises par le navire A à la station i , conditionnées par les prises combinées des deux navires à cette station, $C_i(l) = C_{Ai}(l) + C_{Bi}(l)$, ont une distribution binomiale :

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

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

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

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

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

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

Pour un facteur de conversion fondé sur la longueur, nous considérons un effet de la longueur lisse basé sur une fonction de lissage additif généralisé,

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Voici un résumé du modèle mixte binomial ci-dessus :

$$\begin{aligned} C_i(l) &= C_{Ai}(l) + C_{Bi}(l) \\ C_{Ai}(l) &\sim BI(C_i(l), p_{Ai}(l)) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{logit}(p_{Ai}(l)) &= \log(\rho_i(l)) + o_i \\ \log(\rho_i(l)) &= \mathbf{X}_f^T(\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T(\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i) \end{aligned}$$

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

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

Le modèle mixte binomial peut être adapté pour diverses hypothèses sur le lissage et la variation potentielle de la station afin de tenir compte de la densité sous-jacente différente d'une espèce et des limitations des données, en particulier pour les mesures de longueur. Un ensemble de modèles binomiaux considérés dans les présentes analyses est fourni dans le tableau 2.

2.2.2. Modèles bêta-binomiaux

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

$$C_{Ai}(l) \sim BB(C_i(l), p_{Ai}(l), \phi_i(l)),$$

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

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

où ϕ est le paramètre de surdispersion qui représente la variation extra-binomiale.

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

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

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

Voici un résumé du modèle mixte bêta-binomial :

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

La vraisemblance marginale est exprimée par

$$\mathcal{L}(\boldsymbol{\beta}_f, \boldsymbol{\gamma}, \boldsymbol{\Sigma}, \lambda, \xi, \tau)$$

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

De même, on peut appliquer diverses hypothèses de lissage au paramètre de variance. Le tableau 3 présente un ensemble de modèles mixtes bêta-binomiaux.

2.2.3. Modèle de Tweedie pour les données sur la biomasse

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

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

$$W_{i v} \sim TW(\mu_{i v}, \varphi, \tau)$$

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

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

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

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

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

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

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

2.2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles

Les modèles binomiaux et bêta-binomiaux des tableaux 2 et 3 pour les analyses des prises sans regroupement par longueur ont été mis en œuvre à l'aide du progiciel Template Model Builder (TMB) pour R (Kristensen *et al.* 2016). TMB utilise l'approximation de Laplace pour intégrer la log-vraisemblance négative commune (nll) sur les effets aléatoires afin de calculer la log-vraisemblance négative marginale (mnl). L'optimisation de la log-vraisemblance négative marginale est ensuite entreprise dans R à l'aide de la fonction *nllminb()*. Les fonctions de base pour la spline de lissage cubique et les matrices de pénalité correspondantes ont été générées à l'aide du progiciel mgcv en R (Wood 2011) sur la base de 10 nœuds équidistants ($K = 9$) dans la gamme de longueurs spécifiée au préalable en fonction de la gamme de longueurs observée propre à chaque taxon. TMB calcule automatiquement une erreur type pour l'estimation du maximum de vraisemblance du facteur de conversion par la méthode delta (Kristensen *et al.* 2016).

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

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

Les modèles sans regroupement par longueur n'ont été ajustés que pour les taxons pour lesquels des données étaient disponibles pour au moins 25 paires de traits pertinentes (paires avec une prise par au moins un navire). Le modèle avec regroupement par taille n'a été ajusté que pour les taxons pour lesquels des données étaient disponibles pour au moins 15 paires de traits pertinentes. Bien que ces seuils soient quelque peu arbitraires, ils sont raisonnables compte tenu de la complexité des modèles (nombre de paramètres fixes et aléatoires estimés) et sont conformes aux exigences minimales qui ressortent de l'étude de simulation de Yin et Benoît (2022b).

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

que le CIB (Hastie *et al.* 2009), mais qui, dans les présentes applications, a largement confirmé les décisions fondées sur le CIB.

Dans chaque analyse sans regroupement par longueur, on a comparé les estimations de la fonction μ (proportion attendue dépendante de la longueur des prises par le navire A) par tous les modèles convergents aux proportions de l'échantillon (regroupées par station et moyennées pour chaque longueur) afin de fournir une interprétation plus rigoureuse des résultats. L'estimation $\rho(l)$ (efficacité de capture relative attendue ou fonction de facteur de conversion) et l'intervalle de confiance approximatif à 95 % correspondant du meilleur modèle sont ensuite indiqués pour la gamme de longueurs contenue dans les données d'entrée. Les quantiles des résidus normalisés du modèle (Dunn et Smyth 1996) ont été produits et tracés à l'aide de diagrammes en boîte en fonction de la longueur et de la station de relevé afin d'évaluer visuellement l'adéquation de l'ajustement du modèle. Compte tenu du nombre potentiellement élevé de stations pour certaines espèces, qui aurait autrement généré un diagramme en boîte encombré, nous avons tracé uniquement les résidus pour les 60 premiers traits afin de donner une indication d'un éventuel manque d'ajustement. Enfin, nous avons tracé les résidus du modèle en fonction de la profondeur et de l'heure à laquelle une station a été pêchée, deux facteurs connus pour influencer la capturabilité (p. ex. Benoît et Swain 2003), afin d'évaluer si ces effets pouvaient interagir avec l'effet du navire étudié. Pour repérer les cas où ces effets ont pu avoir une influence, nous avons également ajusté les modèles gaussiens suivants (présentés à l'aide de pseudo-équations) aux quantiles des résidus normalisés du modèle (NQR) :

1. $NQR \sim s(\text{profondeur}) + (1|\text{station})$
2. $NQR \sim s(\text{heure}) + (1|\text{station})$
3. $NQR \sim \text{facteur}(\text{jour}) + (1|\text{station})$

où $s(x)$ représente une fonction lisse de la variable x , $(1|\text{station})$ représente un effet aléatoire pour la station et $\text{facteur}(\text{jour})$ est un facteur délimitant le jour et la nuit, où $\text{jour} = 7 \text{ h } 00 < \text{heure} \leq 19 \text{ h } 00$, conformément à Benoît et Swain (2003). Les effets lissés et discrets de l'heure ont été pris en compte pour signaler les cas d'un éventuel effet nyctéméral sur la capturabilité relative (p. ex. Benoît et Swain 2003). Nous avons examiné les valeurs de p associées aux effets de la profondeur, de l'heure et du jour, et nous avons approfondi les tendances des résidus dans les cas où la valeur de p était inférieure à 0,01.

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

2.2.5. Traitement des données avant l'analyse

Les données relatives à certains taxons ont été regroupées avant l'analyse en raison d'incohérences perçues dans l'identification pendant les relevés ou de la petite taille des échantillons parmi les taxons apparentés et morphologiquement similaires. Les individus de *Gadus sp.* (code 251) mesurant ≤ 20 cm sont traités séparément pendant l'échantillonnage de la prise du fait des difficultés à différencier *G. morhua* et *G. ogac* à ces tailles sur le terrain. Normalement, les échantillons sont ramenés au laboratoire pour être identifiés; toutefois, cette identification en laboratoire n'était pas disponible à temps pour les analyses comparatives des données sur la pêche. Compte tenu de la prévalence relative de la morue franche dans l'écosystème, du fait que les captures confirmées de *G. ogac* n'étaient pas suffisamment fréquentes pour être incluses dans les analyses et de l'hypothèse selon laquelle la capturabilité des petites espèces *Gadus sp* devrait être la même que celle des individus de même taille de l'espèce en question, nous avons combiné ces données avec les prises de *G. morhua*. Ce regroupement taxonomique et les autres sont décrits dans le tableau 4.

Dans un très petit nombre de cas, la capture d'un ou deux individus aux longueurs les plus petites ou les plus grandes a eu une influence excessive sur la forme de la fonction du facteur de conversion dépendant de la longueur à ces longueurs et autour de celles-ci. Cela résulte de la flexibilité inhérente aux fonctions splines cubiques et constitue un problème connu pour ces modèles (Cadigan *et al.* 2022). Bien que Cadigan et ses collaborateurs (2022) présentent une approche de rechange et probablement plus solide, elle n'est applicable qu'aux fonctions monotones de la capturabilité relative dépendante de la longueur et ne convenait pas pour les résultats de la pêche comparative dans le sud du golfe du Saint-Laurent où des fonctions plus complexes, non monotones, étaient prédominantes. Nous avons plutôt exclu de l'analyse les prises pour ces longueurs extrêmes. Ces cas sont résumés dans le tableau 5.

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

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

Comme indiqué ci-dessus, l'estimation des fonctions du facteur de conversion propre à la longueur peut être sensible à la rareté des données dans les queues des fréquences de longueur. Malgré l'élimination de certaines longueurs extrêmes, il restait des cas où les valeurs du facteur de conversion s'écartaient considérablement de la tendance générale dépendante de la longueur, les longueurs tendant vers les plus petites et les plus grandes. Nous avons donc adopté la procédure suivante. Nous avons d'abord déterminé les longueurs qui constituaient les 0,5^e et 99,5^e centiles de la distribution des fréquences de longueur totale propre au taxon pour

l'expérience de 2021-2022 pour les taxons ayant au moins 20 classes de longueur, et nous avons utilisé les 2,5^e et 97,5^e centiles pour les taxons ayant moins de classes. Nous avons ensuite calculé les valeurs de la fonction du facteur de conversion à ces centiles pour chaque taxon et nous avons présumé ces valeurs comme des constantes pour les longueurs inférieures et supérieures à ces centiles, respectivement. Ces valeurs constantes ont été projetées respectivement sur les plus petites et les plus grandes longueurs propres au taxon observées depuis 1971 dans le relevé.

3. RÉSULTATS

Les résultats des différentes analyses pour les nombreux taxons couverts par ce rapport sont tout simplement trop volumineux pour être interprétés en détail. Nous avons plutôt cherché à fournir des figures et des tableaux détaillés qui décrivent les résultats et soutiennent les décisions relatives à l'application des facteurs de conversion, ainsi qu'à présenter une interprétation des résultats uniquement pour les principales espèces exploitées et celles dont la conservation est préoccupante. Ce sont les espèces pour lesquelles les rapports sur les résultats des relevés sont probablement les plus conséquents et les plus fréquents, et donc pour lesquelles un examen et une interprétation minutieux des résultats de la pêche comparative sont sans doute les plus nécessaires. Nous commençons par expliquer la structure de la présentation des résultats, puis nous abordons les résultats pour ces espèces en particulier, ainsi que d'autres cas affichant des résultats notables.

3.1. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS

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

Le **tableau 6** indique le nombre total de paires de traits pertinentes (c'est-à-dire les paires dans lesquelles le taxon a été capturé par au moins un des deux navires), le nombre de paires pour lesquelles seul le NGCC *Capt. Jacques Cartier* a capturé le taxon et le nombre de paires pour lesquelles seul le NGCC *Teleost* a capturé le taxon. Le tableau fournit notamment une référence au numéro des figures sur lesquelles les résultats sont présentés pour ce taxon. Les taxons pour lesquels des analyses avec regroupement par longueur ont été effectuées sont présentés en premier, suivis de ceux pour lesquels des analyses avec regroupement par taille ont été utilisées.

Le **tableau 7** donne des détails sur la preuve et la sélection du modèle (valeurs de ΔCIA et ΔCIB) pour les analyses sans regroupement par longueur.

Le **tableau 8** présente les valeurs de p pour l'effet lissé de la profondeur, l'effet lissé de l'heure et l'effet fixe du jour sur les quantiles des résidus normalisés du meilleur modèle sans regroupement par longueur. Les valeurs $< 0,01$ sont indiquées en caractères gras.

Le **tableau 9** donne des détails sur la preuve et la sélection du modèle (valeurs du CIA et du CIB) pour les analyses des nombres de prises avec regroupement par longueur, ainsi que les facteurs de conversion estimés (ρ) et les intervalles de confiance à 95 % pour les analyses des nombres de prises et des poids des prises pour les taxons qui ont sinon également été pris en compte dans les analyses sans regroupement par longueur.

Le **tableau 10** fournit les mêmes types de résultats que le tableau 9, mais pour les taxons qui n'ont pas été pris en compte dans les analyses sans regroupement par longueur, soit parce qu'il n'y a pas eu d'échantillonnage représentatif de la longueur, soit parce que le nombre total de paires de calées pertinentes était de $15 \leq n < 25$.

Les graphiques des résultats des analyses sans regroupement par longueur sont présentés dans plusieurs panneaux sur trois pages pour chaque taxon. Les figures 3 à 5 expliquent le contenu de chaque page. En bref, la première page (étiquetée a.) présente un résumé des données d'un point de vue spatial, avec regroupement par taille et propre à la longueur (détails à la figure 3). Les résultats des analyses avec regroupement par taille sont présentés dans l'un des panneaux afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. La deuxième page (étiquetée b.) présente un graphique de l'ajustement de tous les modèles convergents et un graphique de la fonction du facteur de conversion sélectionné et de l'intervalle de confiance à 95 %, ainsi que les valeurs constantes projetées que nous proposons pour les plus petites et les plus grandes longueurs (détails à la figure 4). Enfin, la troisième page (étiquetée c.) fournit divers diagrammes en boîte pour les valeurs des quantiles des résidus normalisés pour le modèle sélectionné (détails à la figure 5).

Les graphiques des résultats des analyses avec regroupement par longueur, y compris le modèle ajusté et les quantiles des résidus du modèle, sont présentés sur une seule page pour chaque taxon pour les analyses des nombres de prises (colonne de gauche) et des poids des prises (colonne de droite) pour les taxons mesurés, et les poids des prises uniquement (colonne unique) pour les taxons qui ne sont pas mesurés (détails à la figure 6). Les figures ne sont présentées que pour les taxons qui n'ont pas fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. Néanmoins, les ajustements du modèle avec regroupement par longueur sélectionné pour les captures des taxons restants sont présentés dans les graphiques des analyses sans regroupement par longueur et les valeurs estimées du facteur de conversion figurent dans le tableau 9. Des courbes de résidus détaillées ont été créées et examinées, même si elles ne sont pas formellement présentées ici.

3.2. QUELQUES RÉSULTATS EN PARTICULIER

3.2.1. Morue franche (*Gadus morhua*)

À l'exception des très petites tailles (< 8 cm) et des plus grandes (> 45 cm), les prises normalisées du NGCC *Capt. Jacques Cartier* étaient systématiquement plus grandes que celles du NGCC *Teleost* (figure 7a). Le modèle BB5 a fourni le meilleur ajustement aux données et a prédit une fonction d'efficacité de capture relative concave et asymétrique qui diminuait fortement pour les tailles jusqu'à environ 10 cm, atteignant des niveaux inférieurs à 0,2 avant d'augmenter plus ou moins continuellement jusqu'à un niveau cohérent avec une capturabilité équivalente autour de 50 cm (figure 7b). Les courbes des quantiles des résidus normalisés indiquent que l'ajustement du modèle était adéquat (figure 7c).

3.2.2. Merluche blanche (*Urophycis tenuis*)

Les merluches blanches ont été capturées principalement dans l'est du détroit de Northumberland et au large du nord du cap Breton, et dans une moindre mesure le long du chenal Laurentien (figure 8a). Les prises normalisées effectuées par le NGCC *Capt. Jacques Cartier* ont été plus importantes dans presque tous les cas. Le CIB a sélectionné le modèle BB1, mais le CIA préférait les modèles BB4 et BB5. Ces deux derniers modèles estiment une fonction de capturabilité presque identique (figure 8b), qui correspond également à peu près à la fonction estimée pour la morue (figure 7b), une espèce apparentée pour laquelle on pourrait s'attendre à une capturabilité relative similaire et pour laquelle on disposait de beaucoup plus d'observations pour produire des estimations. Compte tenu de ces résultats et du fait que le modèle BB4 était le deuxième modèle le plus probable selon le CIB, avec une valeur delta suggérant que le modèle n'est pas invraisemblable, nous recommandons d'utiliser l'estimation de ce modèle. Plus précisément, le modèle BB4 a prédit une fonction de

capturabilité relative légèrement curviligne qui fluctuait autour d'une valeur d'environ 0,6 pour la plupart des longueurs, mais avec des valeurs plus élevées pour les petites longueurs (figure 8b). L'ajustement du modèle semblait adéquat (figure 8c).

3.2.3. Sébastes (*Sebastes* sp.)

Dans l'ensemble, les prises normalisées de sébaste étaient largement similaires entre les navires et se caractérisaient par un mode important dans les prises culminant à 24-25 cm (figure 9a). Les sébastes d'une taille inférieure à ce mode étaient plus nombreux dans les prises normalisées du NGCC *Capt. Jacques Cartier* et ceux dont la taille était supérieure au mode dans les prises du NGCC *Teleost*. Le modèle BB4 a été sélectionné et a prévu une fonction d'efficacité de capture relative sigmoïde augmentant de façon monotone, pour laquelle une efficacité égale (une valeur de 1) a été prédite à 30 cm, avec des intervalles de confiance de plus en plus grands par la suite (figure 9b). L'ajustement du modèle semblait adéquat (figure 9c).

3.2.4. Flétan de l'Atlantique (*Hippoglossus hippoglossus*)

Les flétans de l'Atlantique ont été capturés peu souvent et en petit nombre pendant les expériences de pêche comparative (figure 10a). Les analyses avec regroupement par longueur n'ont donné aucune différence significative dans l'efficacité relative entre les deux navires et les intervalles de confiance pour les analyses sans regroupement par longueur étaient très proches d'une valeur de 1 (figure 10b; tableau 9). Ensemble, ces résultats ne permettent pas de conclure à une différence significative de capturabilité entre les navires.

3.2.5. Flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*)

Les prises normalisées de flétan du Groenland étaient généralement similaires entre les deux navires (figure 11a). Le NGCC *Teleost* avait tendance à capturer davantage d'individus d'une longueur avoisinant les 40 cm. Tous les modèles BI fondés sur le CIB ont reçu un soutien similaire (tableau 7), et le seul modèle bêta-binomial à avoir convergé était le modèle BB0. Les modèles indépendants de la longueur ne suggèrent pas de différence significative entre les navires (p. ex. BI0, figure 11b). Alors que les résidus pour BI0 indiquent un manque d'ajustement à une longueur ≥ 42 cm (figure 11c), peu d'individus ont été capturés à ces tailles lors des expériences (figure 11a). Il n'est pas recommandé d'appliquer un facteur de conversion pour cette espèce.

3.2.6. Plie canadienne (*Hippoglossoides platessoides*)

Des plies canadiennes ont été capturées fréquemment et largement pendant les expériences (figure 12a). Les prises normalisées du NGCC *Capt. Jacques Cartier* étaient régulièrement plus grandes. Toutefois, le NGCC *Teleost* était beaucoup plus efficace pour capturer les très petites plies (< 5 cm) et les navires étaient à peu près équivalents pour pêcher les grandes plies > 32 cm. Le modèle BB5 a été sélectionné et semble bien ajusté aux données (figures 11b,c). Il a prédit que le NGCC *Teleost* était environ 10 fois plus efficace pour capturer les très petites plies, mais que l'efficacité relative diminuait rapidement avec l'augmentation de la longueur, jusqu'à un niveau bas à environ 10 cm, augmentant progressivement par la suite pour se rapprocher de la capturabilité équivalente autour de 32-35 cm. L'efficacité relative au-dessus de 40 cm était associée à une incertitude considérable et une valeur constante est recommandée pour ces tailles dans les applications futures.

Les résidus affichent une différence significative en fonction de la période nyctémérale (tableau 8), mais leur distribution en fonction de l'heure indique que l'effet est très petit et probablement sans conséquence (figure 12c).

3.2.7. Plie grise (*Glyptocephalus cynoglossus*)

Les prises normalisées de plie grise et les fréquences de longueur associées étaient similaires entre les navires (figure 13a.). L'analyse avec regroupement par longueur des nombres et des poids des prises a permis de conclure que le NGCC *Capt. Jacques Cartier* était plus efficace (tableau 9; voir également la ligne bleue et la zone ombrée dans les diagrammes de double projection de la figure 13a). L'analyse sans regroupement par longueur (modèle BB1) a donné un résultat similaire, bien que l'effet ne soit que marginalement différent de la capturabilité égale (figure 13b).

3.2.8. Limande à queue jaune (*Limanda ferruginea*)

Les prises normalisées de limande à queue jaune étaient généralement plus importantes pour le NGCC *Capt. Jacques Cartier*, en particulier pour les tailles < 25 cm (figure 14a). Le modèle BB4 a été sélectionné et semble fournir un ajustement adéquat aux données (figures 14b,c). Le NGCC *Capt. Jacques Cartier* était relativement plus efficace pour capturer les limandes à queue jaune < 10 cm et l'efficacité relative des deux navires devenait de plus en plus similaire à mesure que la longueur augmentait jusqu'à environ 20 cm, où l'efficacité relative estimée était proche de 1 et les intervalles de confiance se chevauchaient avec cette valeur (figure 14b). L'efficacité relative était très incertaine pour les longueurs > 28 cm et une efficacité relative constante avec une valeur d'environ 0,9 est recommandée pour ajuster les données des relevés dans les analyses futures.

3.2.9. Plie rouge (*Pseudopleuronectes americanus*)

Les prises normalisées de plie rouge par le NGCC *Capt. Jacques Cartier* étaient systématiquement plus importantes, en particulier aux longueurs avoisinant les 15 cm, qui constituaient le mode de la fréquence de longueur (figure 15a). Le modèle BB5 a été sélectionné et a estimé que l'efficacité relative du NGCC *Teleost* diminuait à mesure que la longueur augmentait jusqu'à un peu plus de 10 cm, puis augmentait à nouveau pour atteindre des valeurs compatibles avec une efficacité équivalente autour de 28 cm (figure 15b). Les estimations de l'efficacité relative en dessous de 5 cm et au-dessus de 32 cm étaient assez incertaines et des valeurs constantes sont recommandées pour ces tailles. Les résidus du modèle ne présentaient aucune tendance suggérant un ajustement inadéquat (figure 15c).

3.2.10. Hareng de l'Atlantique (*Clupea harengus*)

Les prises normalisées de hareng par les deux navires étaient généralement assez variables et semblaient être d'une ampleur comparable, à l'exception des prises de harengs de 10 à 16 cm, qui constituaient l'un des trois modes de longueur dans les données et qui étaient relativement plus importantes pour le NGCC *Teleost* (figure 15a). Le modèle BB5 a été sélectionné et semble fournir un ajustement adéquat aux données (figures 16b,c). Il a estimé une fonction irrégulière de l'efficacité relative des prises caractérisée par un pic de l'efficacité relative pour le NGCC *Teleost* à 15 cm. Pour les longueurs situées de part et d'autre de ce pic, on estime que le NGCC *Capt. Jacques Cartier* est plus efficace pour capturer le hareng, bien que les intervalles de confiance se chevauchent avec une valeur de 1 pour toutes ces tailles.

3.2.11. Maquereau (*Scomber scombrus*)

Les prises normalisées de maquereau étaient généralement très variables. Le NGCC *Teleost* avait tendance à capturer davantage de poissons, malgré de nombreux cas où le NGCC *Capt. Jacques Cartier* en a pêché un petit nombre, alors que le NGCC *Telesot* avait une prise nulle (figure 20a). Les ajustements des modèles divergeaient considérablement entre les modèles possibles, en particulier ceux qui incluaient des effets aléatoires propres au site (figure 20b). Le CIA privilégiait le modèle BB4 et le CIB, le modèle BB5, mais les prévisions de ces modèles diffèrent considérablement des estimations empiriques. Dans l'ensemble, ces résultats donnent à penser que les données disponibles ne permettent pas d'estimer une fonction de conversion fiable pour le maquereau.

3.2.12. Loup atlantique (*Anarhichas lupus*)

Les prises de loup atlantique ont été peu fréquentes et peu nombreuses lors de la pêche comparative (figure 46). Les estimations de la capturabilité relative pour le nombre et le poids des prises n'étaient pas statistiquement significatives (tableau 10).

3.2.13. Raie épineuse (*Amblyraja radiata*)

Les raies épineuses ont surtout été capturées le long du chenal Laurentien et dans la cuvette du Cap Breton (figure 22a). Le NGCC *Capt. Jacques Cartier* avait tendance à capturer plus de raies épineuses de toutes les tailles. Le modèle BB1, qui a produit un ajustement raisonnable aux données (figures 22b,c), a estimé que le NGCC *Capt. Jacques Cartier* était environ deux fois plus efficace pour capturer la raie épineuse.

Les prises trop peu nombreuses de raies à queue de velours (*Malacoraja senta*) et la prise nulle de raie tachetée (*Leucoraja ocellata*) pendant les expériences de pêche comparative ne permettent pas d'estimer la capturabilité relative entre les deux navires.

3.2.14. Crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*)

Des crabes des neiges ont été systématiquement capturés en plus grand nombre normalisé par le NGCC *Teleost*, avec une apparente dépendance complexe à la taille impliquant des proportions plus grandes des prises pour ce navire aux largeurs de carapace < 40 mm et entre environ 45 mm et 90 mm (figure 41a). Le modèle BB5 a fourni un ajustement solide et apparemment adéquat aux données (figures 41b,c). La fonction d'efficacité relative estimée est multimodale, mais associée à une précision relativement élevée. Elle estime que les très petits crabes des neiges et les individus de 50 à 70 mm sont de 4 à 6 fois plus capturables par le NGCC *Teleost*, alors que les plus grands individus le sont beaucoup plus par le NGCC *Capt. Jacques Cartier*.

3.2.15. Homard d'Amérique (*Homarus americanus*)

Les prises normalisées de homard étaient généralement plus importantes pour le NGCC *Teleost*, mais pas pour les petits homards < 50 mm (figure 43a). Le modèle BB5 a été sélectionné et semble fournir un ajustement adéquat (figures 43b,c). On estime que le NGCC *Teleost* est moins efficace pour capturer les homards de moins de 60 mm, mais plus efficace pour pêcher les homards de plus grande taille, bien que les intervalles de confiance augmentent considérablement en largeur pour les longueurs supérieures à 100 mm.

3.2.16. Autres résultats dignes de mention

Pour l'éperlan, *Osmerus mordax*, les modèles BB1 et BB4 et, dans une moindre mesure, BB5 ont reçu un soutien similaire selon le CIB, mais le CIA ne privilégiait que les modèles BB4 et BB5 (tableau 7). L'efficacité de capture relative d'après le modèle BB4 est présentée sur la figure 18b et indique une plus grande capturabilité par le NGCC *Teleost* pour les longueurs < 15 cm et une capturabilité égale dans les autres cas. Ce modèle offre un ajustement adéquat aux données (figure 18c). Les estimations de ce modèle sont recommandées comme facteurs de conversion.

Comme pour le maquereau, les prédictions des modèles pour le lançon *Ammodytes dubius* différaient considérablement d'un modèle à l'autre en fonction de leurs hypothèses (figure 33b). Il y avait de nombreuses paires de traits dans lesquelles l'espèce a été capturée par un seul des navires, et quatre cas de prises assez importantes réalisées principalement par l'un des deux navires. Il ne semble pas possible d'obtenir un facteur de conversion fiable pour cette espèce avec les données disponibles.

3.2.17. Recommandations pour l'application de facteurs de conversion

Les sous-sections précédentes ont fourni des recommandations sur l'application de facteurs de conversion pour un certain nombre d'espèces d'intérêt. Nous présentons ici un bref résumé des recommandations pour les taxons restants.

D'après les résultats des analyses sans regroupement par longueur, il n'y avait pas de différences statistiquement significatives de capturabilité et donc pas de facteur de conversion pour les taxons suivants :

- Gaspereau, *Alosa pseudoharengus* (figure 17b)
- Petite poule de mer atlantique, *Eumicrotremus spinosus* (figure 32b)
- Encornet nordique, *Illex illecebrosus* (figure 44b)

En revanche, des facteurs de conversion dépendants de la longueur sont recommandés pour les taxons suivants :

- Éperlan, *Osmerus mordax* (figure 18b)
- Capelan, *Mallotus villosus* (figure 19b)
- Motelle à quatre barbillons, *Enchelyopus cimbrius* (figure 21b)
- Faux-triangle armé, *Triglops murrayi*, bien que la fonction dépendante de la longueur pour les longueurs recommandées soit essentiellement constante (figure 26b).
- Poisson-alligator, *Aspidophoroides monoptyerygius* (figure 28b)
- Limaces de mer, *Liparidae sp.* (figure 30b)
- Quatre-lignes atlantique, *Eumesogrammus praecisus* (figure 37b)
- Lompénie naine, *Anisarchus medius* (figure 38b)
- Crabe des marais, *Hyas coarctatus* (figure 40b)

Alors que des conversions indépendantes de la longueur sont recommandées pour :

- Chaboisseau à dix-huit épines, *Myoxocephalus octodecemspinosus* (figure 23b)
- Chaboisseau à épines courtes, *Myoxocephalus scorpius* (figure 24b)

-
- Tricorne arctique, *Gymnocanthus tricuspis* (figure 25b)
 - Hémitriptère atlantique, *Hemitripterus americanus* (figure 27b)
 - Agone atlantique, *Leptagonus decagonus* (figure 29b)
 - Lompe, *Cyclopterus lumpus* (figure 31b)
 - Lycode de Laval, *Lycodes lavalaei* (figure 34b)
 - Lompénie-serpent, *Lumpenus lampretæformis* (figure 35b)
 - Lompénie tachetée, *Leptoclinus maculatus* (figure 36b)
 - Crabe commun, *Cancer irroratus* (figure 39b)
 - Crabe-araignée, *Hyas araneus* (figure 42b)

Pour les taxons qui n'ont fait l'objet que d'analyses avec regroupement par taille, seuls les facteurs de conversion significativement différents d'une valeur de 1 sont recommandés (tableau 10). Dans l'ensemble, les valeurs du tableau 10 et les résultats présentés sur les figures 62 à 112 révèlent une plus grande probabilité de capture d'invertébrés benthiques, notamment ceux qui sont étroitement associés au fond, pour le NGCC *Teleost*. Il y a eu de nombreuses paires de traits dans lesquelles seul le NGCC *Teleost* a capturé les taxons tels que les ascidies (figure 63), *Leptasterias* sp. (figures 82, 83), *Henricia sanguinolenta* (figure 87), les actiniaires (figure 98) et les hydrozoaires (figure 106). On peut déduire de ces résultats que le NGCC *Capt. Jacques Cartier* pêchant avec un chalut NEST pourrait ne pas fournir un relevé fiable de ces taxons. Il convient d'examiner soigneusement les résultats présentés dans le tableau 10 de ce document et les figures associées avant de comparer les résultats des relevés pour les années précédant et suivant le changement de navire et d'engin.

4. DISCUSSION

Dans l'ensemble, les données obtenues en 2021-2022 semblent suffisantes pour tester de manière fiable les différences d'efficacité relative entre les navires et pour estimer les facteurs de conversion et les fonctions de facteurs de conversion dépendantes de la longueur pour les taxons les plus couramment capturés dans le relevé, notamment la plupart des espèces importantes sur le plan commercial. Une pêche comparative supplémentaire améliorerait la précision des estimations, en particulier pour les taxons peu fréquemment capturés ou ceux dont les prises sont variables, mais les avantages semblent faibles par rapport aux coûts financiers et logistiques de l'exercice. La réunion d'examen par les pairs des résultats de ces expériences de pêche comparative a conclu qu'aucune pêche comparative supplémentaire n'était justifiée compte tenu de ces considérations.

On a estimé des conversions dépendantes de la longueur pour 17 espèces et des conversions indépendantes de la longueur pour 11 espèces qui sont régulièrement mesurées pendant le relevé. De manière générale, le NGCC *Capt. Jacques Cartier* pêchant avec le chalut NEST s'est avéré plus efficace pour capturer des poissons de longueur intermédiaire (environ 20 à 35 cm), mais moins efficace pour les très petits poissons (par exemple, ≤ 5 cm) et à peu près aussi efficace pour les poissons plus grands de la plupart des espèces.

Les expériences menées dans le sud du golfe du Saint-Laurent ont suivi un plan de relevé parallèle, qui permet de s'assurer que les capturabilités relatives estimées sont pertinentes pour les conditions de l'habitat dans la zone du relevé. En outre, les analyses des résidus du relevé n'ont déterminé aucun cas significatif où la capturabilité relative était influencée par la profondeur et le moment de la journée, des facteurs clés qui peuvent influencer sur la capturabilité

globale du relevé (p. ex. Benoît et Swain 2003). Ces conditions confirment la fiabilité des estimations du facteur de conversion.

Le NGCC *Capt. Jacques Cartier* pêchant avec un chalut NEST était généralement beaucoup moins efficace pour capturer la plupart des taxons d'invertébrés benthiques. Pour beaucoup d'entre eux, il y a eu de nombreux cas où le NGCC *Teleost* a capturé des individus alors que le NGCC *Capt. Jacques Cartier* n'en pêchait aucun, comme on l'a observé pour la plupart des échinodermes (p. ex. figures 82, 83, 87, 89), toutes les éponges (figures 108 à 112), les hydrozoaires (figure 106) et les actiniaires (figure 98). Bien que les facteurs de conversion estimés en tiennent compte dans une certaine mesure, il est probable que les prises de nombreux invertébrés benthiques seront moins fréquentes avec le nouveau navire et le nouveau chalut. Cela se traduira par une discontinuité dans les données du relevé pour les taxons concernés et il sera difficile de comparer de manière fiable les indices des prises et les propriétés des prises (p. ex. la répartition spatiale et les associations avec des habitats) entre les années où les différents navires ont été utilisés pour le relevé.

5. REMERCIEMENTS

De nombreux membres du personnel de la Direction des sciences du MPO et de la GCC ont participé à la planification et à la mise en œuvre de la pêche comparative dans le sGSL. Nous tenons à remercier Jordan Ouellette-Plante de nous avoir fourni le code Markdown en R qui a grandement simplifié le processus de compilation des nombreuses figures dans le document, ainsi que Paul Regular et Andrea Perreault, qui ont relevé et corrigé une erreur dans le calcul des valeurs du CIA et du CIB dans des analyses antérieures. Nous souhaitons remercier Pablo Vergara, qui nous a aidés à obtenir des données, ainsi que François-Étienne Sylvain, Nicolas Rolland et Daniel Ricard, qui nous ont conseillés pour interpréter les données des expériences de pêche comparative et nous ont fait part de leurs discussions sur les analyses.

6. RÉFÉRENCES CITÉES

- Benoît, H.P., Ouellette-Plante, J., Yin, Y., et Brassard, C. 2022. [Revue du cadre d'évaluation de la morue franche de la division OPANO 3Pn4RS : relevés indépendants de la pêche](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/049. xv + 135 p.
- Benoît, H.P., et Swain, D.P. 2003. Accounting for length and depth-dependent diel variation in catchability of fish and invertebrates in an annual bottom-trawl survey. *ICES J. Mar. Sci.* 60: 1297-1316.
- Brooks, M.E., Kristensen, K., van Benthem, K.J., Magnusson, A., Berg, C.W., Nielsen, A., Skaug, H.J., Mächler, M., et Bolker, B.M. 2017. glmmTMB balances speed and flexibility among packages for zero-inflated generalized linear mixed modeling. *R Journal* 9(2):378-400.
- Cadigan, N.G., Yin, Y., Benoît, H.P., et Walsh, S.J. 2022. A nonparametric-monotone regression model and robust estimation for paired-tow bottom-trawl survey comparative fishing data. *Fish. Res.* 254: 106422.
- Denton, C. M. 2020. Maritimes Region Inshore Lobster Trawl Survey Technical Description. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3376: v + 52 p.
- Dunn, P.K. et Smyth, G.K. 1996. Randomized quantile residuals. *J. Comput. Graph. Stat* 5: 236-244.

-
- Dunn, P.K., et Smyth, G.K. 2005. Series evaluation of Tweedie exponential dispersion model densities. *Statis. Comput.* 15:267-280.
- Green, P.J., et Silverman, B.W. 1993. *Nonparametric regression and generalized linear models.* Chapman and Hall/CRC, 184 p.
- Hartig, F. 2021. DHARMs: Residual diagnostics for hierarchical (multi-level/mixed) regression models. R package version 0.4.1
- Hastie, T., Tibshirani, R. et Friedman, J. 2009. *The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction.* Springer Science and Business Media.
- Hurlbut, T., et Clay, D. 1990. Protocols for research vessel cruises within the Gulf Region (demersal fish) (1970–1987). *Can. Manuscr. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 2082.
- Kristensen, K., Nielsen, A., Berg, C.W., Skaug, H., et Bell, B.M. 2016. TMB: Automatic differentiation and Laplace approximation. *J. Stat. Softw.* 70: 1-21.
- Miller, T.J. 2013. A comparison of hierarchical models for relative catch efficiency based on paired-gear data for US Northwest Atlantic fish stocks. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 70: 1306-1316.
- Miller, T.J., Das, C., Politis, P.J., Miller, A.S., Lucey, S.M., Legault, C.M., Brown, R.W., et Rago, P.J. 2010. Estimation of Albatross IV to Henry B. Bigelow calibration factors. *Fish. Sci. Cent. Ref. Doc.* 10-05; 233 p.
- R Core Team. 2021. *R: A language and environment for statistical computing.* R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Ricard, D., Fishman, D., Rolland, N., Sylvain, F.-E., Turcotte, F. et Vergara, P. 2023. Validation of the paired sets from the comparative fishing experiments conducted between CCGS Teleost and CCGS Capt. Jacques Cartier in the southern Gulf of St. Lawrence, September 2021 and 2022. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3547: v + 274 p.
- Thiess, M.E., Benoit, H., Clark, D.S., Fong, K., Mello, L.G.S., Mowbray, F., Pepin, P., Cadigan, N.G., Miller, T. Thirkell, D. et Wheeland, L. 2018. Proceedings of the National Comparative Trawl Workshop, November 28-30, 2017, Nanaimo, BC. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3254: x + 40 p.
- Thorson, J.T. et Minto, C. 2015. Mixed effects: a unifying framework for statistical modelling in fisheries biology. *ICES J. Mar. Sci.* 72:1245-1256.
- Verbyla, A.P., Cullis, B.R., Kenward, M.G, et Welham, S.J. 1999. The analysis of designed experiments and longitudinal data by using smoothing splines. *J. Roy. Stat. Soc. Ser. C* 48: 269-311.
- Wood, S.N. 2000. Modelling and smoothing parameter estimation with multiple quadratic penalties. *J. Royal. Statist. Soc. Ser. B Stat. Methodol.* 62: 413–428.
- Wood, S.N. 2011. Fast stable restricted maximum likelihood and marginal likelihood estimation of semiparametric generalized linear models. *J. R. Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol.* 73: 3–36.
- Wood, S.N. 2017. *Generalized additive models: An introduction with R*, 2nd ed. Chapman and Hall/CRC Press, 496 p.

Yin, Y. et Benoît, H.P. 2022a. [Réanalyse d'expériences de pêche comparative dans le golfe du Saint-Laurent et autres analyses visant à déterminer les indices de relevés au chalut de fond menés à l'échelle du stock de flétan du Groenland \(*Reinhardtius hippoglossoides*\) des divisions 4RST depuis 1971](#). Secr. can. des avis. sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/002. viii + 48 p.

Yin, Y. et Benoît, H.P. 2022b. A Comprehensive Simulation Study of A Class of Analysis Methods for Paired-Tow Comparative Fishing Experiments. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 3466: vi + 99 p.

7. TABLEAUX

Table 1. Détails sur les paires de traits pertinentes dans la pêche comparative en 2021 et 2022 dans le sud du golfe du Saint-Laurent; les colonnes indiquées par TEL représentent les valeurs pour le NGCC Teleost et celles indiquées par CA représentent les valeurs pour le NGCC Capt. Jacques Cartier. Les heures de début du trait (Heure) sont exprimées en heures décimales, les latitudes et longitudes sont exprimées en degrés décimaux et les valeurs des distances représentent la distance de chalutage pour chaque navire en milles marins. La date est celle du début du trait par le NGCC Teleost et les entrées pour l'heure CA marquées de ¹ indiquent que le trait effectué par le NGCC Capt. Jacques Cartier a commencé la veille avant minuit. Les prises aux stations 53 et 54, pêchées respectivement les 18 et 19 septembre 2022, ont été physiquement combinées par inadvertance à bord du NGCC Capt. Jacques Cartier avant d'avoir été triées. Les données du NGCC Teleost pour ces stations ont été combinées pour l'analyse et les distances de remorquage pour chaque navire ont été additionnées pour les deux stations.

Date	No. Station	TEL Prof. (m)	CA Prof. (m)	TEL Heure	CA Heure	TEL Distance (mn)	CA Distance (mn)	TEL Latitude	TEL Longitude
2021-08-31	91	329	345	14,23	14,28	1,64	1,15	48,397	-62,217
2021-09-01	322	118	127	4,93	23,97 ¹	1,20	1,06	48,159	-61,613
2021-09-01	104	73	83	14,65	14,92	1,75	1,05	48,002	-61,298
2021-09-01	326	60	61	23,45	23,68	1,18	1,00	48,039	-61,619
2021-09-02	59	54	54	13,12	13,45	1,74	1,17	47,883	-62,085
2021-09-02	100	78	77	16,02	16,20	1,42	1,01	48,047	-62,146
2021-09-05	24	141	145	12,03	12,38	1,70	1,01	48,570	-63,665
2021-09-05	23	176	173	14,60	14,65	1,74	1,00	48,525	-63,797
2021-09-05	26	130	130	17,52	17,72	1,47	0,98	48,551	-63,477
2021-09-06	39	27	26	12,97	12,57	1,44	1,07	48,013	-64,291
2021-09-06	197	32	40	16,07	16,22	1,77	1,12	48,034	-64,598
2021-09-07	295	36	42	0,05	22,68 ¹	1,21	1,03	47,771	-65,392
2021-09-08	38	32	36	17,73	17,83	1,75	0,95	47,948	-65,86
2021-09-08	296	35	37	19,50	19,60	1,65	1,00	48,077	-65,759
2021-09-09	30	54	60	9,45	9,48	1,69	1,00	48,212	-64,118
2021-09-09	191	91	97	15,07	15,20	1,74	0,98	48,311	-64,036
2021-09-09	79	86	89	19,67	19,77	1,73	1,10	48,312	-63,345
2021-09-09	80	63	60	22,97	23,00	1,74	1,01	48,386	-63,096
2021-09-10	81	81	82	1,52	1,68	1,80	1,10	48,314	-62,908
2021-09-10	95	95	97	4,53	4,67	1,79	1,07	48,305	-62,747
2021-09-10	96	99	99	10,82	10,90	1,74	1,03	48,093	-62,690
2021-09-10	69	71	74	16,03	16,18	1,80	1,01	47,961	-62,902
2021-09-10	83	74	74	19,07	19,15	1,75	1,05	48,078	-62,816
2021-09-10	82	71	75	20,88	20,97	1,75	1,10	48,204	-62,946
2021-09-11	85	79	81	3,83	3,95	1,80	1,10	47,862	-63,316
2021-09-11	86	83	80	6,48	6,57	1,65	1,03	47,971	-63,677
2021-09-11	87	80	82	9,22	9,38	1,70	1,03	47,841	-63,721
2021-09-11	50	84	89	12,88	12,05	1,75	1,00	47,920	-63,847
2021-09-11	51	73	72	20,83	20,92	1,80	1,05	47,869	-63,917
2021-09-12	53	68	67	1,47	1,57	1,80	1,05	47,734	-64,195

Date	No. Station	TEL Prof. (m)	CA Prof. (m)	TEL Heure	CA Heure	TEL Distance (mn)	CA Distance (mn)	TEL Latitude	TEL Longitude
2021-09-12	40	37	36	3,93	4,03	1,83	1,05	47,794	-64,344
2021-09-12	41	33	32	9,65	9,62	1,70	1,00	47,744	-64,422
2021-09-12	42	27	27	13,05	13,27	1,80	0,88	47,498	-64,615
2021-09-12	43	36	40	15,95	16,00	1,80	0,98	47,332	-64,575
2021-09-12	44	38	39	18,12	18,22	1,80	1,06	47,223	-64,515
2021-09-12	300	30	31	20,77	20,77	1,60	1,07	47,090	-64,560
2021-09-13	58	43	44	0,80	0,92	1,80	1,04	47,242	-64,457
2021-09-13	57	43	43	3,38	3,45	1,80	1,08	47,132	-64,266
2021-09-13	46	40	40	8,03	8,05	1,65	1,02	47,054	-64,214
2021-09-13	207	36	35	14,93	15,03	1,80	0,83	46,967	-64,463
2021-09-13	56	55	56	19,52	19,52	1,60	1,02	47,372	-64,357
2021-09-13	54	65	68	22,13	22,23	1,60	1,08	47,529	-64,184
2021-09-14	55	34	37	4,97	5,22	1,30	1,03	47,225	-63,959
2021-09-14	78	64	64	9,13	7,82	1,70	1,03	47,469	-63,821
2021-09-14	76	71	75	13,33	12,05	1,60	0,92	47,609	-63,574
2021-09-14	70	57	58	23,15	23,20	1,80	1,06	47,634	-62,981
2021-09-15	107	35	34	7,90	8,10	1,70	0,92	47,589	-61,952
2021-09-15	108	36	36	10,75	10,88	1,80	1,02	47,458	-62,078
2021-09-15	63	64	64	14,45	14,57	1,80	1,01	47,314	-62,442
2021-09-15	67	61	62	17,60	17,65	1,70	1,07	47,198	-62,789
2021-09-16	74	71	70	2,53	2,63	1,80	1,07	47,372	-63,200
2021-09-16	75	62	65	5,25	5,38	1,80	1,08	47,279	-63,370
2021-09-16	117	59	57	9,83	9,95	1,70	1,00	47,133	-63,686
2021-09-16	1	26	25	15,40	15,52	1,80	1,00	46,823	-63,906
2021-09-16	118	38	40	17,85	17,93	1,70	1,01	46,860	-63,733
2021-09-16	114	56	58	21,25	21,35	1,70	1,04	46,957	-63,298
2021-09-17	113	64	63	1,08	1,33	1,80	1,05	47,100	-63,149
2021-09-17	111	61	62	5,67	7,08	1,80	1,04	46,853	-62,977
2021-09-17	112	61	63	9,38	9,52	1,70	1,02	46,915	-63,155
2021-09-17	115	46	47	13,07	13,13	1,70	1,00	46,765	-63,357
2021-09-17	2	34	35	17,00	17,08	1,70	1,01	46,532	-63,238
2021-09-17	128	52	53	21,17	21,25	1,70	1,05	46,678	-62,792
2021-09-18	126	64	66	1,00	1,10	1,80	1,04	46,768	-62,533
2021-09-18	121	70	72	9,65	9,77	1,70	0,81	46,748	-62,068
2021-09-18	124	57	58	12,92	12,98	1,65	0,80	46,928	-62,144
2021-09-18	241	51	51	15,82	15,98	1,80	1,00	47,038	-62,012
2021-09-18	352	34	34	21,43	21,13	1,60	1,08	47,118	-61,762
2021-09-19	152	39	36	0,22	0,32	1,30	1,03	47,137	-61,465
2021-09-19	153	36	34	2,98	3,07	1,80	1,05	47,072	-61,474
2021-09-19	143	49	50	5,03	5,15	1,80	1,06	46,930	-61,546
2021-09-19	119	66	73	9,27	9,3	1,70	1,03	46,761	-61,958
2021-09-19	120	65	59	11,87	12,00	1,80	1,00	46,686	-61,882

Date	No. Station	TEL Prof. (m)	CA Prof. (m)	TEL Heure	CA Heure	TEL Distance (mn)	CA Distance (mn)	TEL Latitude	TEL Longitude
2021-09-19	146	63	63	14,15	14,30	1,80	1,00	46,589	-61,666
2021-09-19	145	67	70	20,10	20,03	1,60	1,02	46,705	-61,418
2021-09-19	142	59	61	23,77	23,98	1,70	1,07	46,933	-61,275
2021-09-20	141	54	54	2,85	2,95	1,80	1,08	47,158	-61,204
2021-09-20	160	41	41	5,02	5,18	1,30	1,06	47,323	-61,264
2021-09-20	151	31	32	8,12	8,38	1,70	1,08	47,515	-61,197
2021-09-20	150	32	32	10,83	10,85	1,75	1,06	47,645	-61,170
2021-09-20	156	51	54	14,42	14,57	1,80	1,08	47,546	-60,856
2021-09-20	259	55	55	17,67	17,73	1,70	1,06	47,774	-60,964
2021-09-20	361	101	97	22,10	22,22	1,70	1,07	47,934	-60,941
2021-09-21	172	315	347	0,72	0,95	1,80	1,11	47,980	-60,876
2021-09-21	169	146	159	4,18	4,53	1,80	1,06	47,837	-60,755
2021-09-21	173	325	352	7,33	7,42	1,70	1,00	47,850	-60,620
2021-09-21	155	72	72	10,62	10,73	1,70	1,04	47,708	-60,707
2021-09-21	170	108	103	12,88	13,03	1,90	1,03	47,613	-60,545
2021-09-21	161	61	64	15,22	15,33	1,80	1,07	47,491	-60,661
2021-09-21	174	238	232	18,78	19,33	1,70	1,08	47,490	-60,434
2021-09-21	171	98	111	21,67	21,77	1,70	1,08	47,387	-60,326
2021-09-22	176	299	329	0,83	1,07	1,80	1,08	47,320	-60,181
2021-09-22	175	200	209	4,25	4,43	1,80	1,05	47,230	-60,286
2021-09-22	162	180	184	7,70	7,92	1,70	1,07	47,160	-60,348
2021-09-22	165	175	177	10,45	10,48	1,80	1,05	47,116	-60,556
2021-09-22	164	110	120	13,60	13,88	1,80	1,06	47,259	-60,572
2021-09-22	157	65	67	16,23	16,37	1,80	1,05	47,316	-60,736
2021-09-22	158	80	84	18,57	18,68	1,70	1,06	47,300	-60,831
2021-09-22	261	57	59	20,97	21,08	1,70	1,06	47,308	-61,005
2021-09-22	360	119	126	23,87	0,00	1,80	1,06	47,065	-60,865
2021-09-23	166	102	103	1,95	2,10	1,80	1,06	47,042	-60,963
2021-09-23	253	65	68	4,63	4,75	1,80	1,06	46,874	-61,167
2021-09-23	167	125	126	7,97	8,32	1,70	1,02	46,723	-61,043
2021-09-23	148	70	70	12,02	12,13	1,80	1,05	46,553	-61,228
2021-09-23	149	62	66	14,35	14,50	1,70	1,02	46,465	-61,480
2021-09-23	147	60	62	16,08	16,18	1,80	1,03	46,503	-61,525
2021-09-24	273	31	32	0,22	0,43	1,58	0,83	46,519	-62,574
2021-09-24	244	49	51	3,37	3,60	1,80	1,05	46,578	-62,567
2021-09-24	135	45	46	8,02	8,13	1,70	1,04	46,368	-61,782
2021-09-24	134	54	55	10,23	10,30	1,70	1,05	46,217	-61,758
2021-09-24	133	52	50	12,57	12,68	1,80	1,03	46,079	-61,660
2021-09-24	11	37	38	15,32	15,45	1,80	1,05	45,829	-61,654
2021-09-24	10	31	31	19,52	19,58	1,70	1,01	45,740	-61,598
2021-09-25	8	37	35	1,68	23,33 ¹	1,80	1,02	45,852	-61,805
2021-09-25	132	46	48	6,67	6,72	1,70	1,08	45,999	-61,757

Date	No. Station	TEL Prof. (m)	CA Prof. (m)	TEL Heure	CA Heure	TEL Distance (mn)	CA Distance (mn)	TEL Latitude	TEL Longitude
2021-09-25	136	37	41	9,72	9,87	1,70	1,03	46,096	-62,005
2021-09-25	138	25	26	12,63	12,77	1,79	0,98	46,187	-62,283
2021-09-25	137	43	44	15,18	15,28	1,83	1,05	45,941	-62,104
2021-09-25	139	38	39	17,80	17,93	1,70	1,05	45,883	-62,098
2021-09-25	140	32	32	20,12	20,17	1,70	1,04	45,818	-62,295
2021-09-25	131	28	26	22,62	22,68	1,70	1,05	45,820	-62,371
2021-09-26	130	50	57	1,98	2,27	1,63	1,04	45,928	-62,593
2021-09-26	246	32	30	6,28	6,37	1,70	1,08	45,827	-62,892
2021-09-26	7	22	23	10,00	10,08	1,70	1,06	45,944	-63,352
2021-09-26	4	17	18	14,07	14,10	1,64	1,06	46,115	-63,447
2021-09-26	6	19	18	17,82	17,87	1,70	1,09	46,053	-63,197
2021-09-26	181	23	21	19,85	19,92	1,70	1,09	45,979	-63,170
2021-09-26	340	26	27	22,38	22,47	1,70	1,04	45,939	-63,020
2022-09-17	219	32	33	18,50	18,48	1,77	1,01	48,021	-65,852
2022-09-17	39	52	54	21,53	21,57	1,81	0,99	47,819	-65,449
2022-09-18	37	65	61	0,03	0,08	1,89	1,01	47,883	-65,123
2022-09-18	35	87	87	4,12	4,20	1,76	0,99	48,124	-64,782
2022-09-18	34	92	92	6,55	6,62	1,90	1,01	48,180	-64,592
2022-09-18	31	49	52	9,55	9,58	1,77	1,00	48,184	-64,260
2022-09-18	46	26	26	11,45	11,45	1,63	0,99	48,076	-64,240
2022-09-18	41	29	30	14,58	14,60	1,80	1,00	47,828	-64,429
2022-09-18	316	31	32	17,50	17,55	1,80	1,01	47,582	-64,495
2022-9-18/19	53 + 54	-	-	-	-	3,50	1,90	-	-
2022-09-19	52	52	48	5,12	5,17	1,29	1,00	47,992	-64,043
2022-09-19	308	107	106	8,97	9,03	1,76	1,00	48,286	-64,186
2022-09-19	33	92	91	12,65	12,83	1,84	0,99	48,359	-63,946
2022-09-19	25	119	121	15,70	15,75	1,76	0,99	48,537	-64,018
2022-09-19	29	145	140	19,18	19,20	1,76	1,01	48,620	-63,735
2022-09-19	14	213	205	22,72	22,77	1,62	0,98	48,861	-63,955
2022-09-20	12	325	302	2,12	2,12	1,74	1,00	49,033	-63,984
2022-09-20	13	359	356	6,95	7,08	1,76	0,96	49,112	-63,954
2022-09-21	101	351	355	13,30	13,35	1,80	0,96	48,524	-62,857
2022-09-21	338	103	98	16,58	16,58	1,40	0,97	48,368	-62,783
2022-09-21	102	340	342	19,33	19,37	1,79	0,93	48,419	-62,495
2022-09-21	114	75	73	22,77	22,77	1,26	0,97	48,266	-62,353
2022-09-22	109	115	120	2,62	1,65	1,77	1,00	48,236	-62,026
2022-09-22	121	37	39	8,47	8,53	1,77	1,01	47,572	-62,067
2022-09-22	122	37	36	10,12	10,08	1,75	1,03	47,511	-62,092
2022-09-22	120	34	33	16,12	16,15	1,83	0,99	47,683	-61,743
2022-09-22	117	51	51	17,90	17,95	1,39	0,99	47,834	-61,651
2022-09-22	106	229	240	20,78	20,87	1,80	0,98	48,156	-61,427
2022-09-22	110	102	107	23,58	23,58	1,64	0,99	48,135	-61,657

Date	No. Station	TEL Prof. (m)	CA Prof. (m)	TEL Heure	CA Heure	TEL Distance (mn)	CA Distance (mn)	TEL Latitude	TEL Longitude
2022-09-23	116	69	65	1,98	2,17	1,74	1,00	48,043	-61,836
2022-09-23	103	361	366	9,60	9,65	1,75	0,97	48,417	-62,264
2022-09-25	310	65	58	16,52	16,7	1,78	1,00	47,898	-65,041
2022-09-25	215	79	82	20,72	19,63	1,81	0,99	48,107	-64,598
2022-09-26	306	87	89	1,67	1,60	1,45	0,98	48,222	-63,850
2022-09-27	169	34	37	7,37	7,43	1,72	1,02	47,130	-61,788
2022-09-27	167	36	39	10,38	10,48	1,77	1,00	47,260	-61,463
2022-09-27	166	35	39	15,23	13,43	1,78	0,92	47,477	-61,185
2022-09-27	185	106	102	21,37	21,35	1,77	0,99	47,959	-60,970
2022-09-27	190	269	274	23,60	23,70	1,79	0,97	47,846	-60,675
2022-09-28	186	115	111	3,63	3,80	1,78	1,00	47,543	-60,516
2022-09-28	187	85	90	7,88	7,92	1,76	0,99	47,402	-60,374
2022-09-28	192	230	222	10,20	10,33	1,77	1,02	47,286	-60,248
2022-09-28	288	194	193	12,95	12,93	1,77	0,99	47,233	-60,327
2022-09-28	179	125	116	15,37	15,37	1,61	0,97	47,269	-60,515
2022-09-28	180	168	172	19,68	19,65	1,74	0,99	47,123	-60,614
2022-09-28	181	115	115	22,78	22,78	1,77	0,98	47,077	-60,883
2022-09-30	5	19	24	1,93	2,23	1,71	0,99	45,937	-63,398
2022-09-30	292	19	24	4,48	4,43	1,78	1,04	46,091	-63,394
2022-09-30	143	24	27	8,05	8,02	1,78	1,01	45,957	-63,262
2022-09-30	6	22	28	11,78	11,80	1,37	0,97	45,892	-63,162
2022-09-30	358	27	36	15,07	15,10	1,78	0,99	45,899	-62,783
2022-09-30	155	28	32	18,38	18,43	1,83	1,00	45,871	-62,358

Table 2. Ensemble de modèles binomiaux avec diverses hypothèses pour l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative. Un effet de lissage de la longueur peut être pris en compte et l'effet de la station peut être ajouté à l'ordonnée à l'origine, sans interaction avec l'effet de la longueur, ou ajouté à la fois à l'ordonnée à l'origine et au lisseur pour permettre une interaction entre les deux effets.

Modèle	$\log(\rho)$	Effet de la longueur	Effet de la station
BI0	β_0	constant	non considéré
BI1	$\beta_0 + \delta_{0i}$	constant	ordonnée à l'origine
BI2	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b}$	lissé	non considéré
BI3	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b} + \delta_{0i}$	lissé	ordonnée à l'origine
BI4	$\mathbf{X}_f^T (\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T (\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i)$	lissé	ordonnée à l'origine, lisse

Table 3. Un ensemble de modèles bêta-binomiaux avec diverses hypothèses sur l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative, et l'effet de la longueur sur le paramètre de variance. Un effet de lissage de la longueur peut être pris en compte à la fois dans le facteur de conversion et dans le paramètre de variance. Un possible effet de la station peut être ajouté à l'ordonnée à l'origine, sans interaction avec l'effet de la longueur, ou ajouté à la fois à l'ordonnée à l'origine et au lisseur pour permettre une interaction entre les deux effets.

Modèle	$\log(\rho)$	$\log(\phi)$	Effets de la longueur	Effet de la station
BB0	β_0	γ_0	constant/constant	non considéré
BB1	$\beta_0 + \delta_{0i}$	γ_0	constant/constant	ordonnée à l'origine
BB2	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b}$	γ_0	lissé/constant	non considéré
BB3	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b}$	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}_r^T \mathbf{g}$	lissé/lissé	non considéré
BB4	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b} + \delta_{0i}$	γ_0	lissé/constant	ordonnée à l'origine
BB5	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{X}_r^T \mathbf{b} + \delta_{0i}$	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}_r^T \mathbf{g}$	lissé/lissé	ordonnée à l'origine
BB6	$\mathbf{X}_f^T (\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T (\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i)$	γ_0	lissé/constant	ordonnée à l'origine, lisse
BB7	$\mathbf{X}_f^T (\boldsymbol{\beta}_f + \boldsymbol{\delta}_i) + \mathbf{X}_r^T (\mathbf{b} + \boldsymbol{\epsilon}_i)$	$\mathbf{X}_f^T \boldsymbol{\gamma} + \mathbf{X}_r^T \mathbf{g}$	lissé/lissé	ordonnée à l'origine, lisse

Tableau 4. Groupements taxonomiques utilisés pour les analyses des données de la pêche comparative dans le sGSL. Les codes sont ceux utilisés couramment dans la région du Golfe du MPO, communément appelés codes RVAN.

Taxon	Code du taxon	Groupe de codes
<i>Gadus morhua</i>	10	10, 251
<i>Artediellus sp.</i>	323	323, 306, 880
Liparidae	500	500, 505, 512, 520, 868
Shrimp (Decapoda)	2100	2100 - 2421
<i>Pagurus sp.</i>	2560	2560, 2561, 2562
Polycheatae	3000	3000 - 3104
<i>Aphrodita hastata</i>	3200	3200, 3210
<i>Buccinum sp.</i>	4210	4209, 4210, 4211, 4212
Nudibranchia	4400	4400. 4410
<i>Pycnogonida sp.</i>	5100	5100, 5101, 5102
Ophiuroidea	6200	6200, 6211, 6213
Euryalida	6300	6300, 6310
<i>Strongylocentrotus sp.</i>	6400	6400, 6411
Holothuroidea	6600	6600, 6601, 6611
Scyphozoa	8500	8500, 8511
Porifera	8600	8600-8612, 8614, 8617-8623, 8628-8632, 8637-8699

Table 5. Résumé des prises selon la longueur exclues des analyses sans regroupement par longueur.

Taxon	Longueurs exclues
<i>Clupea harengus</i>	< 5 cm, > 35 cm
<i>Scomber scombrus</i>	< 6 cm
<i>Osmerus mordax</i>	> 25 cm
<i>Cyclopterus lumpus</i>	< 5 cm
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	> 30 cm
<i>Illex illecebrosus</i>	< 10 cm

Tableau 6. Nombre total de paires de traits pertinentes (traits avec au moins une capture) et paires dans lesquelles le taxon a été capturé uniquement par le NGCC Capt. Jacques Cartier ou uniquement par le NGCC Teleost, ainsi qu'une référence au numéro de la figure sur laquelle les résultats sont représentés. Les listes sont classées selon le type d'analyse (sans regroupement par longueur ou avec regroupement par taille) et approximativement selon la taxonomie.

Taxon	Code	Pairs	Cartier seulement	Teleost seulement	Numéro de la figure
Poissons (longueur spécifique)					
<i>Gadus morhua</i>	10	161	19	5	7
<i>Urophycis tenuis</i>	12	56	13	0	8
<i>Sebastes sp.</i>	23	60	23	3	9
<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	30	51	15	24	10
<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	31	43	6	8	11
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	40	167	14	1	12
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	41	40	12	2	13
<i>Limanda ferruginea</i>	42	96	17	6	14
<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	43	70	9	2	15
<i>Clupea harengus</i>	60	86	23	18	16
<i>Alosa pseudoharengus</i>	62	58	12	5	17
<i>Osmerus mordax</i>	63	42	8	4	18
<i>Mallotus villosus</i>	64	102	16	9	19
<i>Scomber scombrus</i>	70	83	34	3	20
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	114	44	17	11	21
<i>Amblyraja radiata</i>	201	57	15	6	22
<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	300	72	31	5	23
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	301	85	46	9	24
<i>Gymnocanthus tricuspis</i>	302	95	57	2	25
<i>Triglops murrayi</i>	304	67	36	6	26
<i>Hemitripterus americanus</i>	320	39	14	7	27

Taxon	Code	Pairs	Cartier seulement	Teleost seulement	Numéro de la figure
<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	323	33	11	13	28
<i>Leptagonus decagonus</i>	340	109	37	16	29
Liparidae	350	38	12	5	30
<i>Cyclopterus lumpus</i>	500	42	19	12	31
<i>Eumicrotremus spinosus</i>	501	32	22	6	32
<i>Ammodytes dubius</i>	502	27	11	7	33
<i>Lycodes lavalaei</i>	610	50	22	8	34
<i>Lumpenus lampretæformis</i>	620	50	22	9	35
<i>Leptoclinus maculatus</i>	622	26	2	14	36
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	623	48	4	21	37
<i>Anisarchus medius</i>	626	47	21	7	38
Crustacés (longueur spécifique)					
<i>Cancer irroratus</i>	2513	43	1	20	39
<i>Hyas coarctatus</i>	2521	121	10	54	40
<i>Chionoecetes opilio</i>	2526	139	7	17	41
<i>Hyas araneus</i>	2527	72	23	29	42
<i>Homarus americanus</i>	2550	63	8	7	43
Calmar (longueur spécifique)					
<i>Illex illecebrosus</i>	4511	71	23	16	44
Analyses agrégées par taille					
Poissons					
<i>Merluccius bilinearis</i>	14	23	6	5	45
<i>Anarhichas lupus</i>	50	17	5	8	46
<i>Alosa sapidissima</i>	61	20	4	9	47
<i>Gadus macrocephalus</i>	118	20	12	4	48
<i>Tautoglabrus adspersus</i>	122	19	6	4	49
<i>Scophthalmus aquosus</i>	143	19	3	1	50
<i>Malacoraja senta</i>	202	22	5	4	51
<i>Myxine limosa</i>	241	15	0	4	52
<i>Icelus spatula</i>	314	15	9	5	53
<i>Arteidiellus sp.</i>	323	33	11	13	54
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	361	19	7	6	55
<i>Nezumia bairdii</i>	410	18	5	0	56
<i>Zoarces americanus</i>	640	20	14	1	57
<i>Arctozenus risso</i>	712	16	5	2	58
Oeufs					
Rajidae eggs	1224	20	1	11	59
Buccinidae eggs	1510	57	13	28	60
Gastropoda eggs	1511	20	6	10	61
Tuniciers et bryozoaires					
Tunicata (s.p.)	1810	57	10	37	62
<i>Ascidia sp.</i>	1821	40	5	34	63

Taxon	Code	Pairs	Cartier seulement	Teleost seulement	Numéro de la figure
<i>Boltenia sp.</i>	1823	105	11	43	64
<i>Halocynthia pyriformis</i>	1827	15	2	10	65
Bryozoa (p.)	1900	60	6	45	66
Crustacés					
Decapod shrimp	2100	171	7	17	67
<i>Anonyx sp.</i>	2833	19	1	15	68
Annélides et polychètes					
Annelida (p.)	3000	94	9	58	69
<i>Aphrodita hastata</i>	3200	20	3	11	70
Mollusques					
<i>Buccinum sp.</i>	4210	55	6	37	71
<i>Neptunea decemcostata</i>	4227	32	4	25	72
<i>Chlamys islandica</i>	4322	24	4	17	73
<i>Ciliatocardium ciliatum</i>	4342	19	6	9	74
<i>Mollusca sp. empty</i>	4348	157	3	56	75
<i>Nudibranchia (o.)</i>	4400	49	10	25	76
<i>Semirossia tenera</i>	4522	18	12	5	77
<i>Bathypolypus arcticus</i>	4524	19	3	7	78
Araignée de mer					
<i>Pycnogonida sp.</i>	5100	27	5	13	79
Échinodermes					
<i>Asterias sp.</i>	6110	38	15	18	80
<i>Asterias rubens</i>	6111	15	9	6	81
<i>Leptasterias (Hexasterias) polaris</i>	6113	58	4	44	82
<i>Leptasterias sp.</i>	6114	15	4	11	83
<i>Ctenodiscus crispatus</i>	6115	31	4	11	84
<i>Hippasteria phrygiana</i>	6117	27	6	11	85
<i>Henricia sp.</i>	6118	24	17	7	86
<i>Henricia sanguinolenta</i>	6119	88	5	58	87
<i>Solaster endeca</i>	6121	41	6	23	88
<i>Crossaster papposus</i>	6123	109	5	26	89
<i>Pteraster militaris</i>	6125	20	4	13	90
Ophiuroidea (c.)	6200	109	12	58	91
Euryalida (f.)	6300	98	10	40	92
<i>Strongylocentrotus sp.</i>	6400	120	3	39	93
Clypeasteroidea (o.)	6500	68	8	27	94
Holothuroidea (c.)	6600	64	9	30	95
<i>Psolus fabricii</i>	6713	21	1	16	96
<i>Psolus phantapus</i>	6715	25	5	17	97
Actinaria					
Actinaria (o.)	8208	41	7	32	98
Anthozoa (c.)	8300	78	33	31	99

Taxon	Code	Pairs	Cartier seulement	Teleost seulement	Numéro de la figure
<i>Stomphia coccinea</i>	8313	22	8	14	100
<i>Pennatulacea sp.</i>	8318	20	5	12	101
<i>Gersemia rubiformis</i>	8324	83	7	44	102
<i>Soft coral unidentified</i>	8327	25	10	11	103
<i>Pseudarchaster parelii</i>	8346	18	0	9	104
<i>Ptilella grandis</i>	8360	20	5	8	105
Hydrozoa (c.)	8400	67	6	58	106
Scyphozoa (c.)	8500	133	38	11	107
Porifères					
Porifera (autres)	8600	75	11	37	108
<i>Suberites ficus</i>	8613	19	3	13	109
<i>Mycale (Mycale) lingua</i>	8616	50	5	32	110
<i>Cladocroce spatula</i>	8627	33	3	25	111
<i>Semisuberites cribrosa</i>	8633	32	5	24	112

Table 7a. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sans regroupement par longueur, d'après les valeurs delta du critère d'information d'Aikaïke (CIA). Les entrées avec "-" indiquent les modèles qui n'ont pas convergé. Le modèle BB7 n'a convergé pour aucun taxon et n'est pas inclus dans le tableau.

Taxon	ΔAIC											
	BI0	BI1	BI2	BI3	BI4	BB0	BB1	BB2	BB3	BB4	BB5	BB6
<i>Gadus morhua</i>	3657	515	2399	161	-	1240	341	837	832	64	0	821
<i>Urophycis tenuis</i>	272	35	272	16	-	87	7	79	69	1	0	-
<i>Sebastes sp.</i>	1024	156	791	43	-	208	66	134	137	0	-	-
<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	31	0	35	4	-	21	1	25	-	5	-	-
<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	18	11	6	0	-	20	-	-	-	-	-	-
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	5376	2665	2588	409	-	-	1357	1049	969	157	0	-
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	69	15	73	18	-	33	0	37	41	4	4	-
<i>Limanda ferruginea</i>	2071	340	1490	75	-	602	186	463	451	6	0	-
<i>P. americanus</i>	2450	852	1624	324	-	394	196	266	227	20	0	-
<i>Clupea harengus</i>	7911	2265	7071	1841	-	669	48	656	620	20	0	-
<i>Alosa pseudoharengus</i>	1138	191	882	94	-	158	10	154	154	0	3	-
<i>Osmerus mordax</i>	1612	337	1451	224	61	153	18	144	147	6	0	-
<i>Mallotus villosus</i>	4800	1589	4498	1308	26	281	94	262	222	77	0	-
<i>Scomber scombrus</i>	4419	680	4202	392	-	425	23	393	390	2	0	-
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	15	13	3	0	-	17	15	-	-	-	-	-
<i>Amblyraja radiata</i>	235	34	210	8	127	124	14	114	118	0	1	-
<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	185	8	160	0	-	68	7	62	66	0	-	-
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	7	2	2	0	-	7	4	4	8	-	-	12
<i>Gymnocanthus tricuspis</i>	28	0	26	4	-	22	2	21	24	5	-	-
<i>Triglops murrayi</i>	36	14	26	0	-	16	11	10	10	0	3	-
<i>Hemitripterus americanus</i>	3	0	6	4	-	2	0	5	-	4	8	-
<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	259	58	191	0	-	128	55	87	89	2	-	-
<i>Leptagonus decagonus</i>	6	0	9	4	-	4	1	7	10	5	-	-
<i>Liparidae sp.</i>	24	22	3	4	-	13	12	0	4	2	5	-
<i>Cyclopterus lumpus</i>	0	2	4	5	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Eumicrotremus spinosus</i>	2	0	5	4	-	2	2	6	10	-	-	-

Taxon	ΔAIC											
	BI0	BI1	BI2	BI3	BI4	BB0	BB1	BB2	BB3	BB4	BB5	BB6
<i>Ammodytes dubius</i>	1931	425	1242	88	-	175	48	166	169	1	0	-
<i>Lycodes lavalaei</i>	89	5	54	4	-	64	1	42	46	0	4	-
<i>Lumpenus lampretaeformis</i>	7	8	3	0	-	8	9	3	-	-	-	-
<i>Leptoclinus maculatus</i>	189	123	144	54	-	6	0	4	4	3	-	-
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	304	16	277	0	-	116	13	111	113	1	-	119
<i>Anisarchus medius</i>	347	19	342	0	-	72	11	75	76	0	-	-
<i>Cancer irroratus</i>	195	1	198	0	-	166	3	169	168	2	-	-
<i>Hyas coarctatus</i>	580	43	524	16	-	265	23	216	215	1	0	-
<i>Chionoecetes opilio</i>	1913	1062	896	232	-	1006	618	409	333	41	0	-
<i>Hyas araneus</i>	170	21	159	22	-	51	0	53	55	3	6	-
<i>Homarus americanus</i>	2542	567	2316	315	-	1011	253	890	874	71	0	-
<i>Illex illecebrosus</i>	80	0	81	4	-	23	1	26	29	5	9	-

Table 8b. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux sans regroupement par longueur, d'après les valeurs delta du critère d'information de Bayes (CIB). Les entrées avec "-" indiquent les modèles qui n'ont pas convergé. Le modèle BB7 n'a convergé pour aucun taxon et n'est pas inclus dans le tableau.

Taxon	ΔBIC											
	BI0	BI1	BI2	BI3	BI4	BB0	BB1	BB2	BB3	BB4	BB5	BB6
<i>Gadus morhua</i>	3612	478	2370	138	-	1203	312	815	825	49	0	828
<i>Urophycis tenuis</i>	250	20	265	17	-	73	0	79	84	9	23	-
<i>Sebastes sp.</i>	997	136	778	36	-	187	52	127	144	0	-	-
<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	23	0	44	20	-	21	9	42	-	30	-	-
<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	0	1	3	4	-	9	-	-	-	-	-	-
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	5332	2628	2559	388	-	-	1328	1027	962	143	0	-
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	56	8	73	25	-	26	0	44	61	18	31	-
<i>Limanda ferruginea</i>	2038	314	1471	62	-	576	167	450	452	0	8	-
<i>P. americanus</i>	2408	817	1596	304	-	360	168	245	220	6	0	-
<i>Clupea harengus</i>	7867	2229	7043	1819	-	633	19	634	613	6	0	-
<i>Alosa pseudoharengus</i>	1116	174	872	90	-	141	0	151	163	3	19	-
<i>Osmerus mordax</i>	1581	313	1433	213	68	129	0	132	148	1	7	-

Taxon	ΔBIC											
	BI0	BI1	BI2	BI3	BI4	BB0	BB1	BB2	BB3	BB4	BB5	BB6
<i>Mallotus villosus</i>	4765	1560	4474	1290	26	251	70	244	216	65	0	-
<i>Scomber scombrus</i>	4392	659	4187	383	-	404	8	385	394	0	10	-
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	0	4	0	4	-	8	12	-	-	-	-	-
<i>Amblyraja radiata</i>	206	13	196	1	142	102	0	107	125	0	16	-
<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	169	0	159	5	-	60	5	67	84	12	-	-
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	0	2	9	14	-	7	11	17	35	-	-	53
<i>Gymnocanthus tricuspis</i>	21	0	33	17	-	22	8	34	50	25	-	-
<i>Triglops murrayi</i>	19	2	20	0	-	4	6	10	21	6	21	-
<i>Hemitripterus americanus</i>	0	4	18	22	-	6	12	23	-	29	47	-
<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	241	46	186	0	-	116	49	87	101	7	-	-
<i>Leptagonus decagonus</i>	0	1	16	17	-	4	8	21	35	24	-	-
<i>Liparidae sp.</i>	7	12	0	7	-	3	9	3	20	12	29	-
<i>Cyclopterus lumpus</i>	0	7	15	22	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Eumicrotremus spinosus</i>	0	4	14	18	-	6	11	21	36	-	-	-
<i>Ammodytes dubius</i>	1905	405	1229	81	-	156	35	159	174	0	11	-
<i>Lycodes lavalaei</i>	76	0	56	13	-	59	3	51	70	17	35	-
<i>Lumpenus lamprataeformis</i>	0	7	8	12	-	7	15	15	-	-	-	-
<i>Leptoclinus maculatus</i>	177	116	144	59	-	0	3	14	25	16	23	-
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	286	4	271	0	-	104	7	111	125	7	-	144
<i>Anisarchus medius</i>	329	7	336	0	-	60	5	75	88	6	-	-
<i>Cancer irroratus</i>	187	0	205	15	-	165	10	184	199	25	-	-
<i>Hyas coarctatus</i>	549	20	508	7	-	241	6	207	222	0	14	-
<i>Chionoecetes opilio</i>	1864	1021	863	208	-	965	585	385	325	25	0	-
<i>Hyas araneus</i>	155	13	159	29	-	43	0	61	78	18	36	-
<i>Homarus americanus</i>	2492	526	2283	290	-	969	220	865	865	54	0	-
<i>Illex illecebrosus</i>	74	0	87	16	-	23	7	38	53	23	38	-

Tableau 8. Valeurs de *P* associées aux tests pour un effet lisse de la profondeur, un effet lisse de l'heure et un effet fixe du jour sur les quantiles des résidus normalisés du meilleur modèle sélectionné sans regroupement par longueur. Les valeurs < 0,01 sont indiquées en caractères gras.

Taxon	s(profondeur)	s(heure)	jour
<i>Gadus morhua</i>	0,468	0,612	0,627
<i>Urophycis tenuis</i>	0,886	0,698	0,758
<i>Sebastes sp.</i>	0,829	0,800	0,368
<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	0,488	0,156	0,029
<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	0,305	0,962	0,719
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	0,657	0,050	0,007
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	0,136	0,503	0,134
<i>Limanda ferruginea</i>	0,793	0,782	0,779
<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	0,339	0,550	0,531
<i>Clupea harengus</i>	0,739	0,628	0,593
<i>Alosa pseudoharengus</i>	0,663	0,715	0,312
<i>Osmerus mordax</i>	0,348	0,864	0,540
<i>Mallotus villosus</i>	0,572	0,769	0,960
<i>Scomber scombrus</i>	0,346	0,160	0,128
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	0,021	0,139	0,340
<i>Amblyraja radiata</i>	0,330	0,383	0,107
<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	0,312	0,980	0,225
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	0,405	0,782	0,377
<i>Gymnocanthus tricuspis</i>	0,064	0,410	0,566
<i>Triglops murrayi</i>	0,926	0,188	0,039
<i>Hemitripterus americanus</i>	0,545	0,326	0,748
<i>Aspidophoroides monoptyerygius</i>	0,326	0,655	0,505
<i>Leptagonus decagonus</i>	0,406	0,413	0,560
Liparidae	0,117	0,653	0,768
<i>Cyclopterus lumpus</i>	0,910	0,185	0,945
<i>Eumicrotremus spinosus</i>	0,906	0,205	0,650
<i>Ammodytes dubius</i>	0,408	0,615	0,574
<i>Lycodes lavalaei</i>	0,088	0,169	0,572
<i>Lumpenus lampretaeformis</i>	0,493	0,559	0,279
<i>Leptoclinus maculatus</i>	0,416	0,609	0,639
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	0,724	0,475	0,735
<i>Anisarchus medius</i>	0,346	0,423	0,821
<i>Cancer irroratus</i>	0,017	0,102	0,486
<i>Hyas coarctatus</i>	0,830	0,860	0,905
<i>Chionoecetes opilio</i>	0,830	0,890	0,440
<i>Hyas araneus</i>	0,931	0,798	0,738
<i>Homarus americanus</i>	0,406	0,827	0,312
<i>Illex illecebrosus</i>	0,468	0,612	0,627

Tableau 9. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux avec regroupement par taille pour les nombres de prises d'après les valeurs du critère d'information d'Aikake (CIA) et du critère d'information de Bayes (CIB), et estimations du facteur de conversion Rho, avec les intervalles de confiance approximatifs à 95 %, pour les prises en nombre et en poids des taxons pour lesquels des analyses sans regroupement par longueur ont également été entreprises. Rappelons qu'un seul modèle a été utilisé pour les poids des prises et que les valeurs du CIA et du CIB ne sont donc pas indiquées.

Taxon	AIC			BIC			Rho (nombres)	Rho (poids)
	BI1	BB0	BB1	BI1	BB0	BB1		
<i>Gadus morhua</i>	1158	1157	1159	1164	1163	1168	0,26 (0,22-0,31)	0,29 (0,25-0,34)
<i>Urophycis tenuis</i>	280	278	280	284	282	286	0,28 (0,22-0,35)	0,31 (0,27-0,36)
<i>Sebastes sp.</i>	426	422	424	430	426	430	0,27 (0,20-0,36)	0,46 (0,39-0,55)
<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	115	114	116	119	118	122	0,93 (0,58-1,48)	0,97 (0,51-1,87)
<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	149	148	150	152	152	156	0,66 (0,51-0,85)	0,78 (0,58-1,06)
<i>Hippoglossoides platessoides</i>	1523	1512	1506	1529	1518	1515	0,20 (0,17-0,24)	0,28 (0,26-0,31)
<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	164	163	165	168	167	170	0,39 (0,28-0,56)	0,58 (0,46-0,73)
<i>Limanda ferruginea</i>	707	701	702	712	706	709	0,42 (0,34-0,52)	0,44 (0,38-0,50)
<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	611	612	614	616	616	620	0,30 (0,24-0,38)	0,40 (0,36-0,44)
<i>Clupea harengus</i>	566	559	560	571	563	568	0,51 (0,38-0,70)	0,57 (0,39-0,83)
<i>Alosa pseudoharengus</i>	409	404	406	413	408	412	0,74 (0,54-1,02)	0,77 (0,61-0,97)
<i>Osmerus mordax</i>	401	397	398	404	401	404	0,65 (0,44-0,95)	0,79 (0,62-1,00)
<i>Mallotus villosus</i>	864	852	852	870	857	860	0,50 (0,39-0,63)	0,43 (0,36-0,52)
<i>Scomber scombrus</i>	542	540	542	547	545	550	0,40 (0,29-0,56)	1,41 (1,01-1,96)
<i>Enchelyopus cimbrius</i>	126	124	126	129	128	132	0,36 (0,23-0,56)	0,21 (0,15-0,29)
<i>Amblyraja radiata</i>	263	261	263	267	265	269	0,35 (0,25-0,49)	0,29 (0,22-0,39)
<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	266	267	269	271	271	275	0,14 (0,09-0,21)	0,19 (0,15-0,25)
<i>Myoxocephalus scorpius</i>	175	175	177	180	180	184	0,20 (0,15-0,28)	0,25 (0,19-0,33)
<i>Gymnocanthus tricuspis</i>	220	220	222	225	225	230	0,06 (0,04-0,10)	0,10 (0,08-0,12)
<i>Triglops murrayi</i>	176	178	180	181	183	187	0,08 (0,04-0,14)	0,08 (0,06-0,11)
<i>Hemitripterus americanus</i>	102	102	104	105	105	109	0,31 (0,21-0,46)	0,27 (0,18-0,38)
<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	411	413	415	416	419	423	0,13 (0,09-0,20)	0,12 (0,10-0,15)
<i>Leptagonus decagonus</i>	115	115	117	118	118	122	0,31 (0,21-0,44)	0,31 (0,23-0,41)
Liparidae	102	101	103	105	104	108	0,40 (0,25-0,66)	0,13 (0,06-0,32)
<i>Cyclopterus lumpus</i>	50	49	51	52	52	56	0,18 (0,09-0,37)	0,15 (0,08-0,29)
<i>Eumicrotremus spinosus</i>	65	65	67	68	67	71	0,49 (0,28-0,86)	0,55 (0,33-0,92)
<i>Ammodytes dubius</i>	207	202	204	210	206	210	0,39 (0,25-0,62)	1,24 (0,59-2,63)
<i>Lycodes lavalaei</i>	167	165	167	171	169	173	0,34 (0,22-0,53)	0,30 (0,21-0,42)
<i>Lumpenus lampretæformis</i>	53	53	55	56	56	59	1,70 (0,86-3,37)	1,17 (0,78-1,74)
<i>Leptoclinus maculatus</i>	164	163	165	168	167	170	3,47 (2,29-5,25)	3,12 (2,38-4,09)
<i>Eumesogrammus praecisus</i>	166	166	168	170	169	173	0,27 (0,17-0,45)	0,20 (0,12-0,31)
<i>Anisarchus medius</i>	151	149	151	153	151	155	1,26 (0,70-2,26)	1,86 (1,21-2,85)
<i>Cancer irroratus</i>	151	150	152	155	154	157	1,83 (1,15-2,92)	1,69 (1,08-2,64)
<i>Hyas coarctatus</i>	435	431	433	441	437	441	2,15 (1,63-2,83)	3,11 (2,3-4,20)
<i>Chionoecetes opilio</i>	925	914	913	930	920	922	1,31 (1,11-1,54)	0,95 (0,83-1,08)
<i>Hyas araneus</i>	199	195	197	204	200	204	0,92 (0,61-1,39)	1,35 (0,87-2,09)
<i>Homarus americanus</i>	622	620	622	627	624	628	0,67 (0,53-0,84)	0,76 (0,65-0,89)

Taxon	AIC			BIC			Rho (nombres)	Rho (poids)
	BI1	BB0	BB1	BI1	BB0	BB1		
<i>Illex illecebrosus</i>	197	195	197	201	199	203	0,51 (0,37-0,70)	0,61 (0,45-0,81)

Tableau 10. Preuve relative pour les modèles binomiaux et bêta-binomiaux avec regroupement par taille pour les nombres de prises d'après les valeurs du critère d'information d'Aikake (CIA) et du critère d'information de Bayes (CIB), et estimations du facteur de conversion Rho, avec les intervalles de confiance approximatifs à 95 %, pour les prises en nombre et en poids des taxons pour lesquels seules des analyses avec regroupement par taille ont également été entreprises. Rappelons qu'un seul modèle a été utilisé pour les poids des prises et que les valeurs du CIA et du CIB ne sont donc pas indiquées. Les entrées avec "NC" indiquent les modèles qui n'ont pas convergé.

Taxon	AIC			BIC			Rho (nombres)	Rho (poids)
	BI1	BB0	BB1	BI1	BB0	BB1		
<i>Merluccius bilinearis</i>	61	61	63	63	63	66	0,38 (0,24-0,61)	0,45 (0,28-0,73)
<i>Anarhichas lupus</i>	42	42	44	43	43	46	0,96 (0,43-2,11)	1,05 (0,43-2,55)
<i>Alosa sapidissima</i>	63	62	64	65	64	67	1,31 (0,61-2,84)	4,24 (1,86-9,70)
<i>Gadus macrocephalus</i>	45	46	48	47	48	51	0,04 (0,00-0,64)	0,19 (0,09-0,38)
<i>Tautoglabrus adspersus</i>	80	80	82	82	82	85	0,16 (0,04-0,65)	0,18 (0,09-0,39)
<i>Scophthalmus aquosus</i>	124	124	126	126	126	129	0,24 (0,19-0,03)	0,30 (0,26-0,35)
<i>Malacoraja senta</i>	64	64	66	67	67	70	0,26 (0,18-0,38)	0,24 (0,15-0,38)
<i>Myxine limosa</i>	51	51	NC	52	52	NC	0,58 (0,40-0,85)	0,50 (0,39-0,63)
<i>Artediellus sp.</i>	92	90	92	95	93	96	0,70 (0,38-1,28)	0,51 (0,31-0,82)
<i>Icelus spatula</i>	28	30	32	29	31	34	0 (0,00-0,04)	0,15 (0,05-0,45)
<i>Gasterosteus aculeatus</i>	70	70	72	72	72	75	0,65 (0,35-1,23)	0,26 (0,14-0,47)
<i>Nezumia bairdii</i>	75	75	77	77	77	80	0,07 (0,05-0,10)	0,07 (0,05-0,10)
<i>Zoarces americanus</i>	34	34	36	36	36	39	0,10 (0,04-0,24)	0,06 (0,03-0,13)
<i>Arctozenus risso</i>	53	53	55	55	54	57	0,58 (0,32-1,04)	0,57 (0,38-0,87)
Rajidae eggs	-	-	-	-	-	-	-	1,05 (0,61-1,83)
Buccinidae eggs	-	-	-	-	-	-	-	1,56 (0,90-2,71)
Gastropoda eggs	-	-	-	-	-	-	-	0,70 (0,36-1,34)
Tunicata (s.p.)	-	-	-	-	-	-	-	1,63 (0,86-3,12)
Ascidia	-	-	-	-	-	-	-	10,55 (4,50-24,74)
Boltenia sp.	-	-	-	-	-	-	-	1,69 (1,28-2,21)
<i>Halocynthia pyriformis</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,21 (0,72-6,71)
Bryozoa (p.)	-	-	-	-	-	-	-	11,56 (7,54-17,7)
Decapod shrimp	-	-	-	-	-	-	-	0,52 (0,46-0,60)
<i>Anonyx sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,36 (1,86-6,08)
Annelida (p.)	-	-	-	-	-	-	-	2,05 (1,48-2,83)
<i>Aphrodita hastata</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,76 (2,19-6,48)
<i>Buccinum sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	5,24 (3,56-7,72)
<i>Neptunea decemcostata</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,27 (1,66-6,43)
<i>Chlamys islandica</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,53 (1,16-10,76)
<i>Ciliatocardium ciliatum</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,58 (0,22-1,56)
Mollusca sp. empty	-	-	-	-	-	-	-	2,98 (2,38-3,74)
Nudibranchia (o.)	-	-	-	-	-	-	-	1,12 (0,77-1,64)
<i>Semirossia tenera</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,19 (0,08-0,46)

Taxon	AIC			BIC			Rho (nombres)	Rho (poids)
	B11	BB0	BB1	B11	BB0	BB1		
<i>Bathypolypus arcticus</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,38 (0,78-2,42)
Pycnogonida	-	-	-	-	-	-	-	0,87 (0,53-1,43)
<i>Asterias sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,49 (0,17-1,41)
<i>Asterias rubens</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,68 (0,09-4,95)
<i>Leptasterias</i> (<i>Hexasterias</i>) <i>polaris</i>	-	-	-	-	-	-	-	5,66 (3,13-10,23)
<i>Leptasterias sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	13,97 (1,93-101,35)
<i>Ctenodiscus crispatus</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,97 (0,67-1,41)
<i>Hippasteria phrygiana</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,87 (1,02-3,44)
<i>Henricia sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,26 (0,10-0,69)
<i>Henricia sanguinolenta</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,45 (1,72-3,49)
<i>Solaster endeca</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,76 (0,85-3,65)
<i>Crossaster papposus</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,82 (1,43-2,31)
<i>Pteraster militaris</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,12 (0,46-2,73)
Ophiuroidea (c.)	-	-	-	-	-	-	-	3,38 (2,51-4,55)
Euryalida (f.)	-	-	-	-	-	-	-	1,45 (1,12-1,88)
<i>Strongylocentrotus sp.</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,17 (2,49-4,03)
Clypeasteroidea (o.)	-	-	-	-	-	-	-	1,41 (0,99-2,01)
Holothuroidea (c.)	-	-	-	-	-	-	-	1,67 (1,15-2,44)
<i>Psolus fabricii</i>	-	-	-	-	-	-	-	8,73 (3,95-19,3)
<i>Psolus phantapus</i>	-	-	-	-	-	-	-	1,66 (0,70-3,95)
Actiniaria (o.)	-	-	-	-	-	-	-	4,04 (1,60-10,23)
Anthozoa (c.)	-	-	-	-	-	-	-	0,71 (0,42-1,20)
<i>Stomphia coccinea</i>	-	-	-	-	-	-	-	0,70 (0,26-1,90)
Pennatulacea	-	-	-	-	-	-	-	5,30 (2,27-12,35)
<i>Gersemia rubiformis</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,40 (1,63-3,53)
Soft coral unidentified	-	-	-	-	-	-	-	0,76 (0,27-2,11)
<i>Pseudarchaster parelii</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,98 (2,27-7)
<i>Ptilella grandis</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,66 (1,47-4,79)
Hydrozoa (c.)	-	-	-	-	-	-	-	16,93 (9,94-28,86)
Scyphozoa (c.)	-	-	-	-	-	-	-	0,25 (0,21-0,31)
Porifera (other)	-	-	-	-	-	-	-	1,98 (1,16-3,37)
<i>Suberites ficus</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,30 (0,82-6,44)
<i>Mycale (Mycale) lingua</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,32 (1,20-4,48)
<i>Cladocroce spatula</i>	-	-	-	-	-	-	-	3,36 (1,74-6,49)
<i>Semisuberites cribrosa</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,40 (0,97-5,97)

8. FIGURES

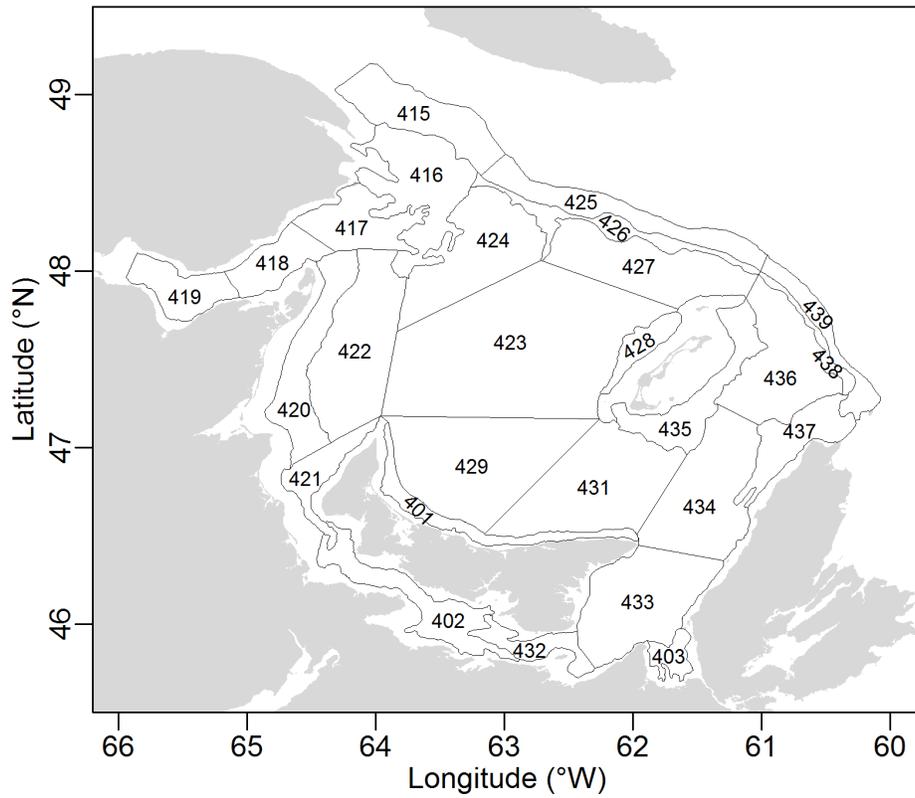


Figure 1. Plan de stratification pour le relevé plurispécifique au chalut de fond dans le sud du golfe du Saint-Laurent.

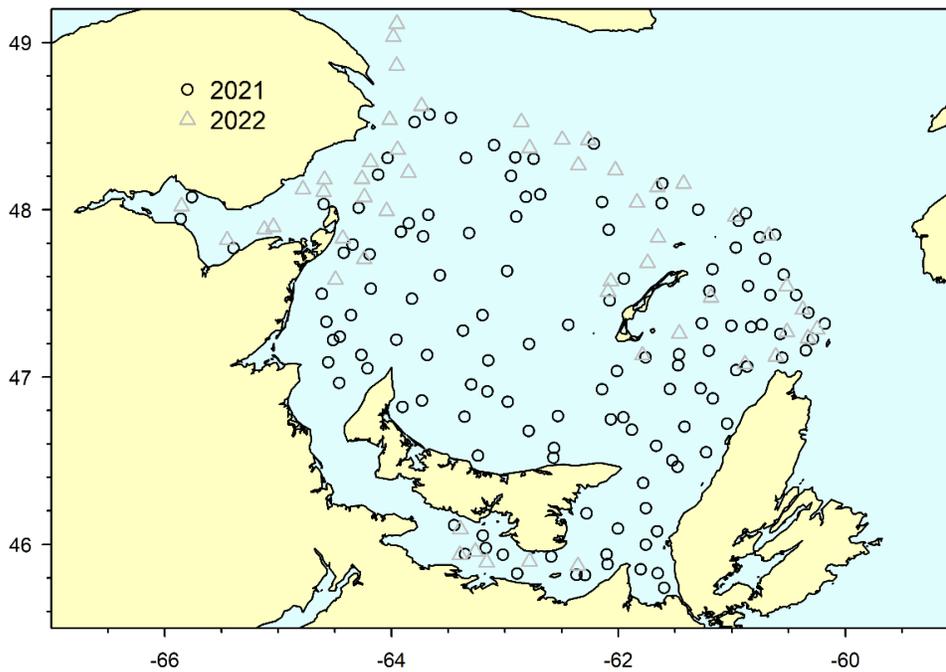


Figure 2. Emplacement des paires de traits comparatives pêchées en 2021 et en 2022.

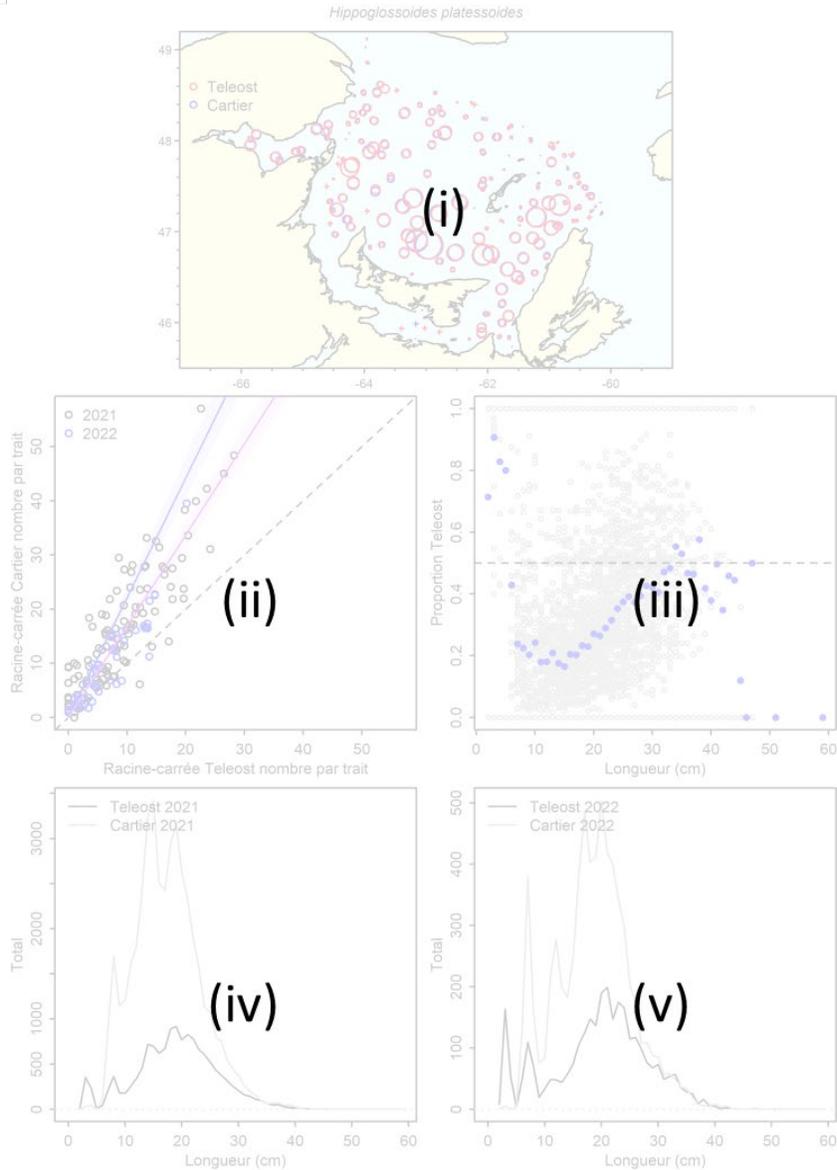


Figure 3. Interprétation du premier des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (i) Présente une carte des prises effectuées par le NGCC Teleost (cercles rouges) et par le NGCC Capt. Jacques Cartier (cercles bleus) dans les traits de pêche comparative; la taille des cercles est proportionnelle à la racine carrée du nombre de prises et les prises nulles sont indiquées par un signe +. (ii) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises par le NGCC Capt. Jacques Cartier par rapport à la racine carrée du nombre de prises par le NGCC Teleost; la ligne bleue et l'intervalle ombré représentent la conversion estimée et l'IC à 95 % approximatif du meilleur modèle avec regroupement par longueur et la ligne violette montre la conversion indépendante de la longueur estimée et l'IC à 95 % approximatif du meilleur modèle fondé sur les longueurs. (iii) Tracé de la proportion empirique de la prise totale d'une paire réalisée par le NGCC Teleost en fonction de la longueur pour chaque paire de traits (points gris) et en moyenne pour les paires de traits dans chaque tranche de longueur (points bleus). (iv) Fréquences de longueur totales pour les prises du NGCC Teleost (ligne noire) et du NGCC Capt. Jacques Cartier (ligne grise) en 2021. (v) Identique au point (iv), mais pour 2022.

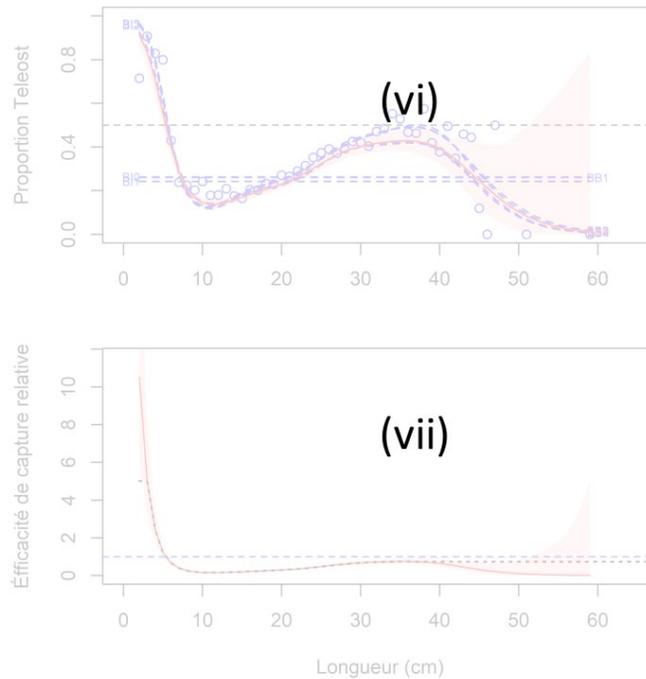


Figure 4. Interprétation du deuxième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (vi) Estimation des fonctions de la proportion de la prise propre à la longueur, $\text{logit}(p_{Ai}(l))$, pour chaque modèle convergent; le modèle sélectionné est représenté par une ligne rouge avec son IC approximatif à 95 % (zone ombrée), ainsi que la proportion empirique moyenne propre à la classe de longueur de la prise totale d'une paire réalisée par le NGCC Teleost (points bleus). (vii) Estimation de la fonction de l'efficacité de capture relative (facteur de conversion) du meilleur modèle (avec l'IC à 95 %). La ligne bleue horizontale tiretée indique l'efficacité équivalente entre les navires et la ligne noire pointillée représente la fonction d'efficacité de capture relative qui suppose une efficacité constante pour les petites et les grandes tailles.

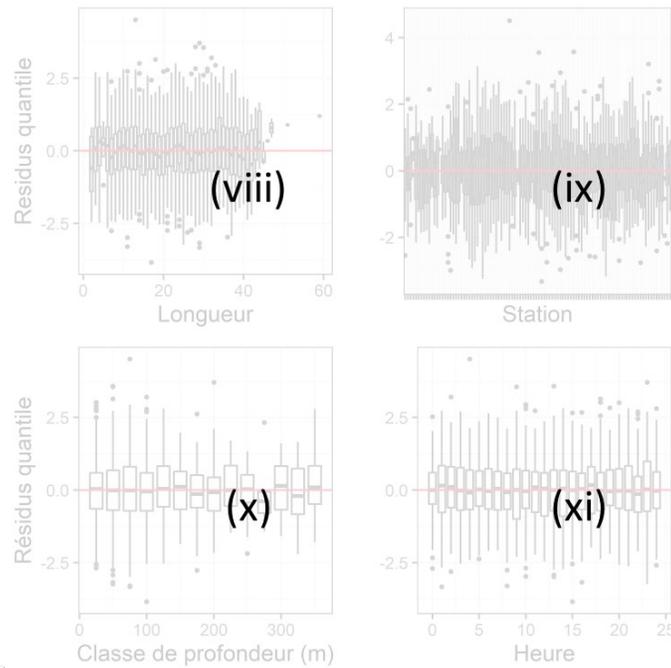


Figure 5. Interprétation du troisième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. Diagramme en boîte des quantiles des résidus normalisés en tant que fonction de : (viii) la longueur, (ix) la station, (x) la classe de profondeur et (xi) l'heure.

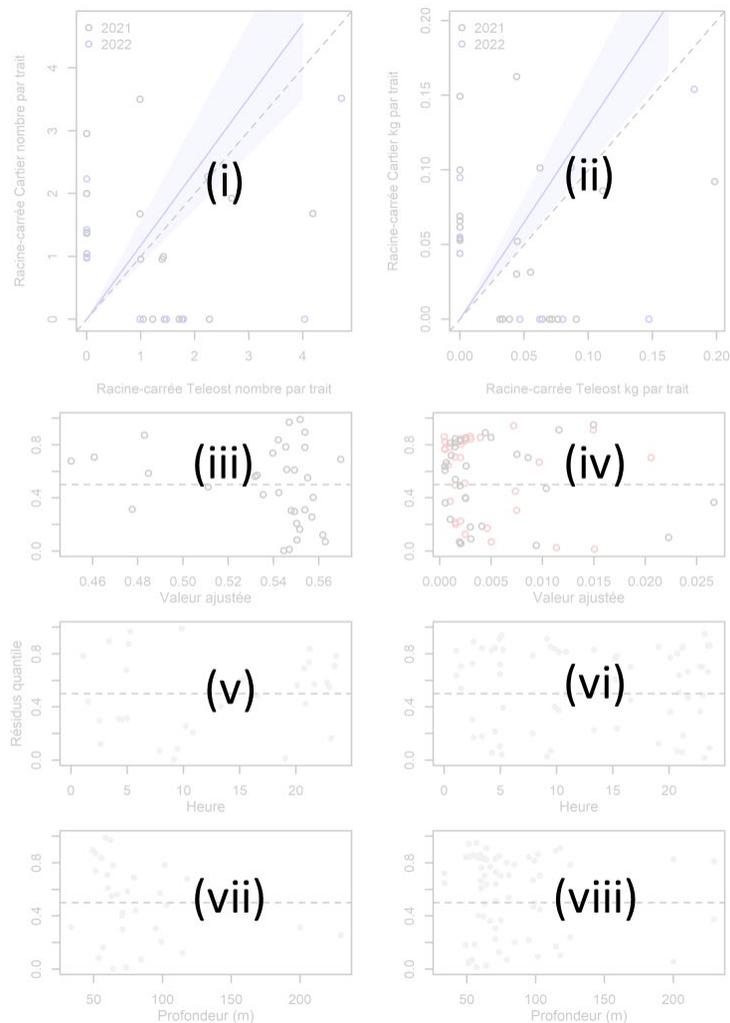


Figure 6. Interprétation des figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses avec regroupement par taille. (i) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises par le NGCC Capt. Jacques Cartier par rapport à la racine carrée du nombre de prises par le NGCC Teleost; la ligne bleue et l'intervalle ombré représentent la conversion estimée et l'IC à 95 % approximatif du meilleur modèle avec regroupement par taille et les paires réalisées en 2021 et 2022 sont représentées par des couleurs différentes. (ii) Comme pour le panneau (i), mais pour les poids des prises. Les quantiles des résidus de l'analyse des nombres de prises sont représentés en tant que fonction (iii) des valeurs ajustées, (v) de l'heure et (vii) de la profondeur de la calée jumelée; les valeurs sont colorées selon le même système que dans le panneau (i). De même, les quantiles des résidus de l'analyse des poids des prises sont représentés en tant que fonction (iv) des valeurs ajustées, les valeurs pour le NGCC Teleost étant représentées par des cercles rouges et celles pour le NGCC Capt. Jacques Cartier par des cercles noirs, (vi) de l'heure et (viii) de la profondeur de la calée jumelée, les valeurs étant à nouveau colorées selon le même système que dans le panneau (i). Notez que pour les taxons qui ne sont pas mesurés, seuls les panneaux (ii), (iv), (vi) et (viii) sont présentés.

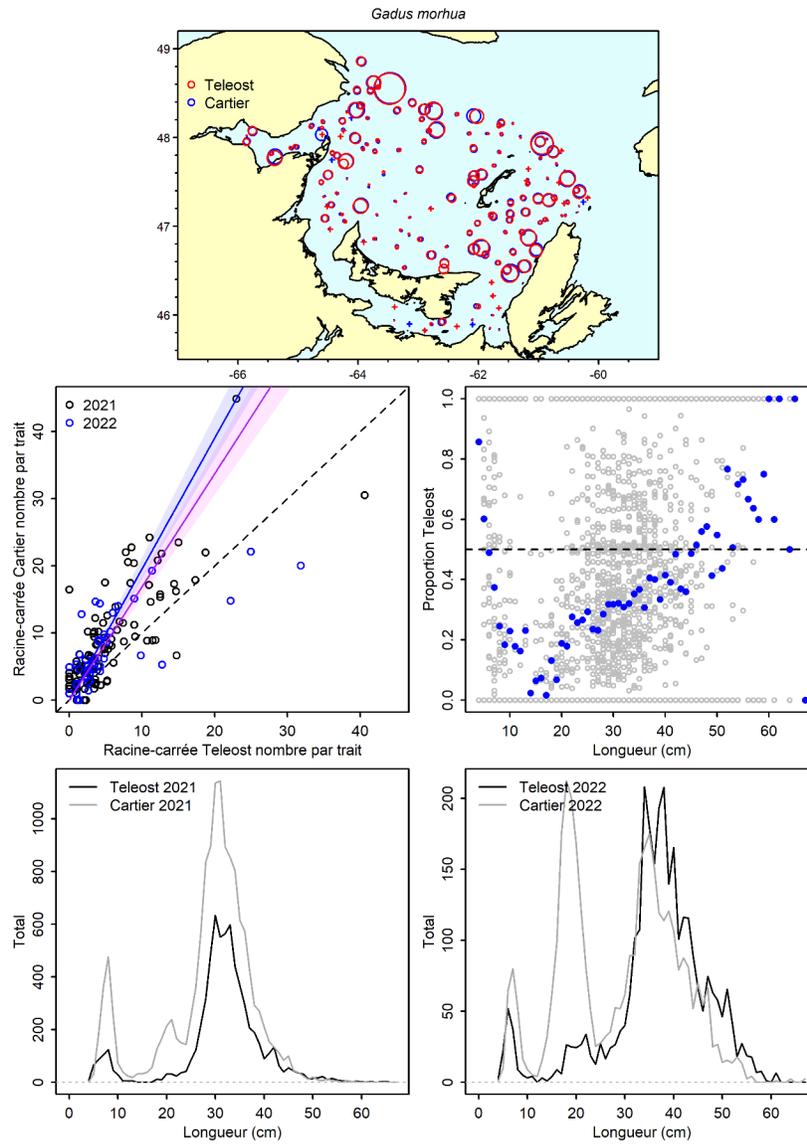


Figure 7a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Gadus morhua*.

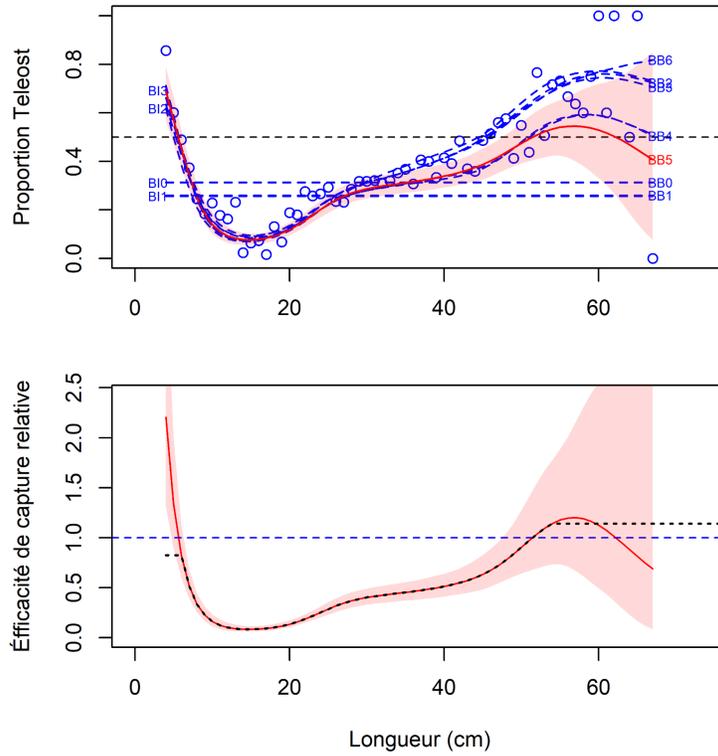


Figure 7b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Gadus morhua*.

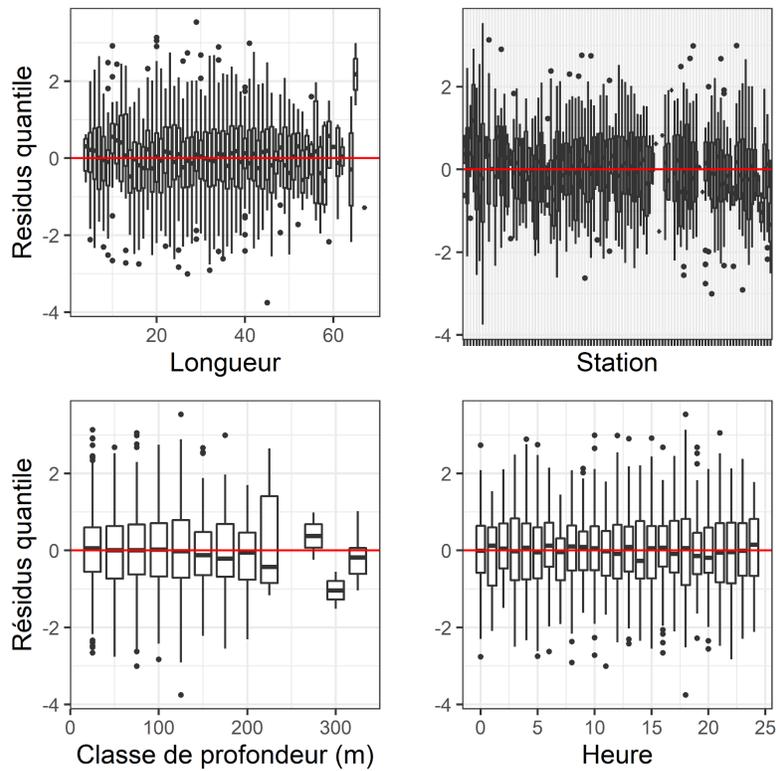


Figure 7c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Gadus morhua*.

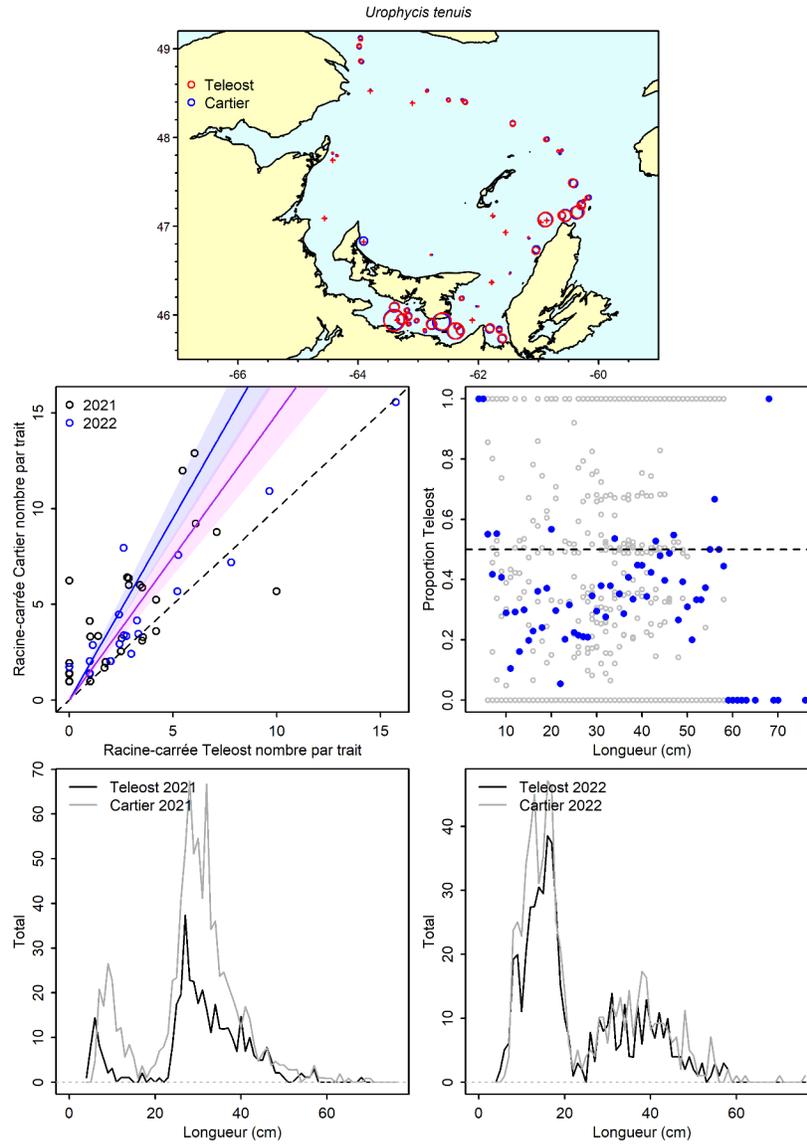


Figure 8a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis tenuis*.

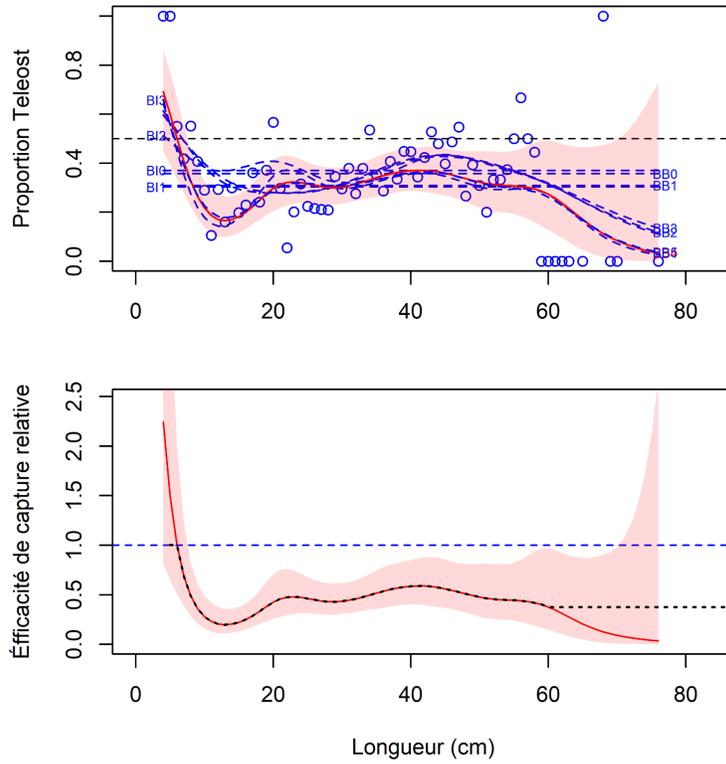


Figure 8b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis tenuis*.

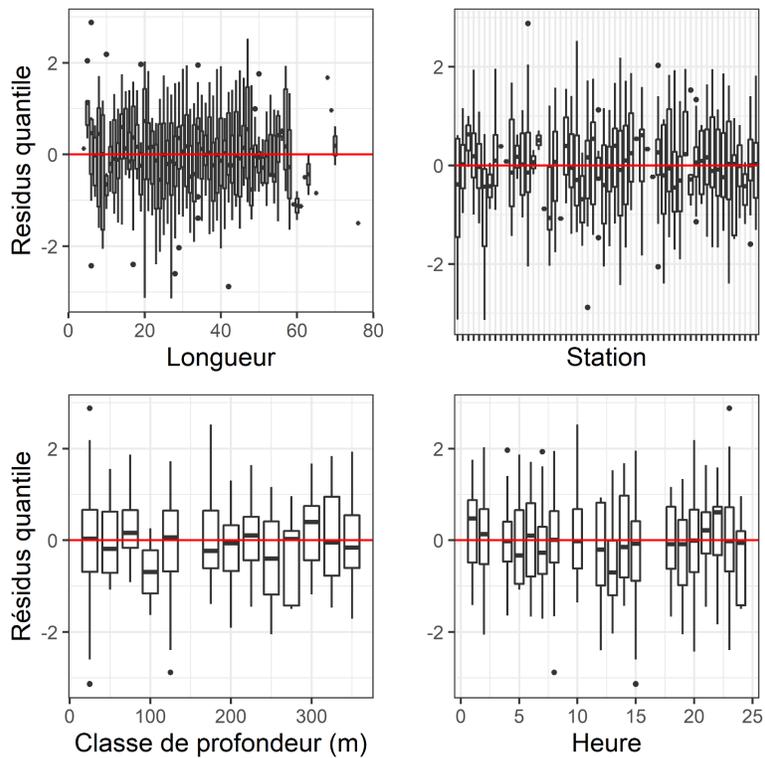


Figure 8c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis tenuis*.

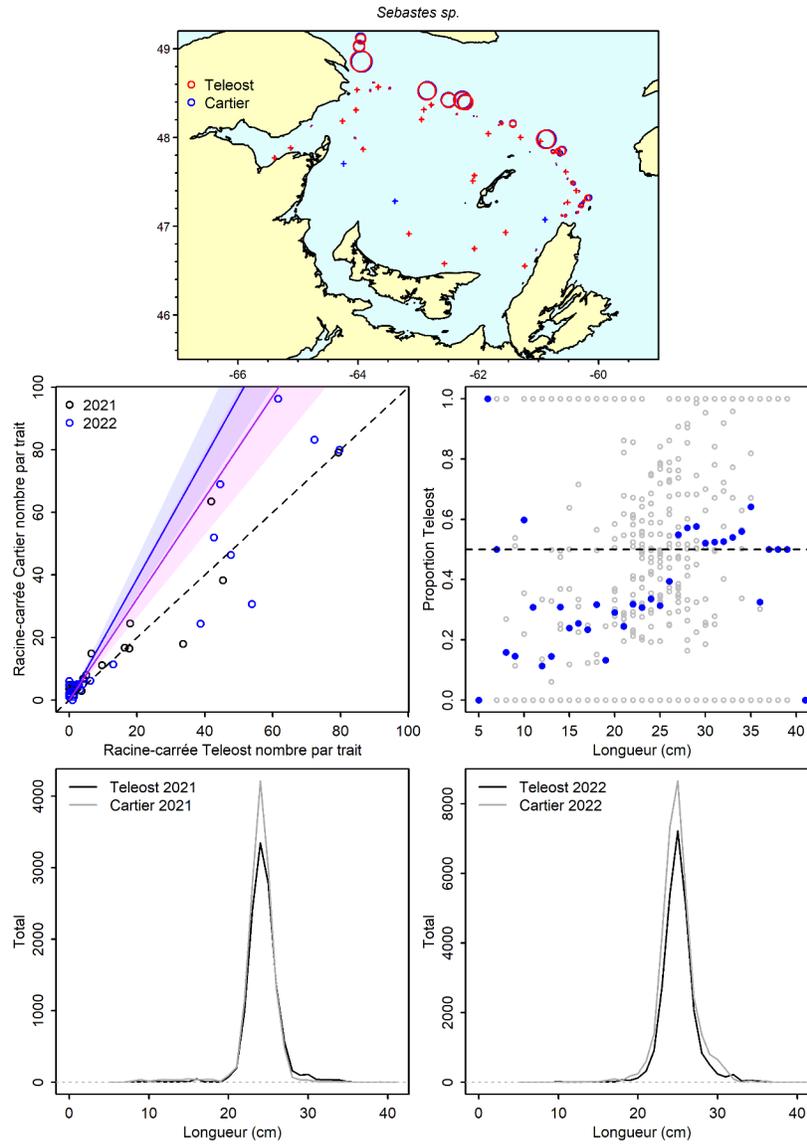


Figure 9a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Sebastes sp.*

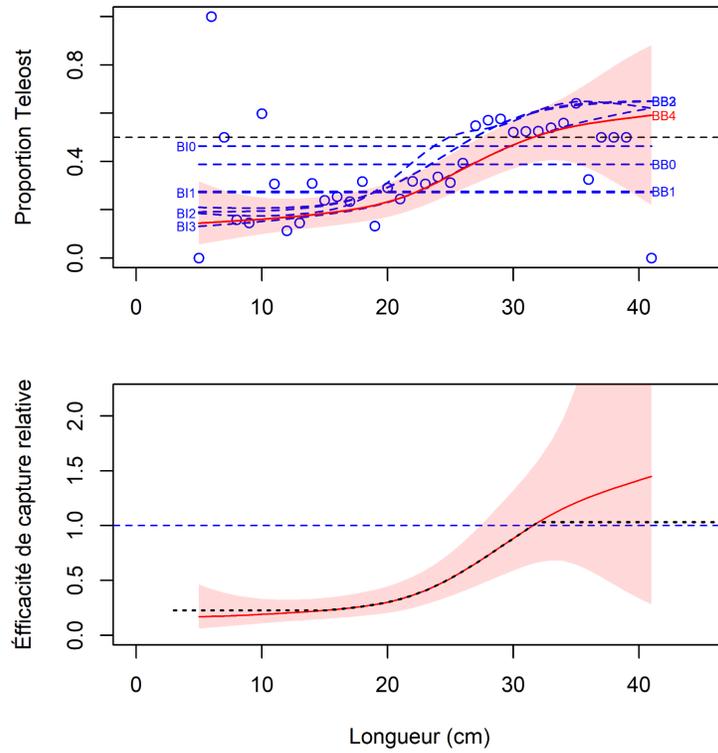


Figure 9b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Sebastes sp.*

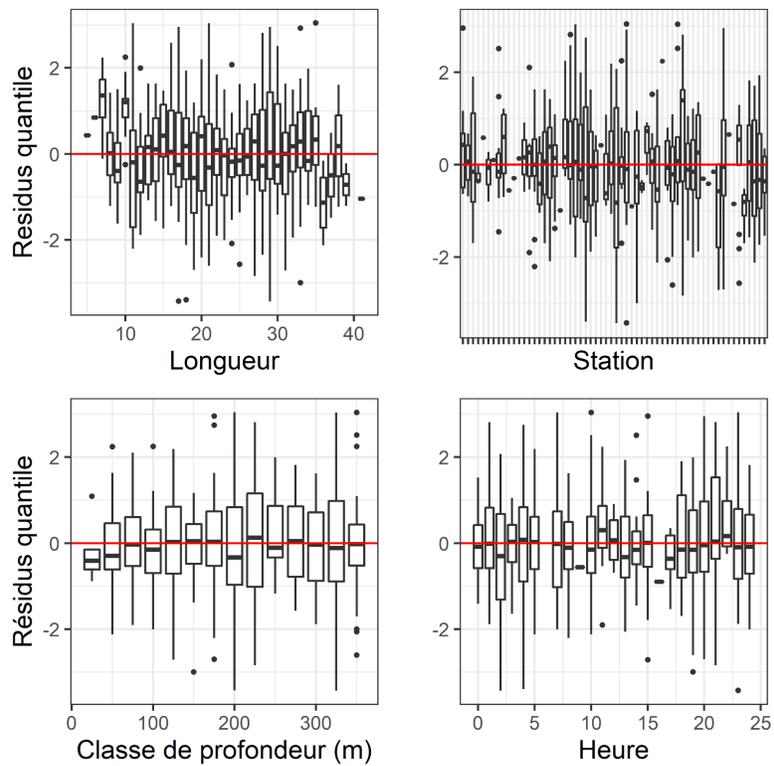


Figure 9c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Sebastes sp.*

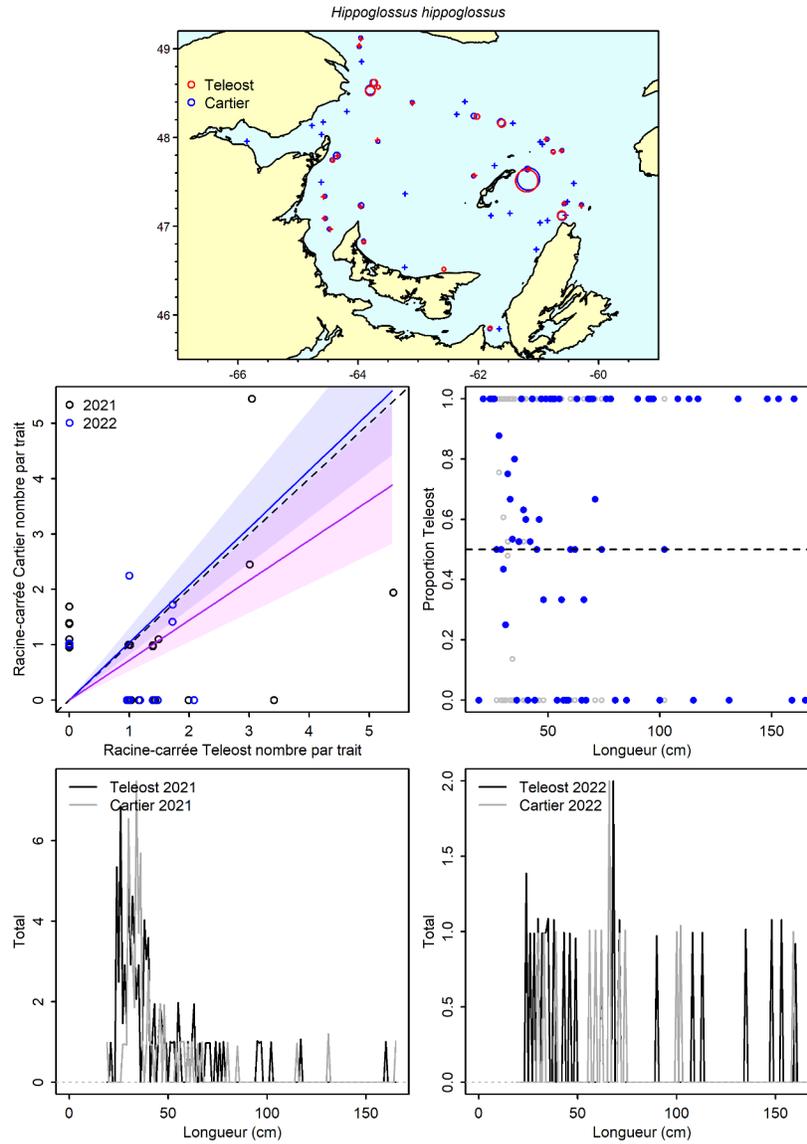


Figure 10a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossus hippoglossus*.

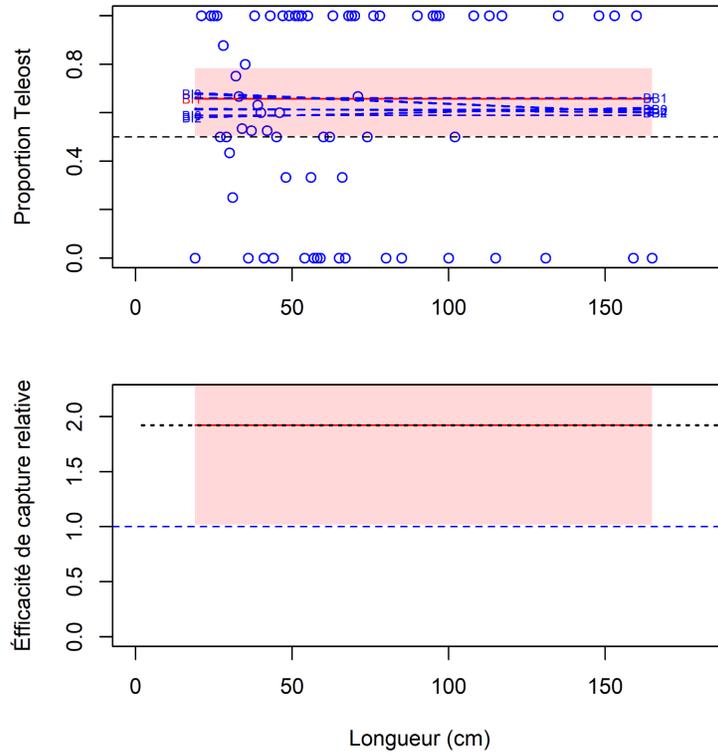


Figure 10b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus*.

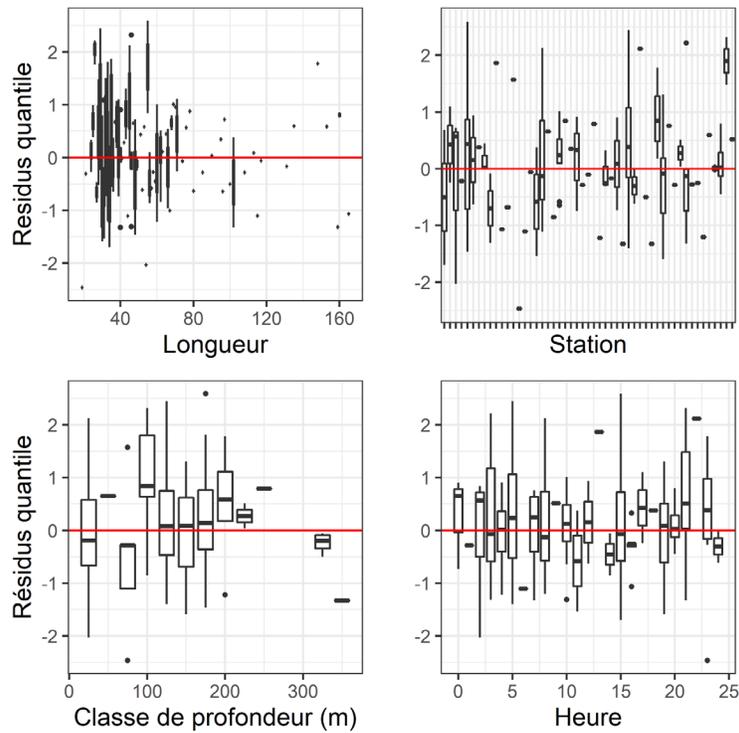


Figure 10c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus*.

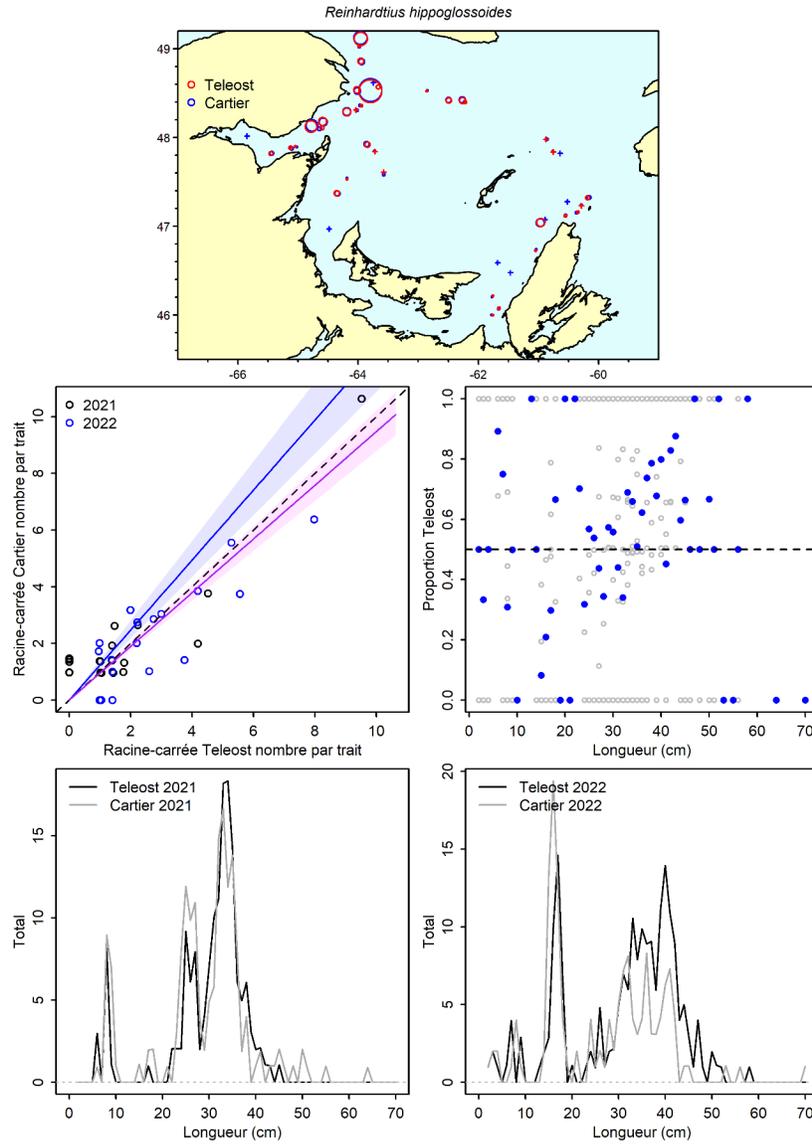


Figure 11a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Reinhardtius hippoglossoides*.

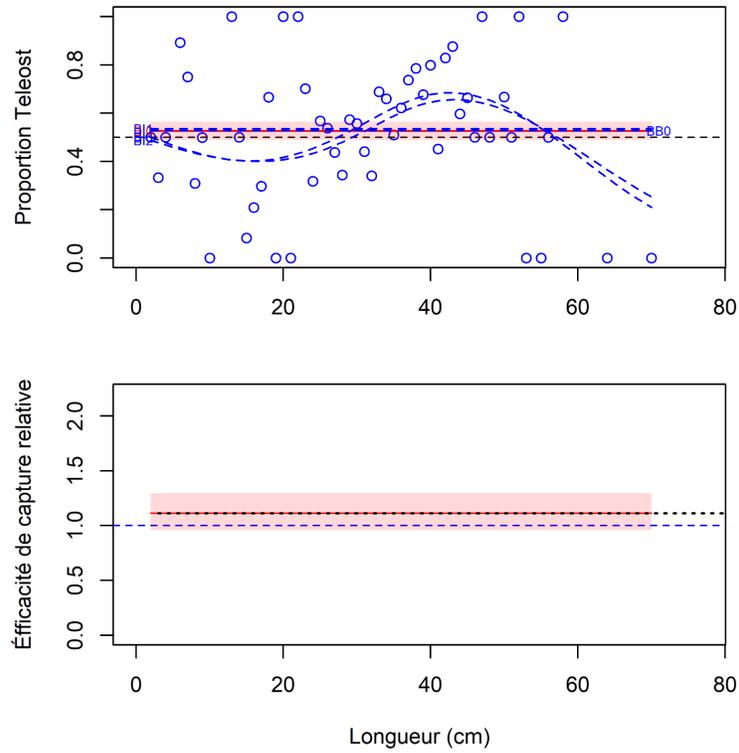


Figure 11b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides*.

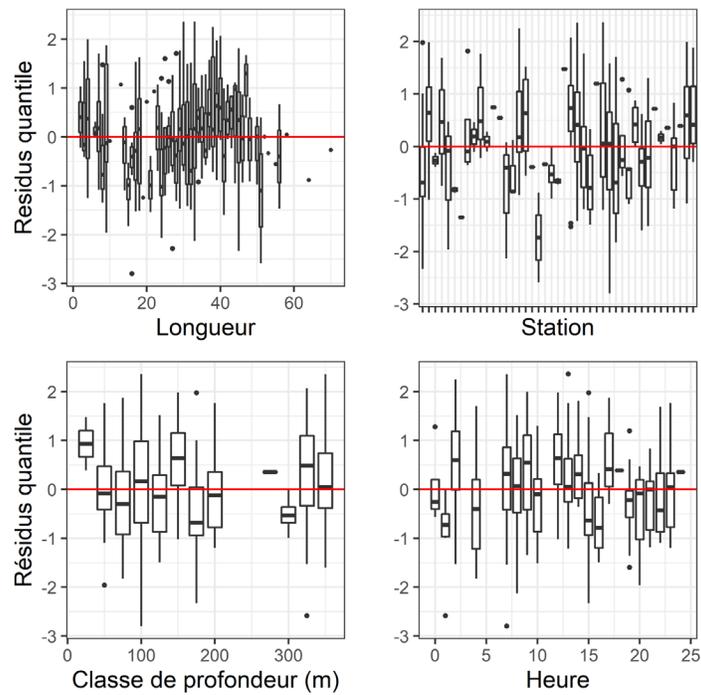


Figure 11c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides*.

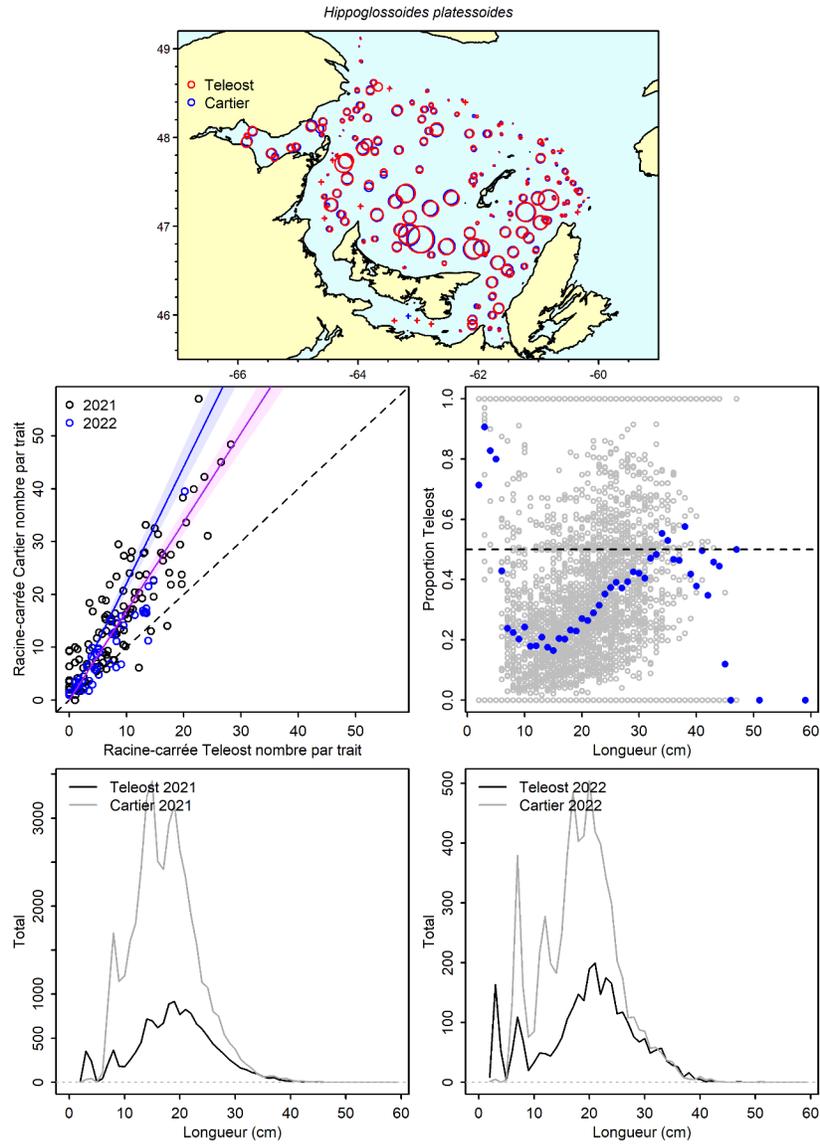


Figure 12a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossoides platessoides*.

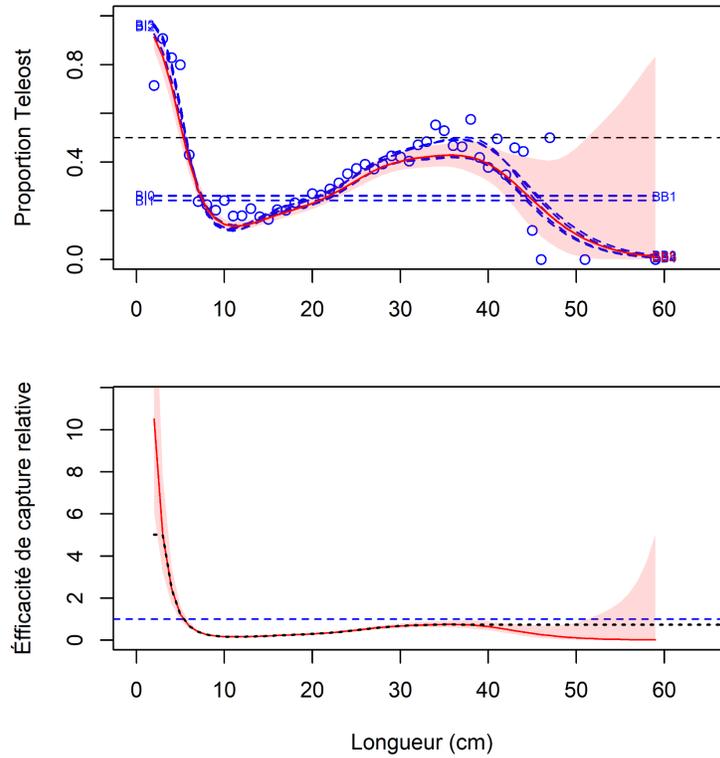


Figure 12b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour Hippoglossoides platessoides.

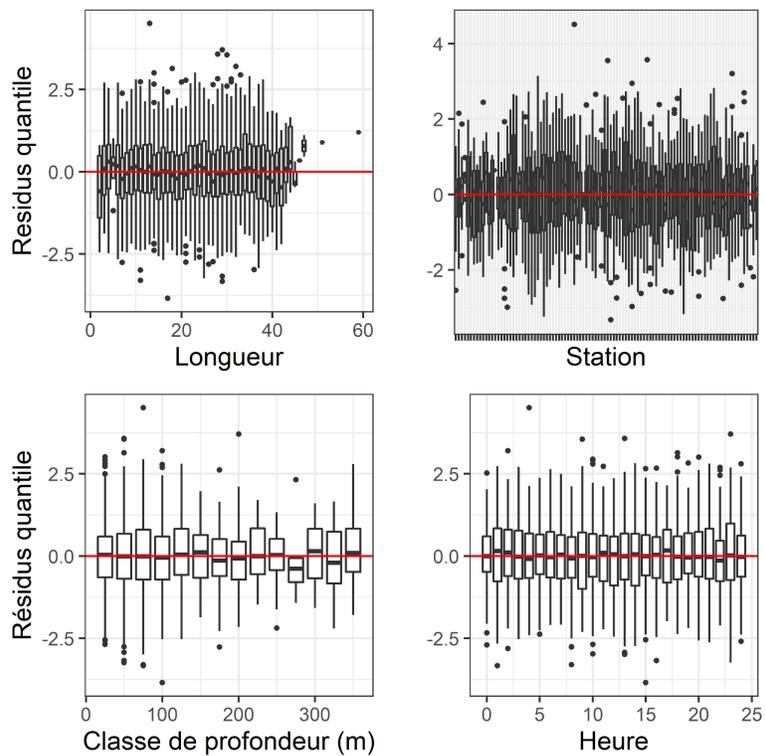


Figure 12c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour Hippoglossoides platessoides.

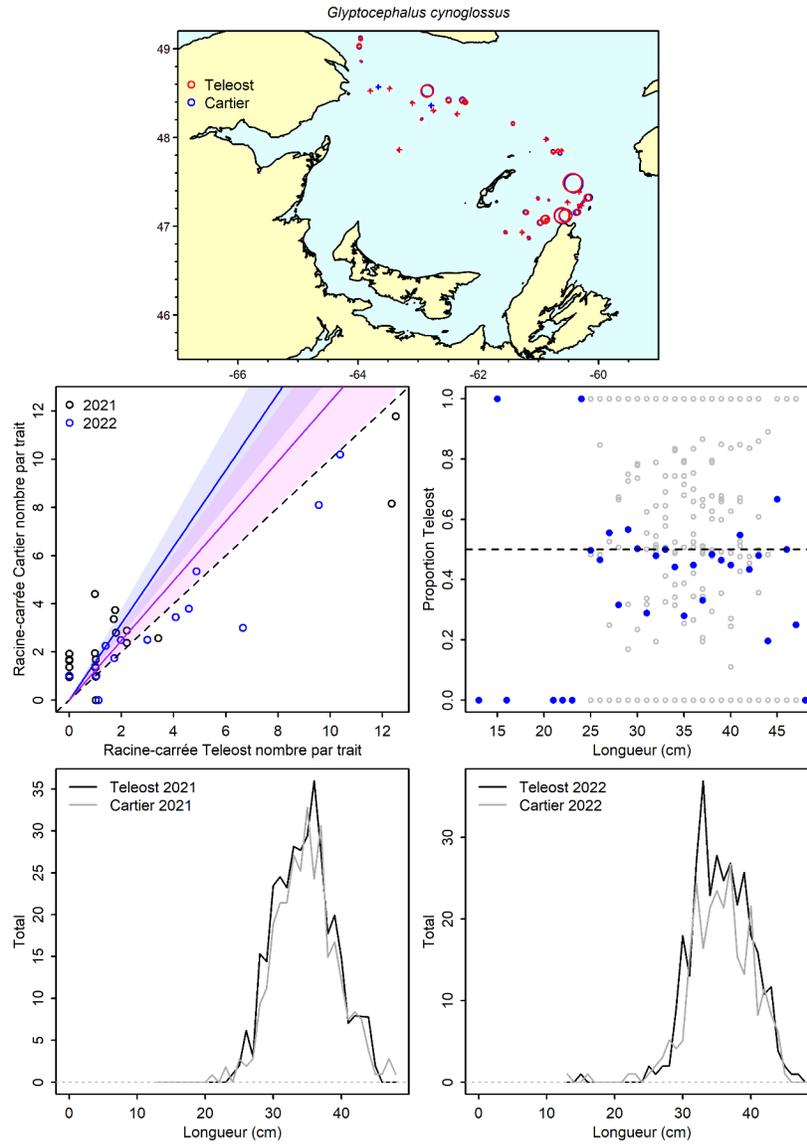


Figure 13a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Glyptocephalus cynoglossus*.

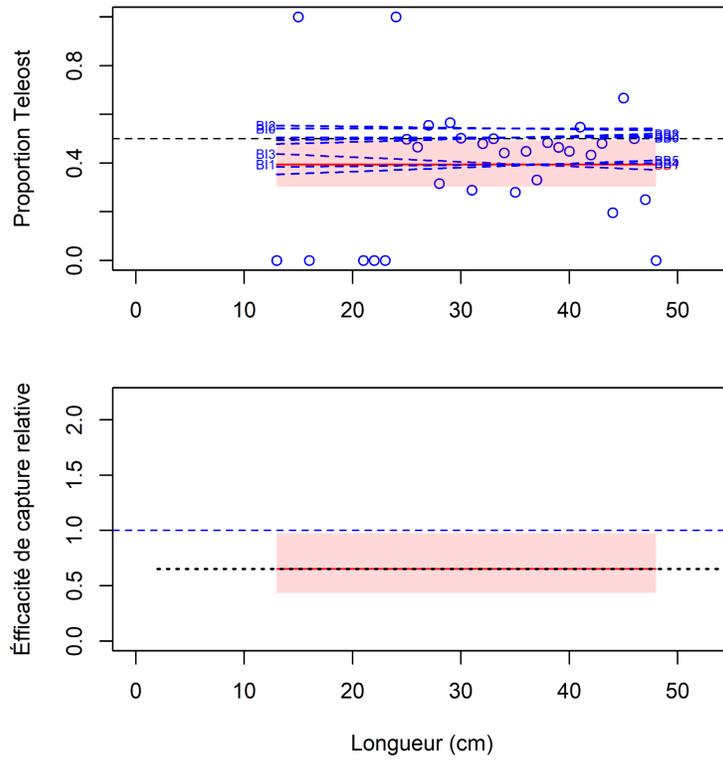


Figure 13b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus*.

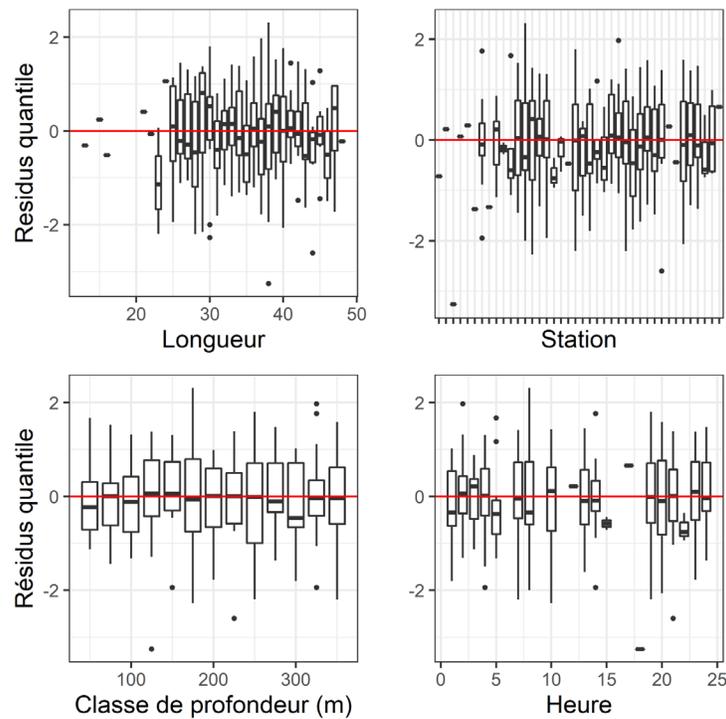


Figure 13c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus*.

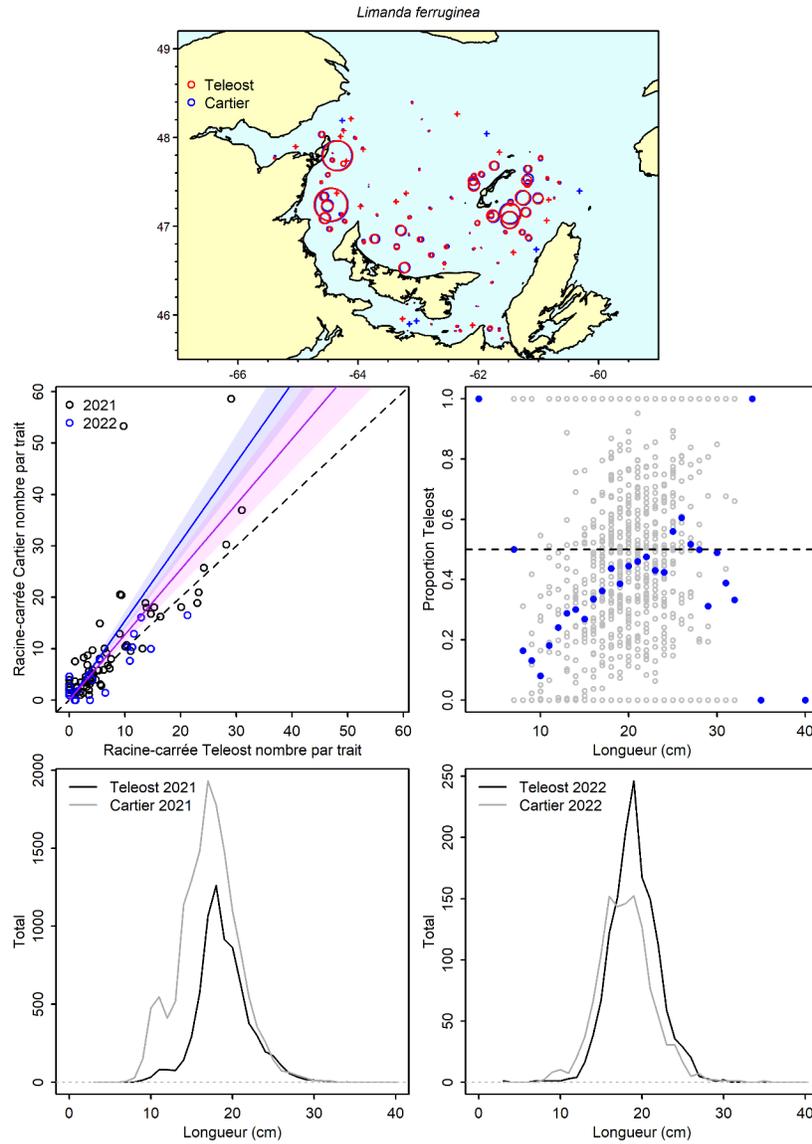


Figure 14a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Limanda ferruginea*.

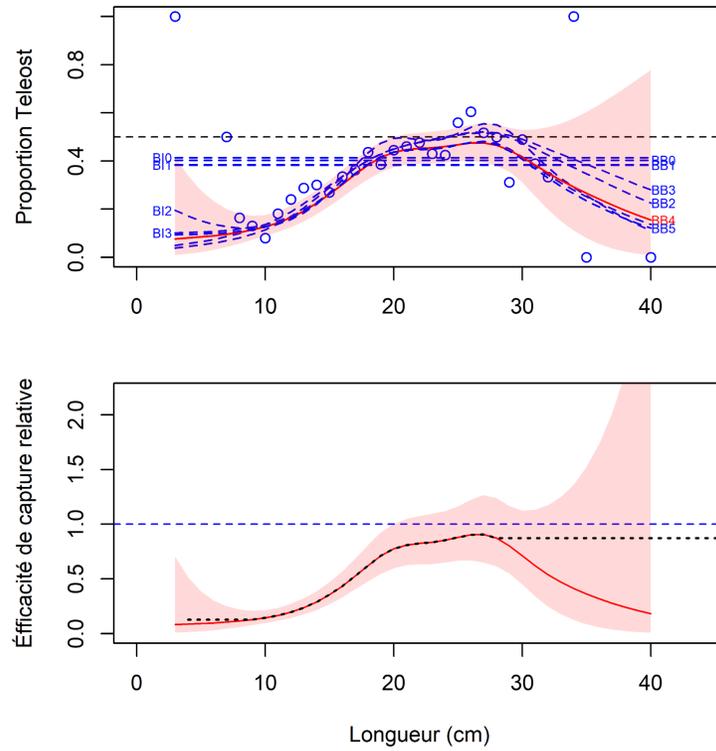


Figure 14b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Limanda ferruginea*.

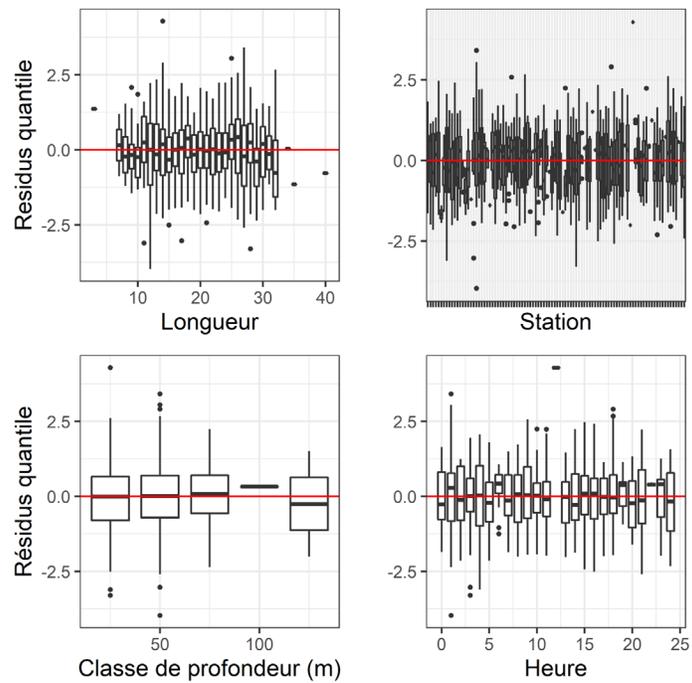


Figure 14c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Limanda ferruginea*.

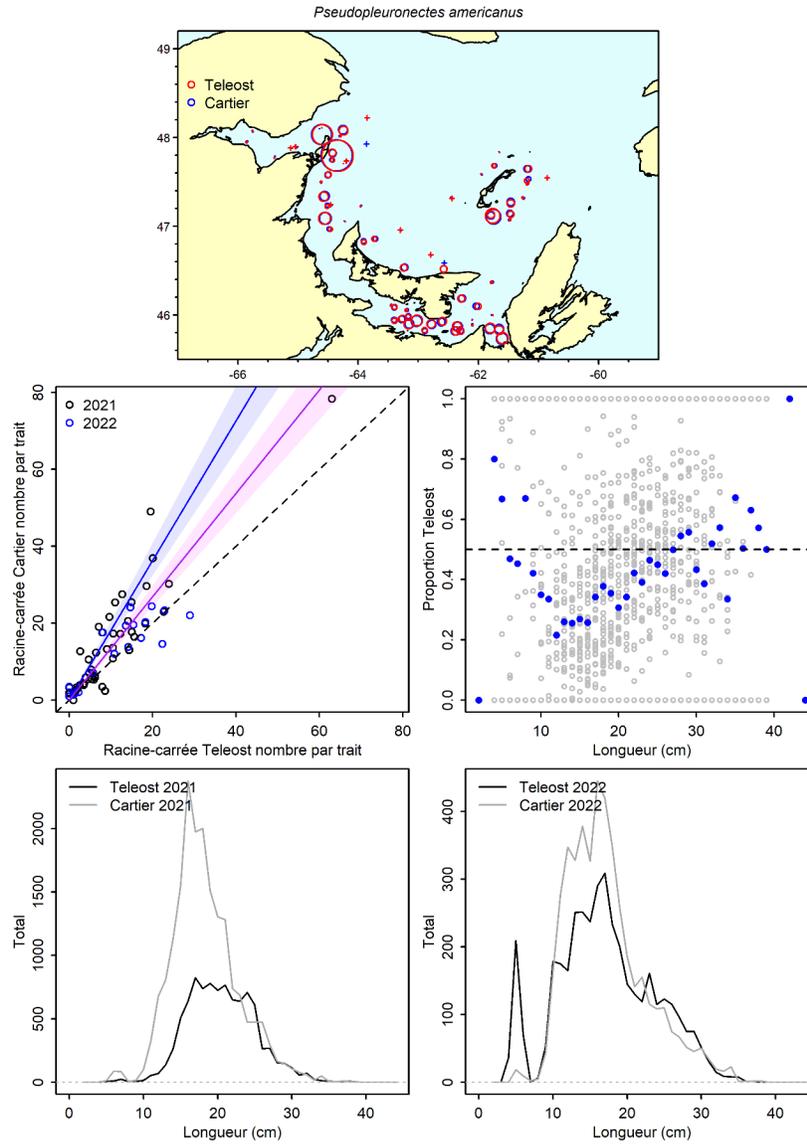


Figure 15a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Pseudopleuronectes americanus*.

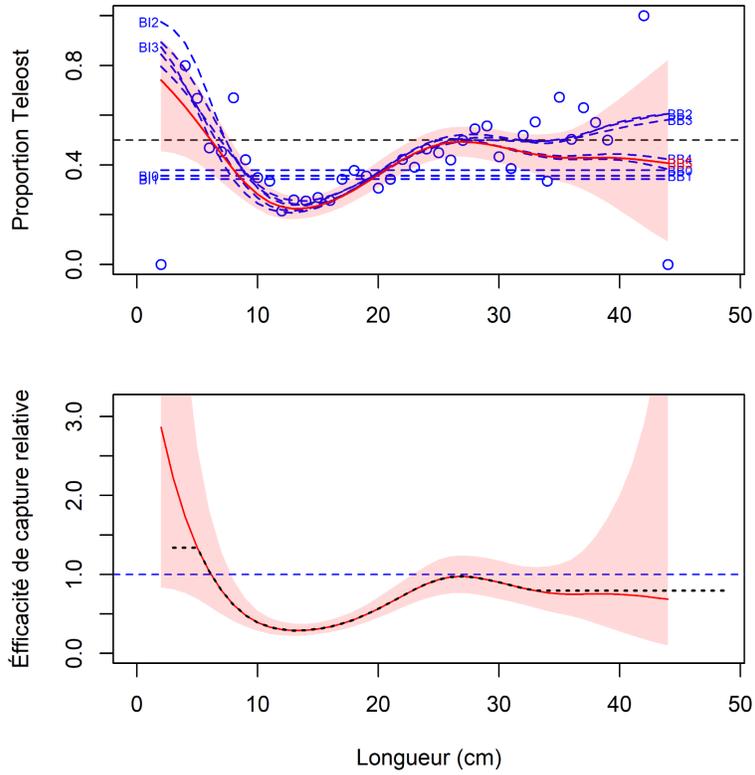


Figure 15b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus*.

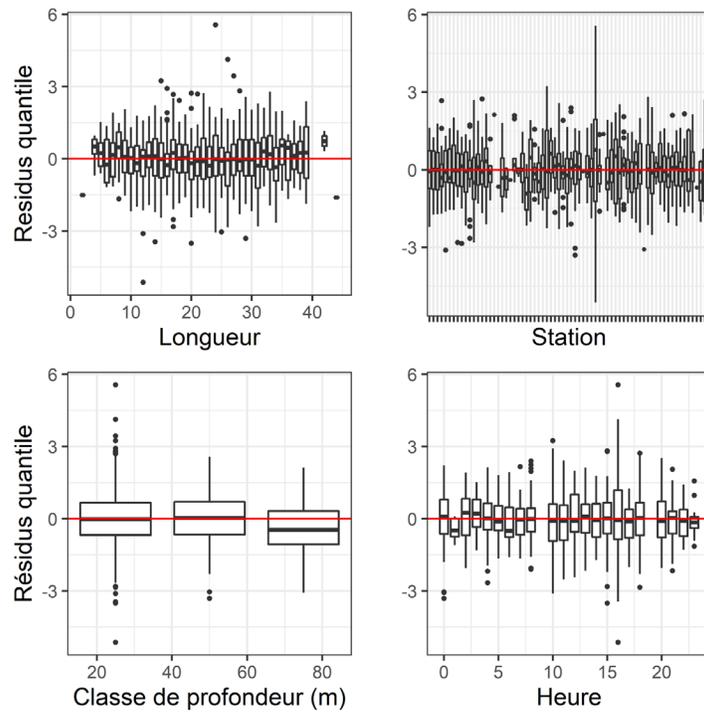


Figure 15c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus*.

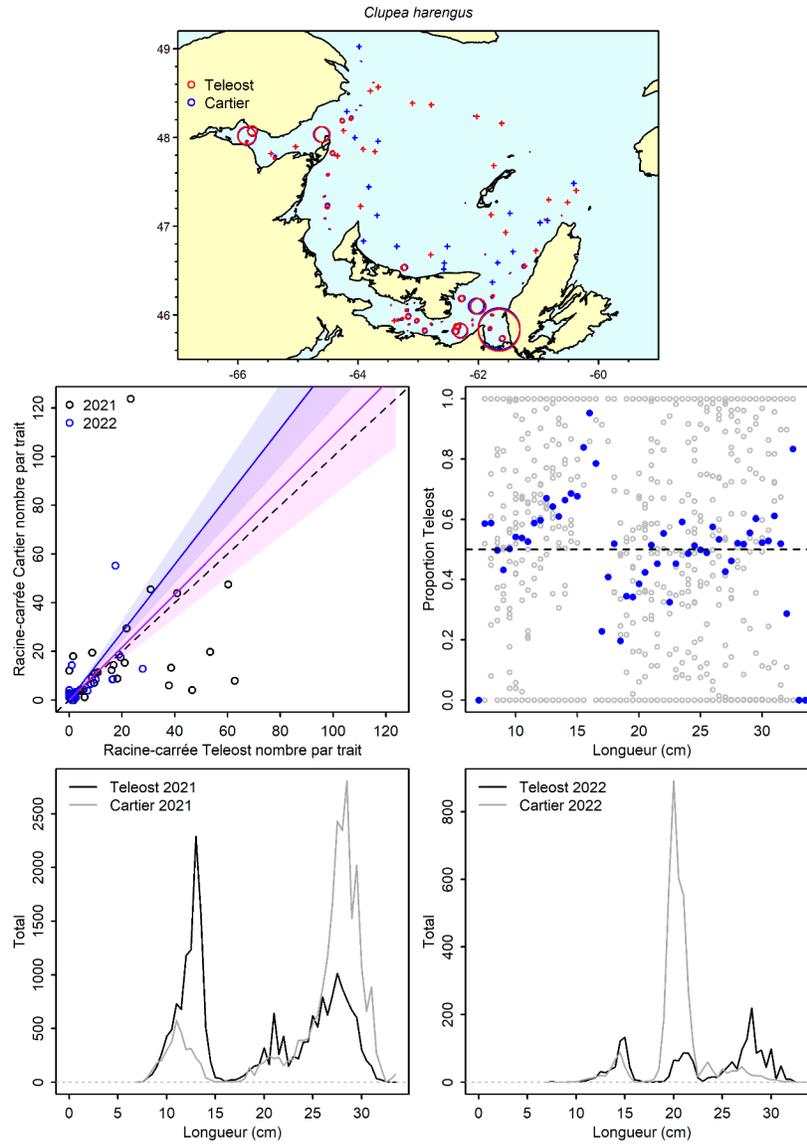


Figure 16a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Clupea harengus*.

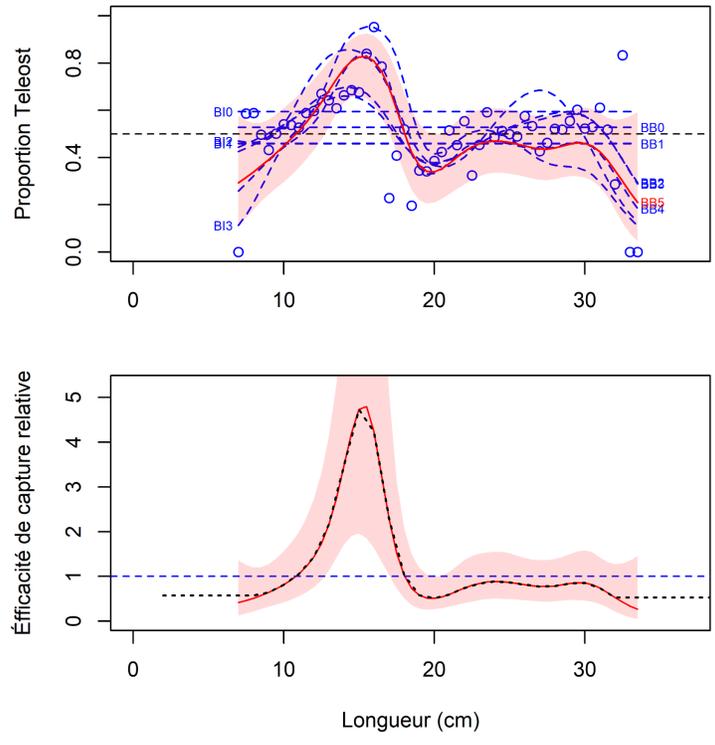


Figure 16b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour Clupea harengus.

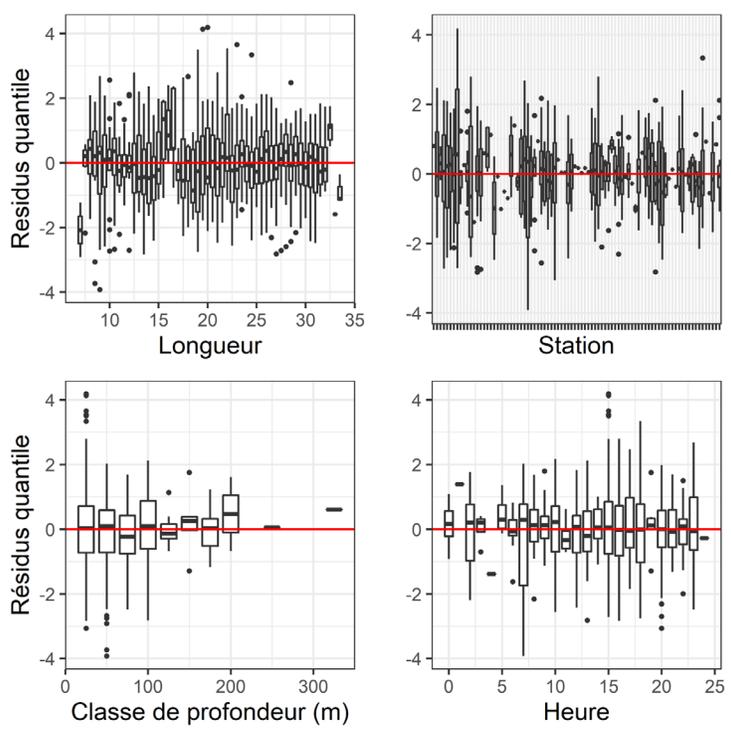


Figure 16c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour Clupea harengus.

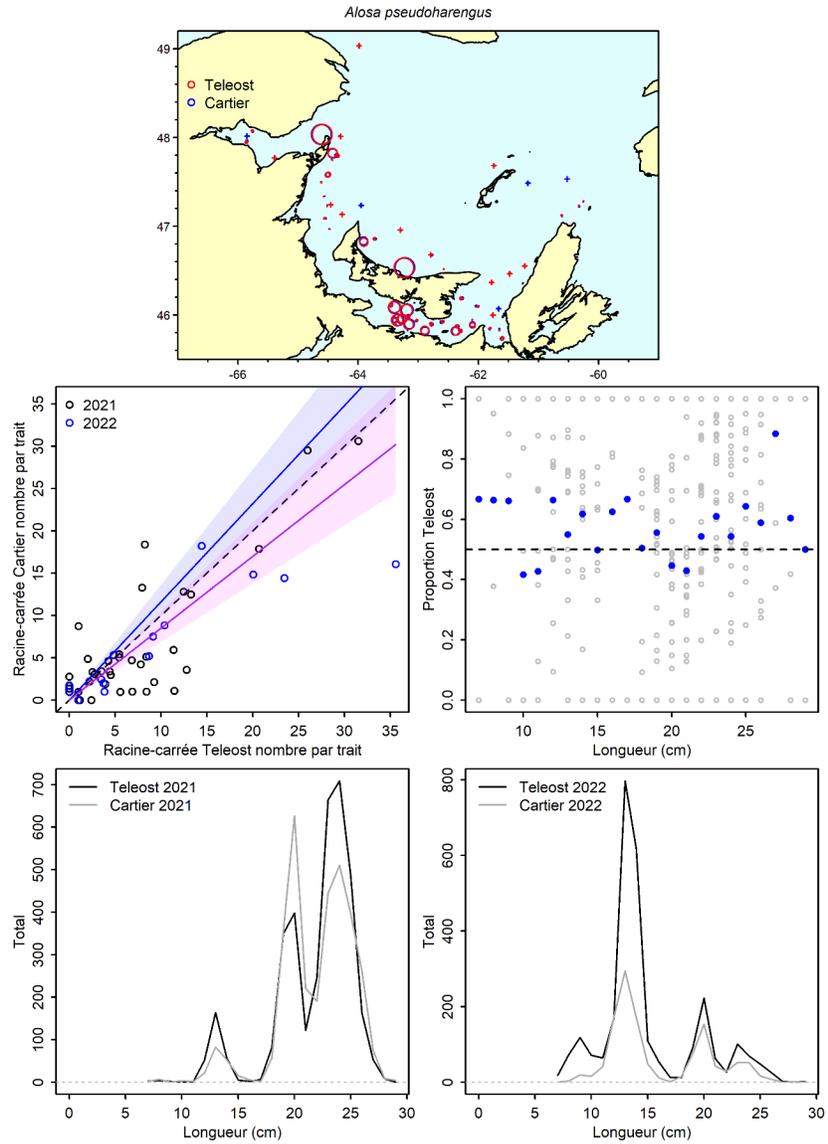


Figure 17a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Alosa pseudoharengus*.

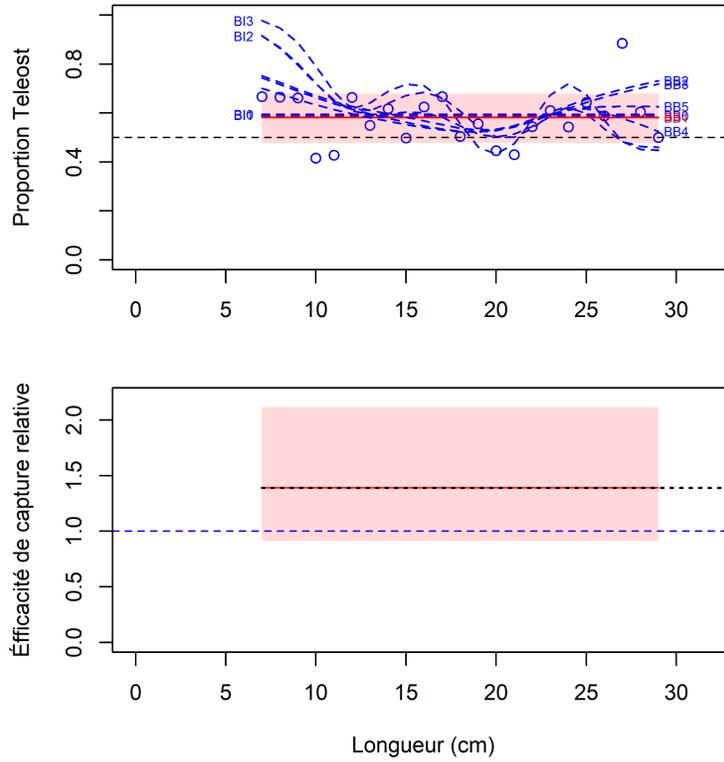


Figure 17b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Alosa pseudoharengus*.

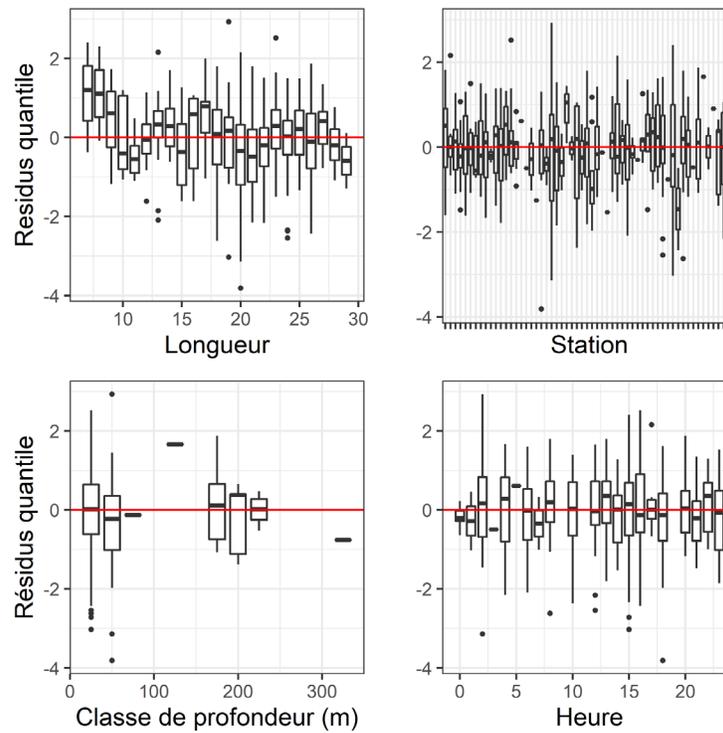


Figure 17c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Alosa pseudoharengus*.

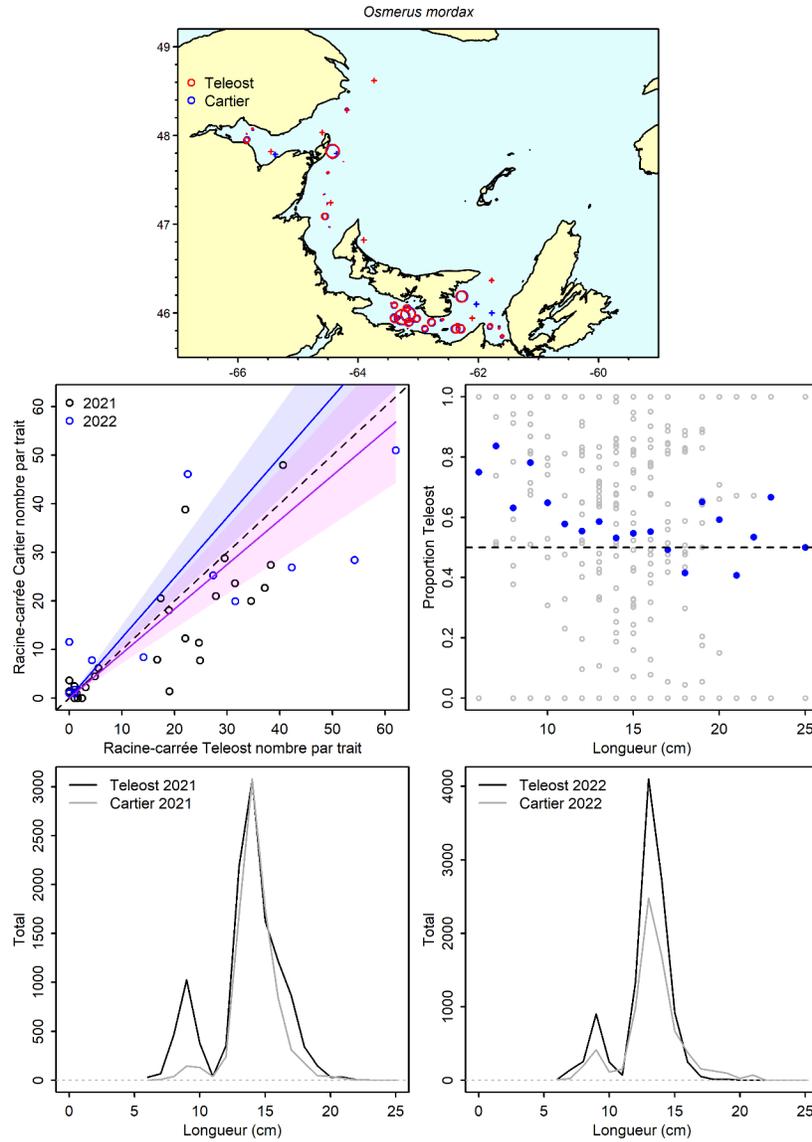


Figure 18a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Osmerus mordax*.

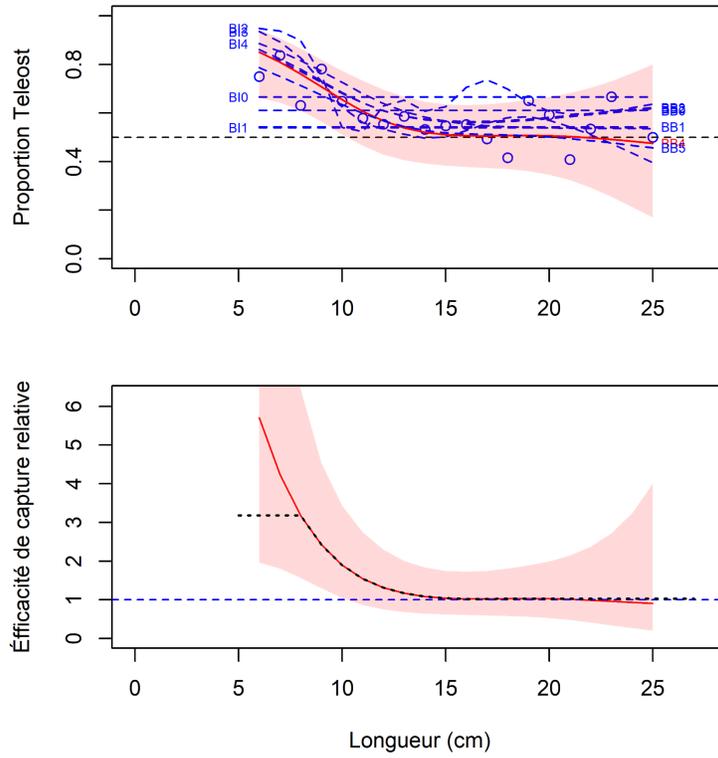


Figure 18b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Osmerus mordax*.

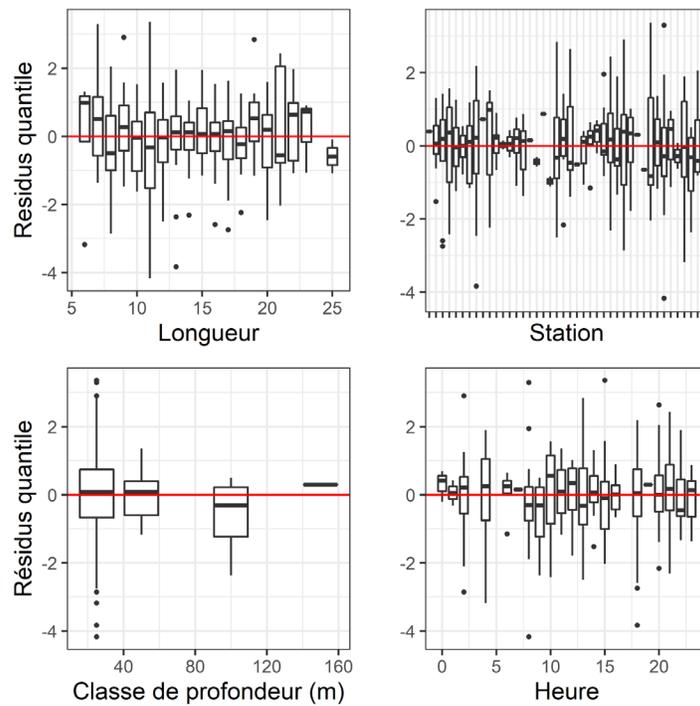


Figure 18c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Osmerus mordax*.

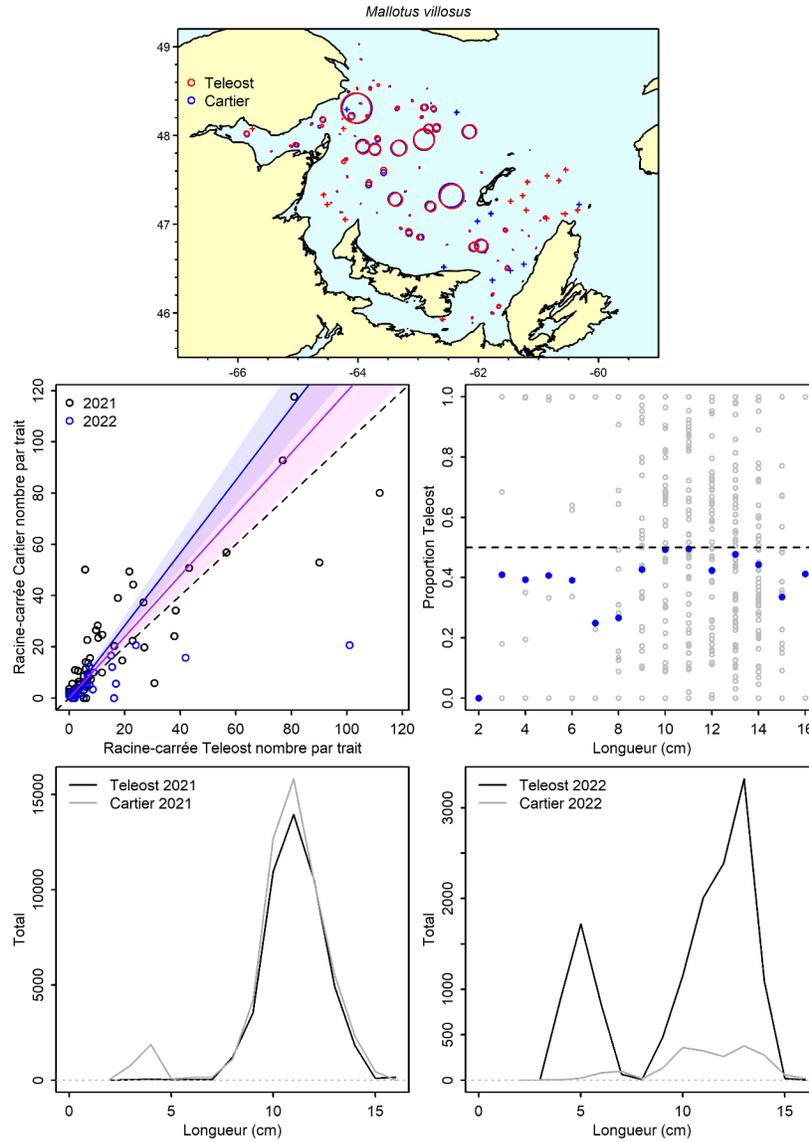


Figure 19a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Mallotus villosus*.

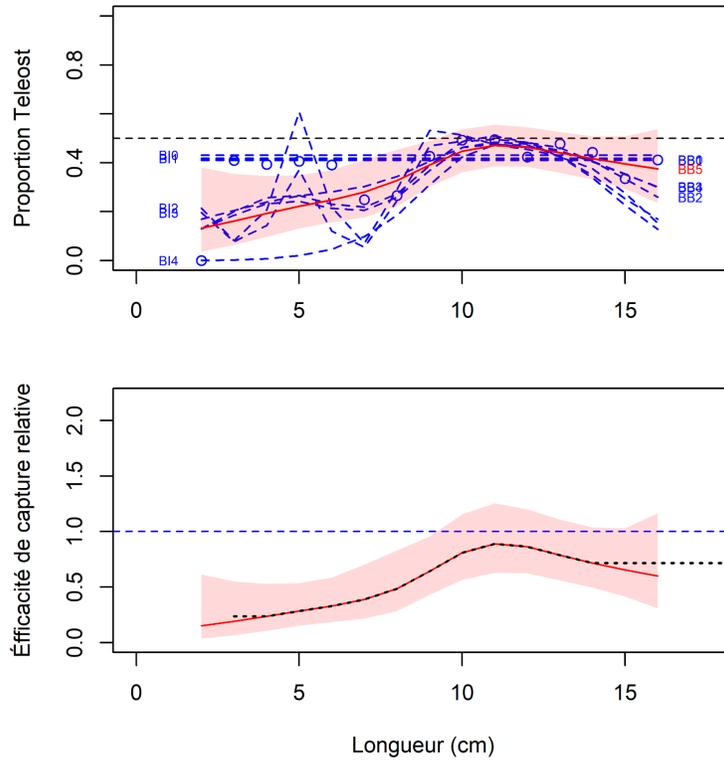


Figure 19b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Mallotus villosus*.

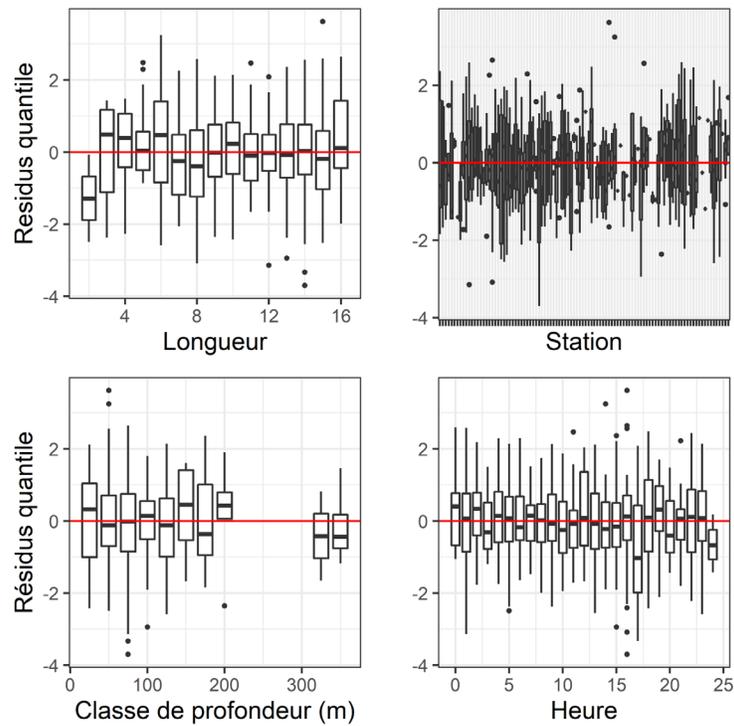


Figure 19c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Mallotus villosus*.

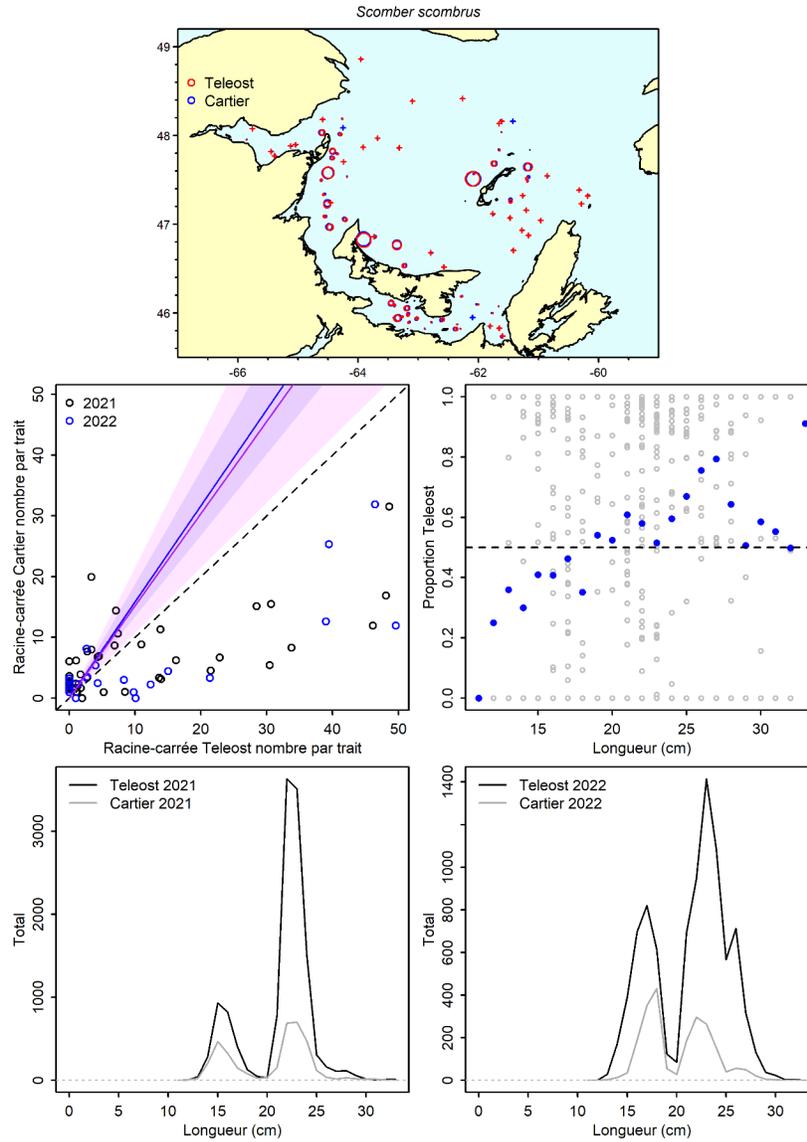


Figure 20a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Scomber scombrus*.

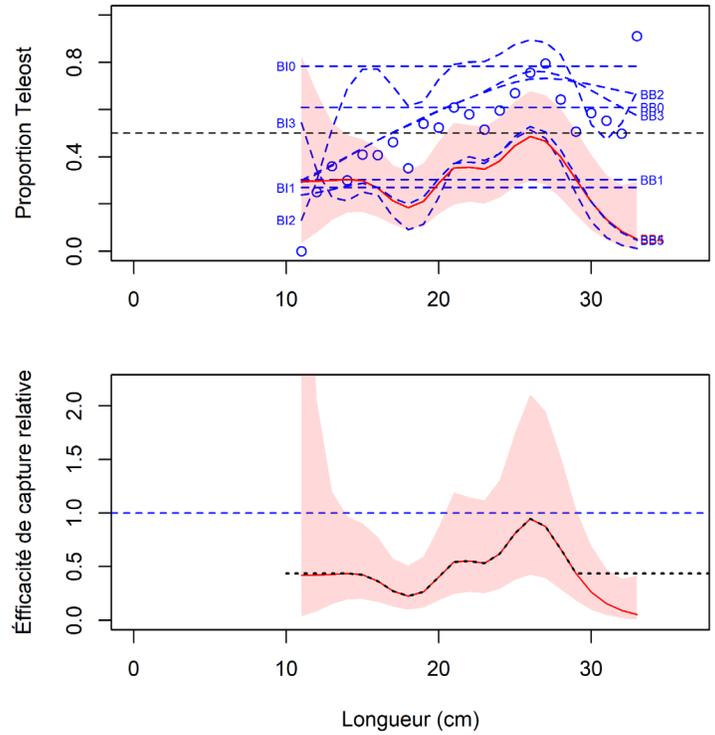


Figure 20b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Scomber scombrus*.

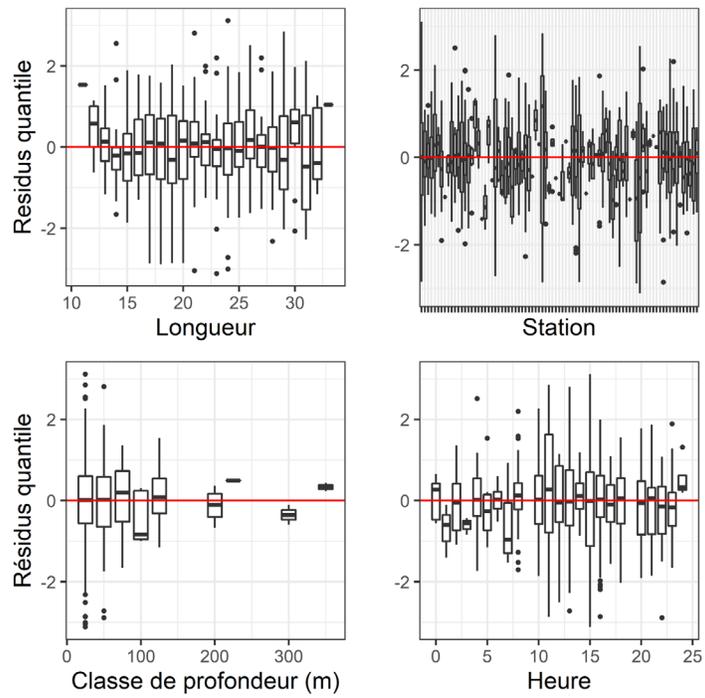


Figure 20c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Scomber scombrus*.

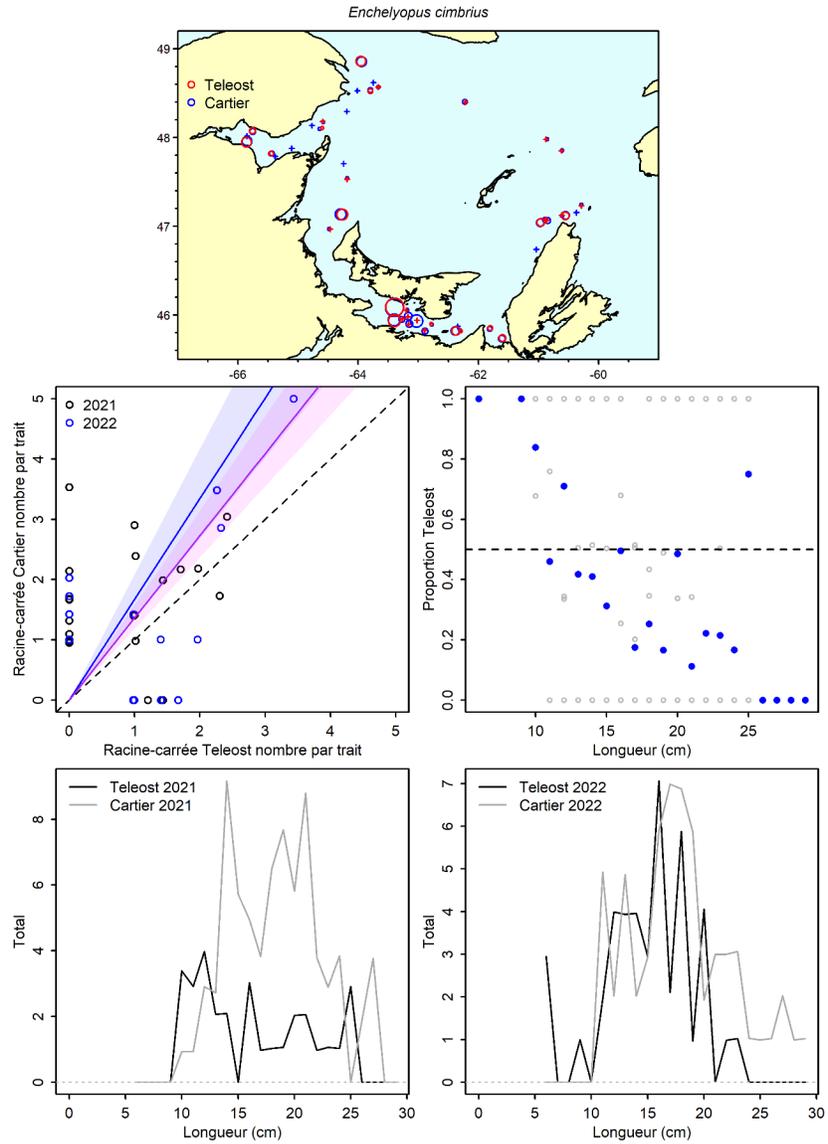


Figure 21a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Enchelyopus cimbricus*.

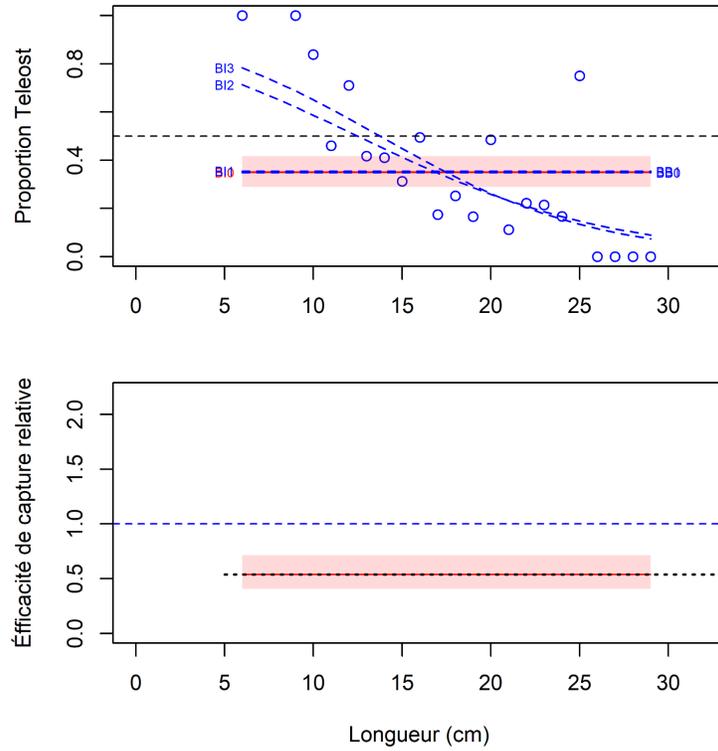


Figure 21b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Enchelyopus cimbrius*.

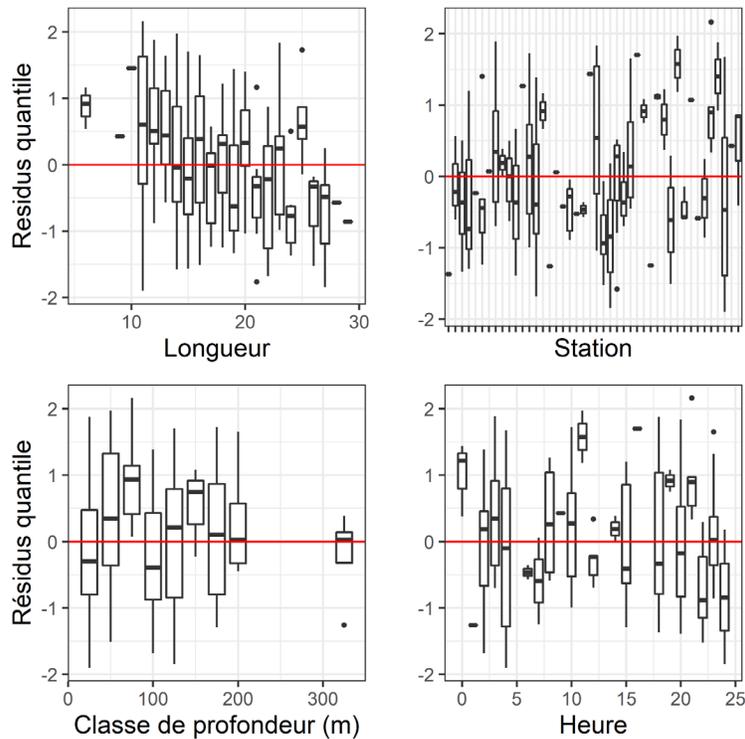


Figure 21c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Enchelyopus cimbrius*.

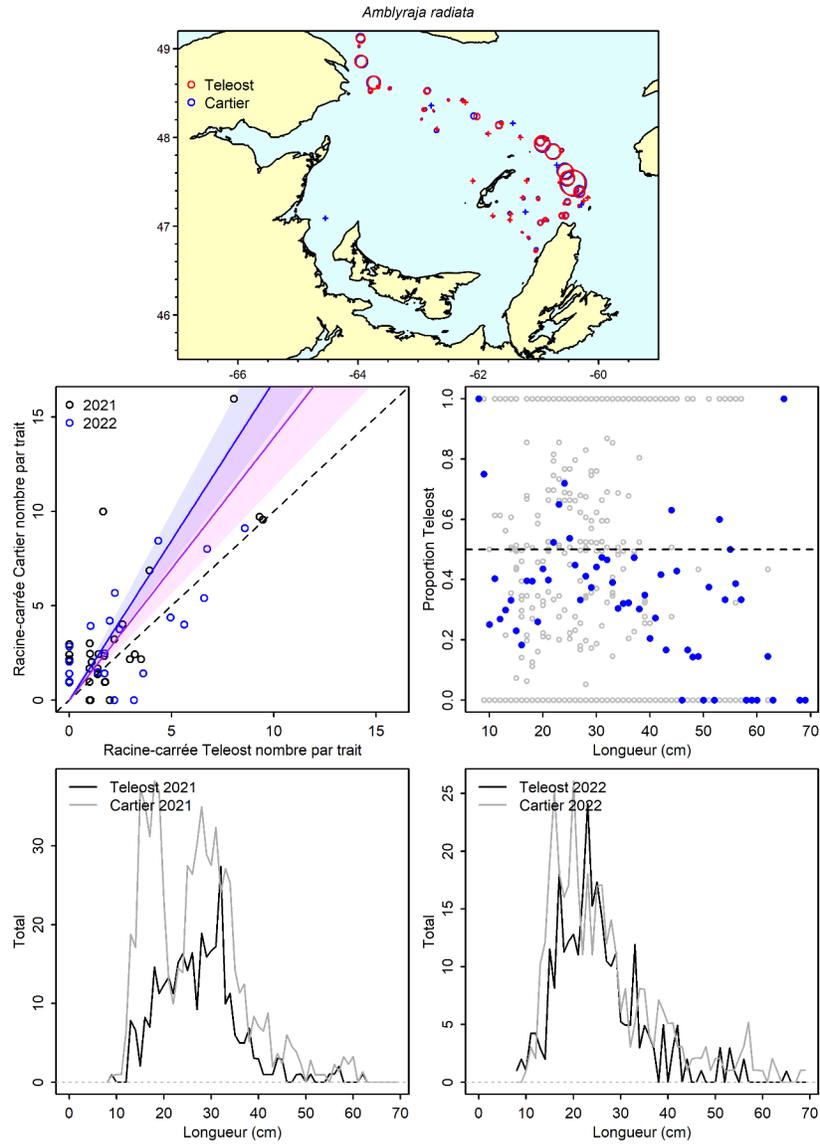


Figure 22a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Amblyraja radiata*.

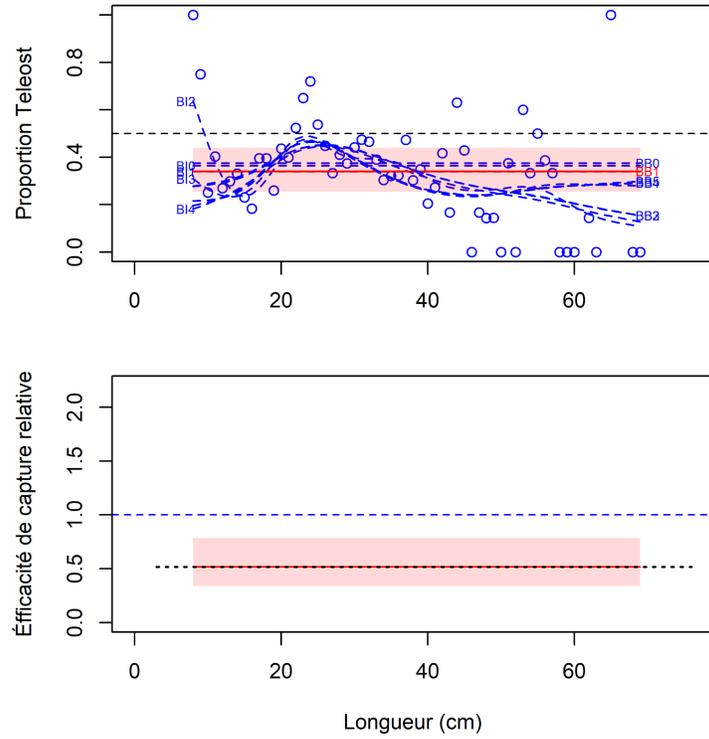


Figure 22b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Amblyraja radiata*.

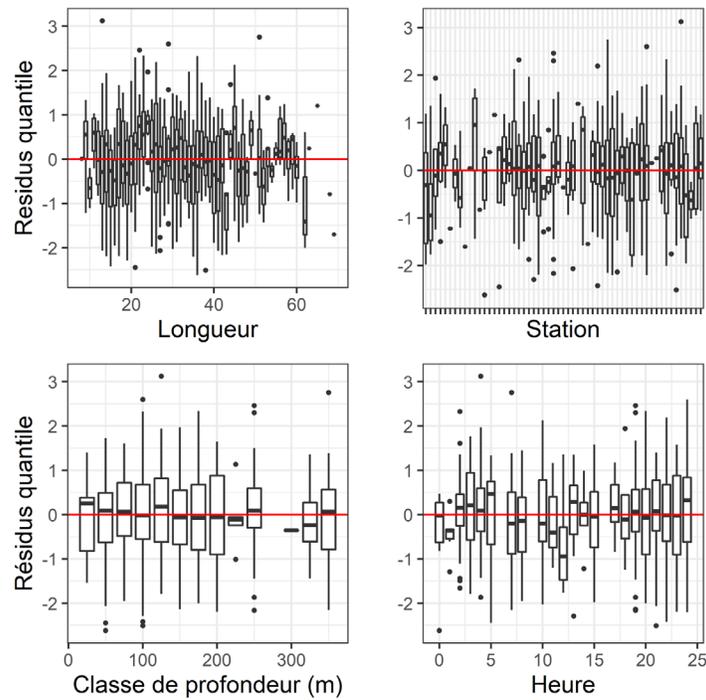


Figure 22c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Amblyraja radiata*.

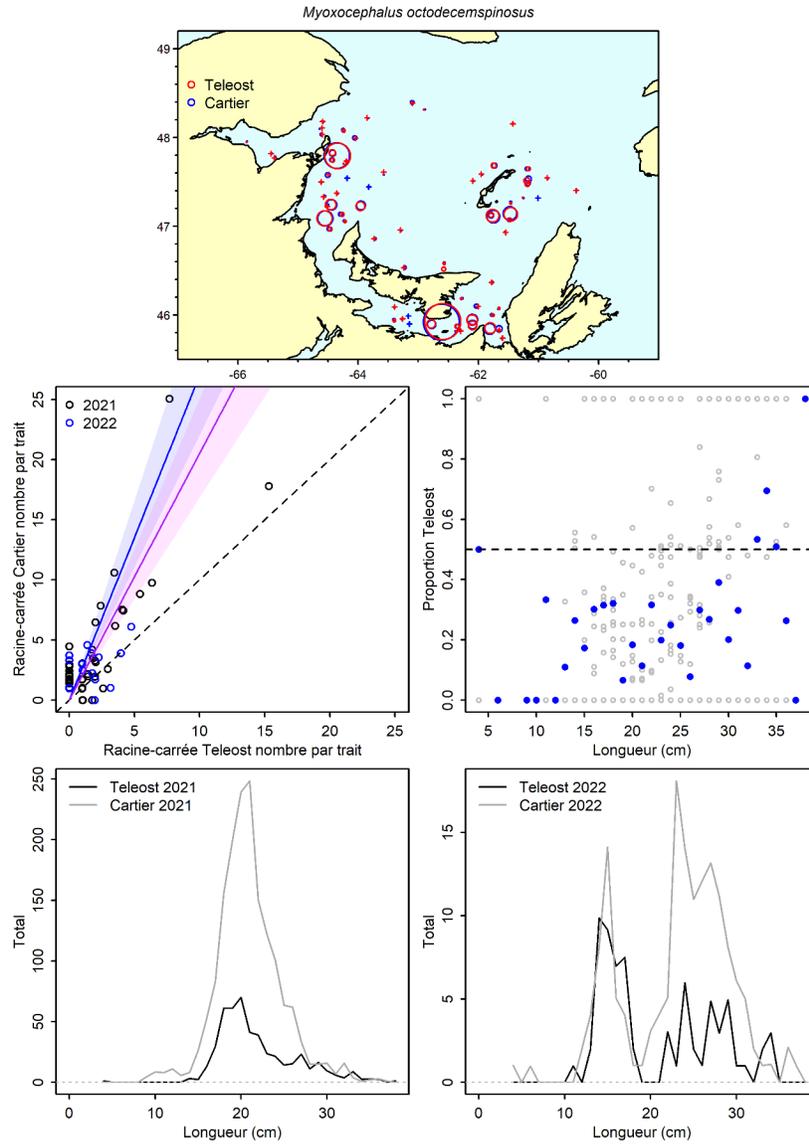


Figure 23a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Myoxocephalus octodecemspinosus*.

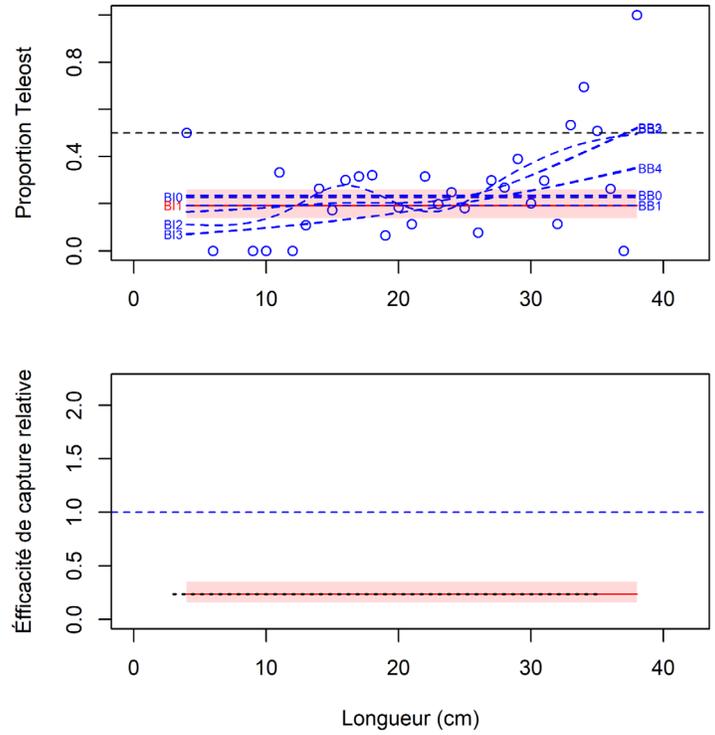


Figure 23b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus*.

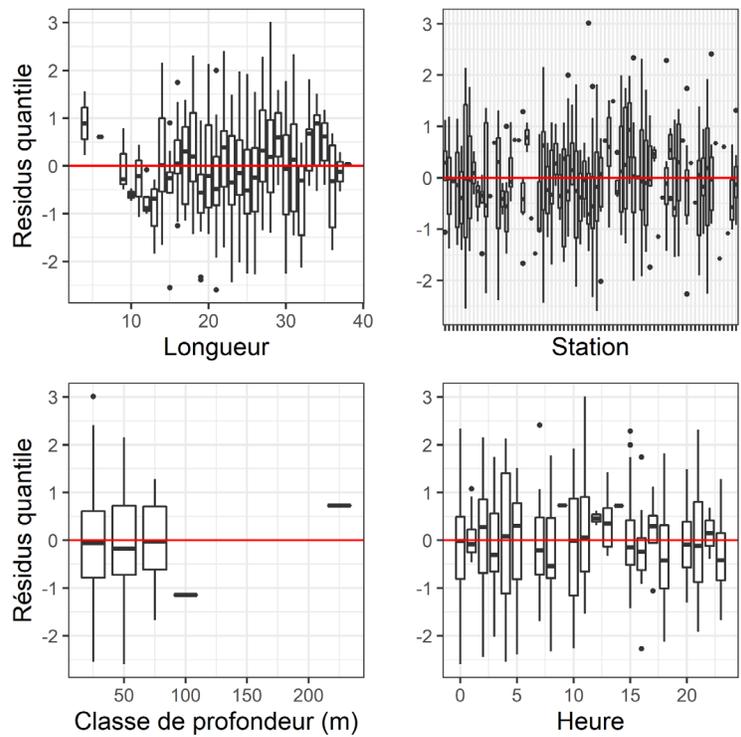


Figure 23c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus*.

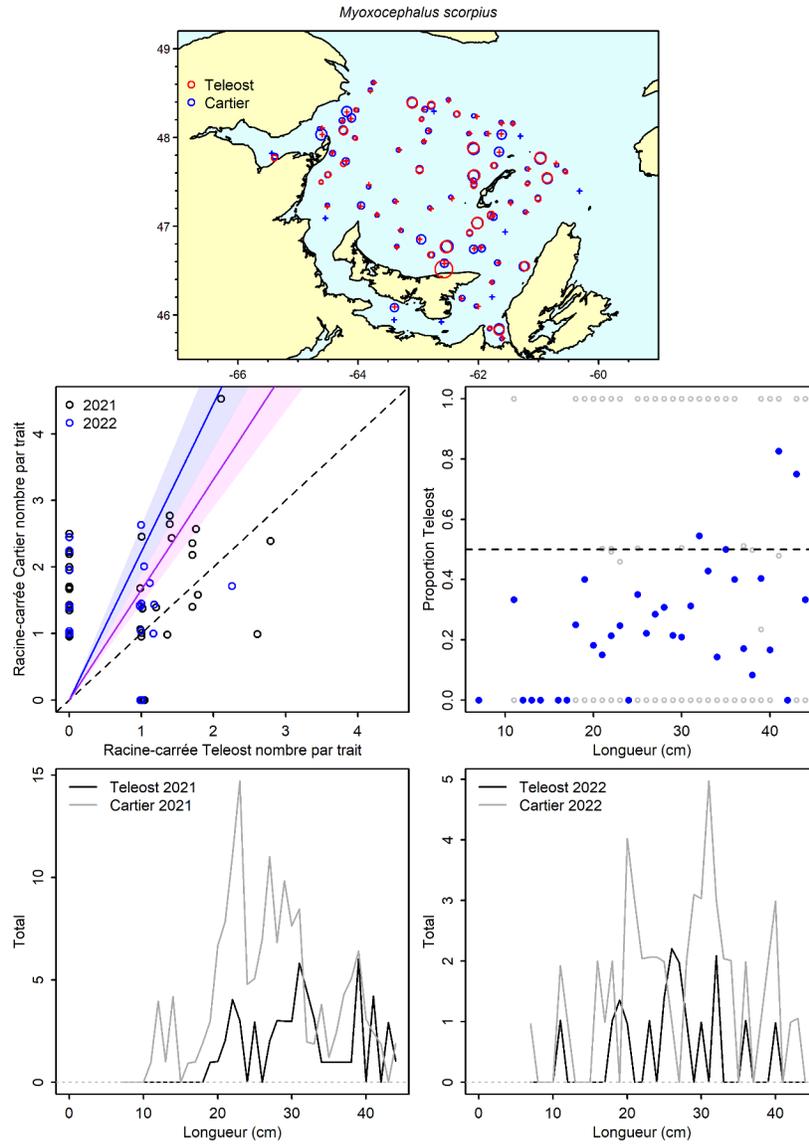


Figure 24a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Myoxocephalus scorpius*.

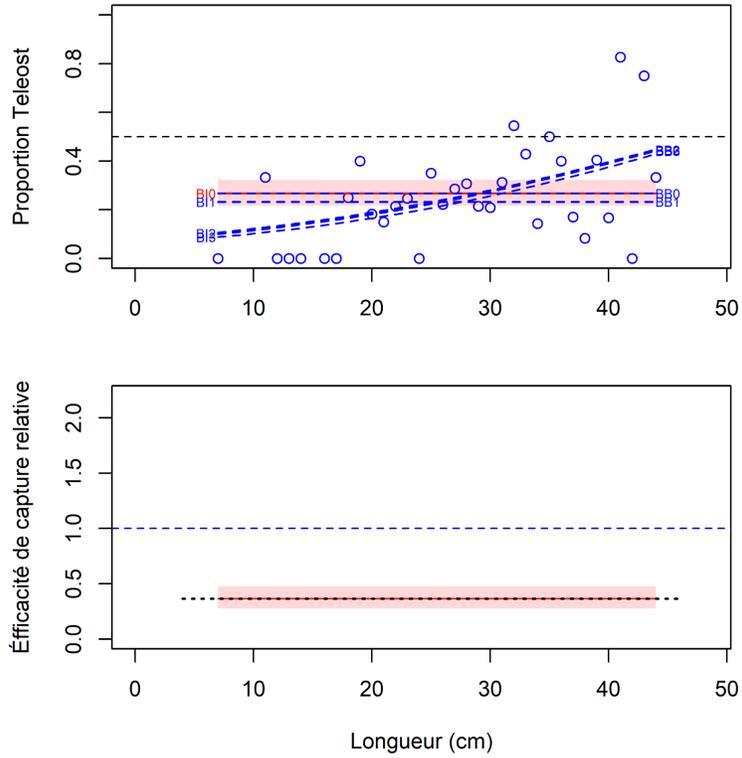


Figure 24b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Myoxocephalus scorpius*.

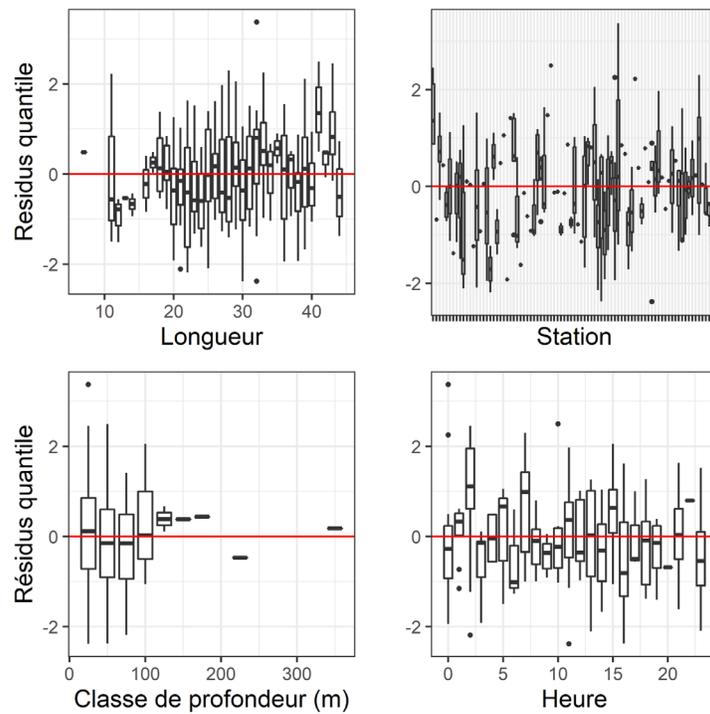


Figure 24c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Myoxocephalus scorpius*.

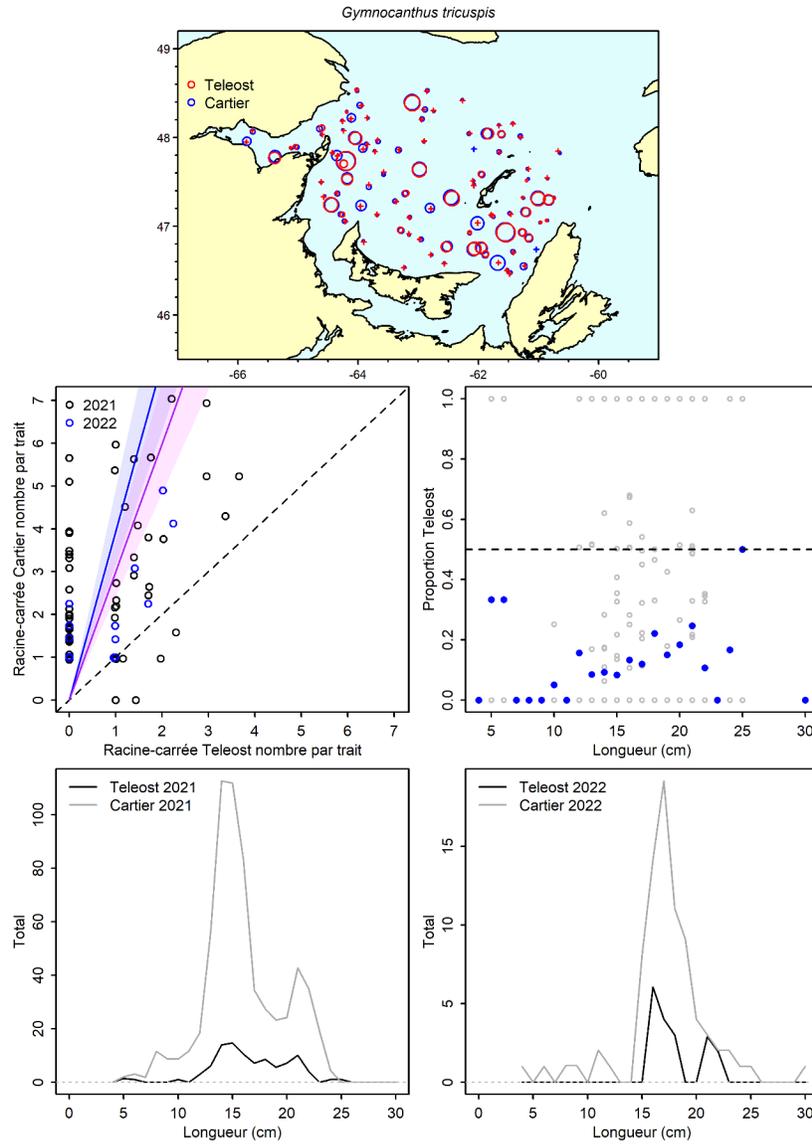


Figure 25a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Gymnocanthus tricuspis*.

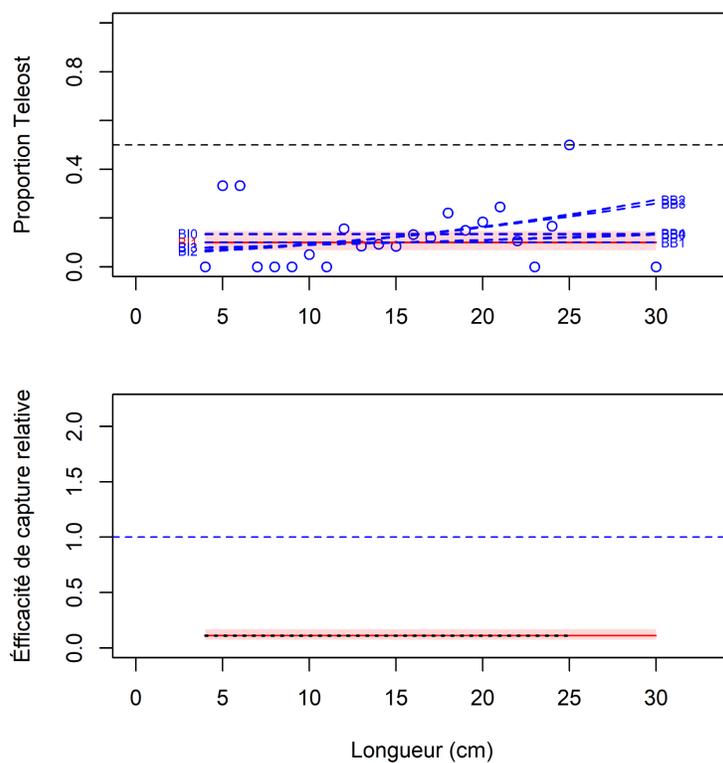


Figure 25b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Gymnocanthus tricuspis*.

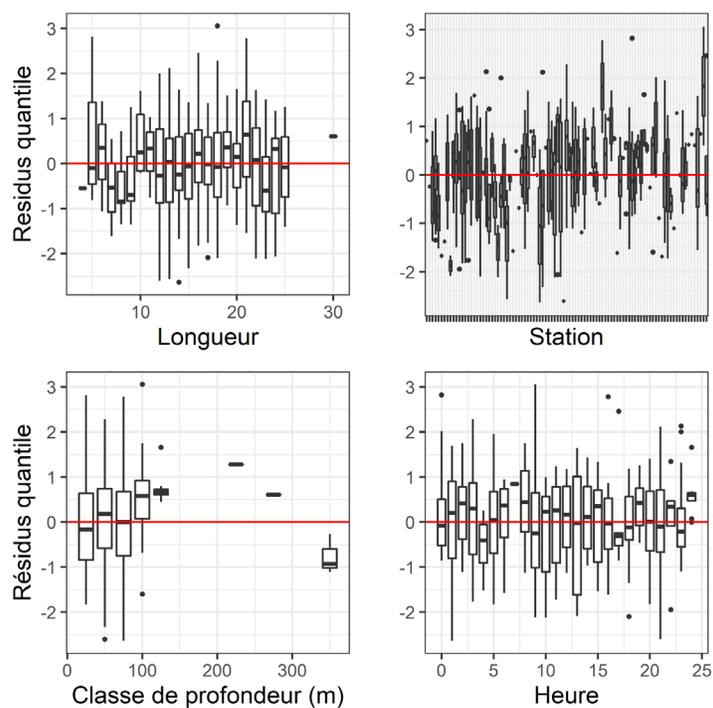


Figure 25c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Gymnocanthus tricuspis*.

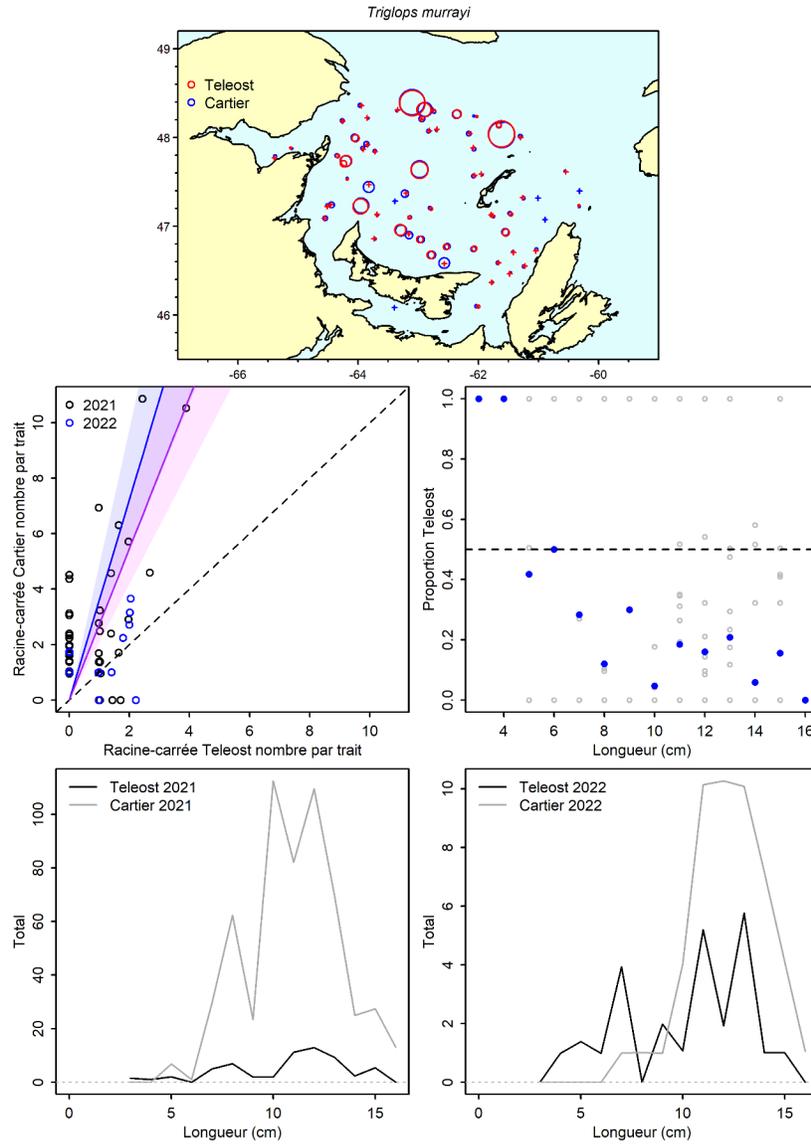


Figure 26a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Triglops murrayi*.

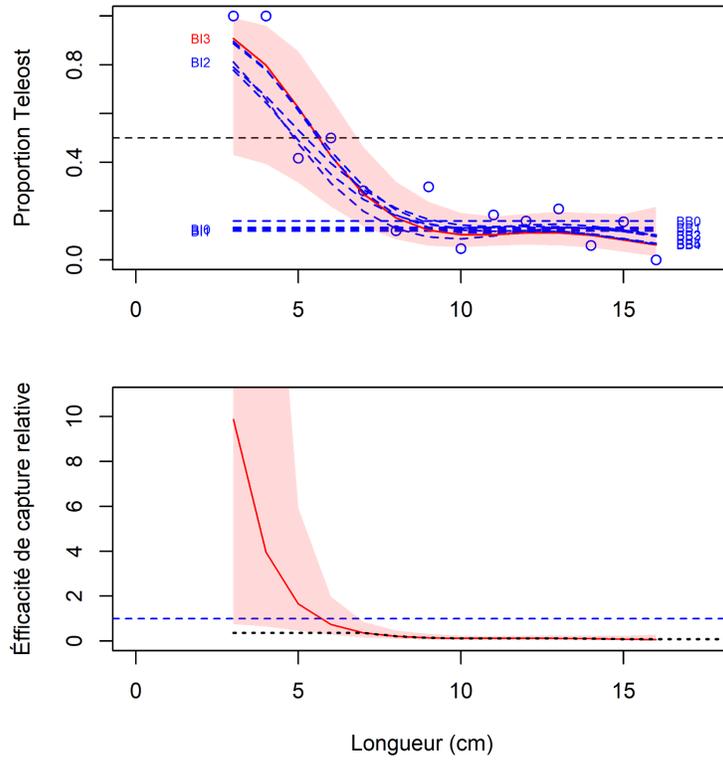


Figure 26b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour Triglops murrayi.

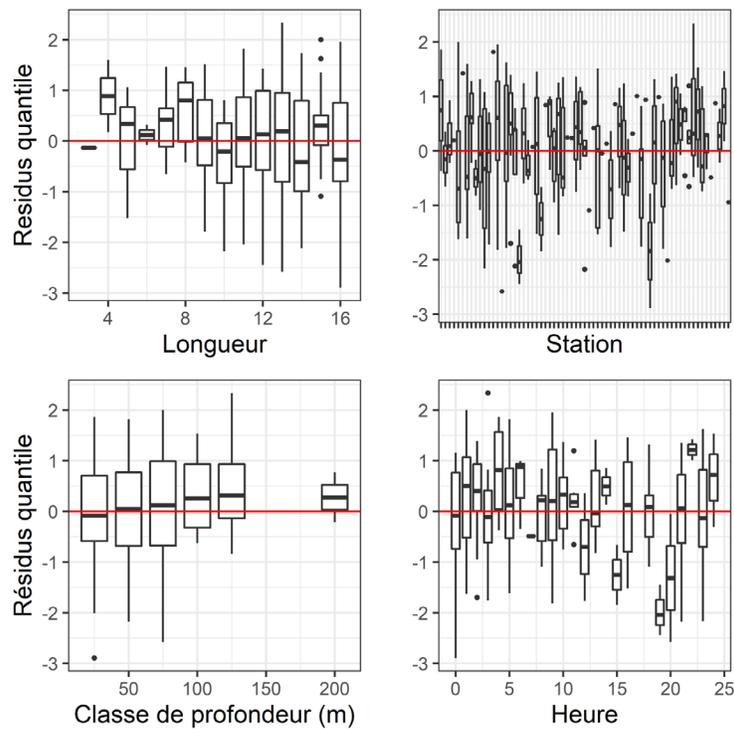


Figure 26c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour Triglops murrayi.

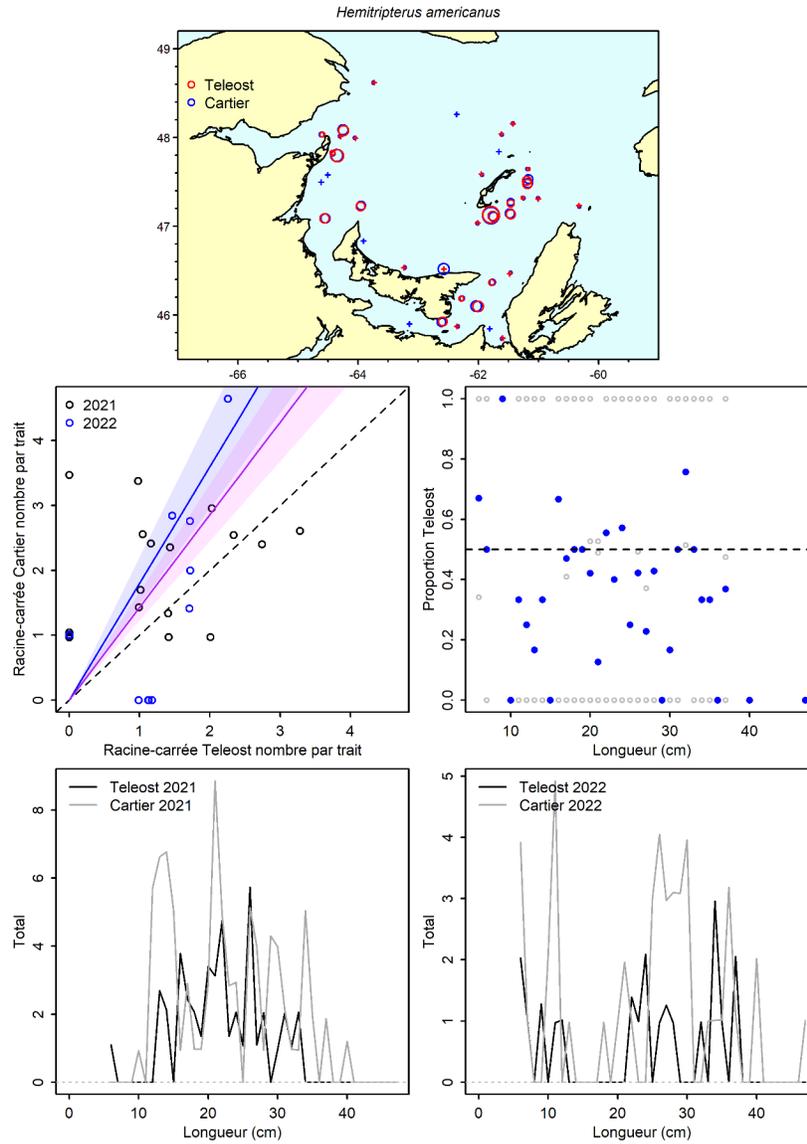


Figure 27a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Hemitripterus americanus*.

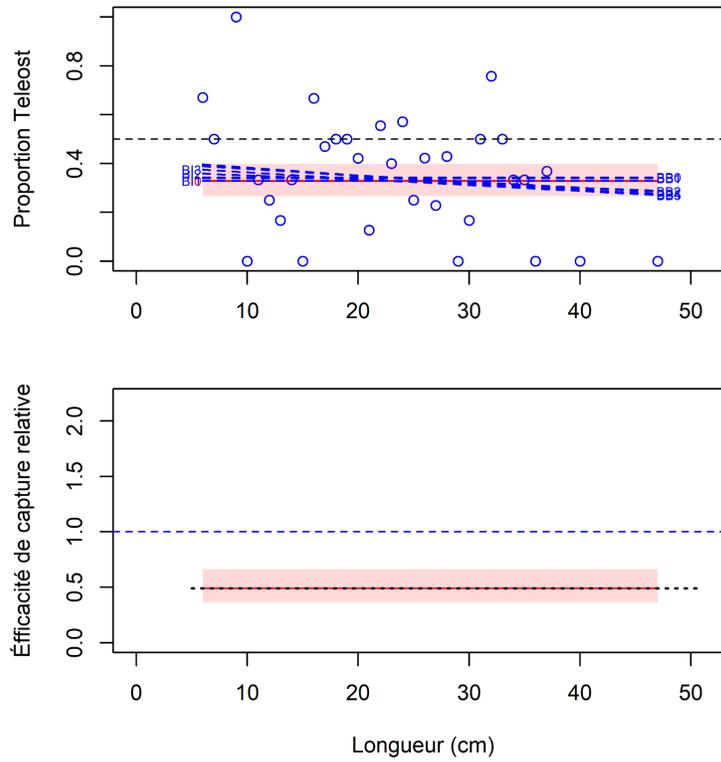


Figure 27b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hemitripteris americanus*.

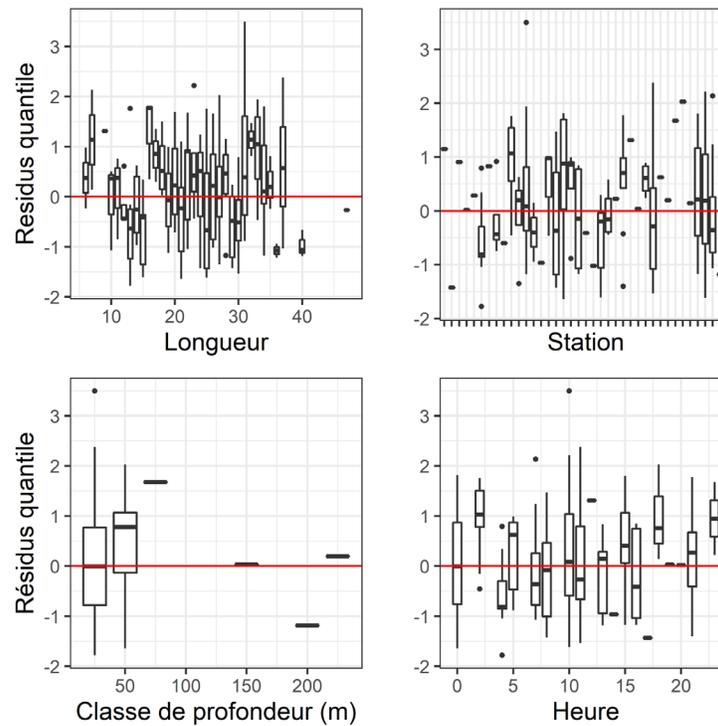


Figure 27c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Hemitripteris americanus*.

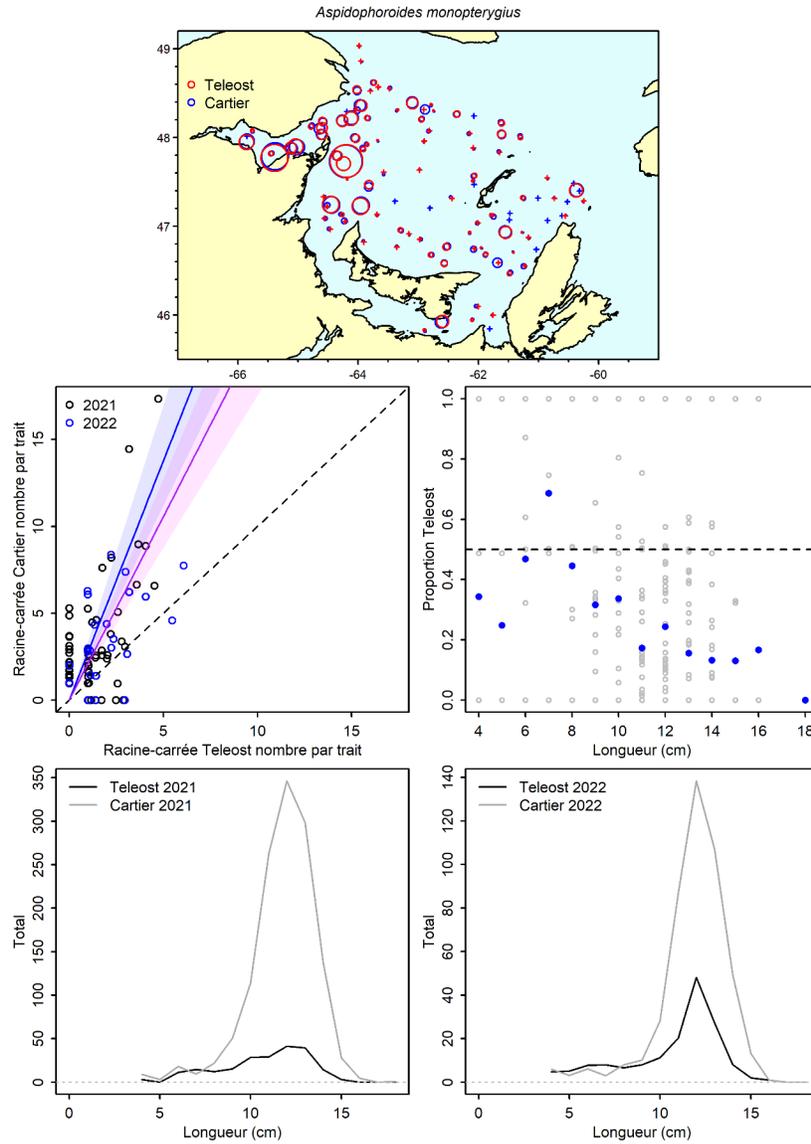


Figure 28a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Aspidophoroides monopterygius*.

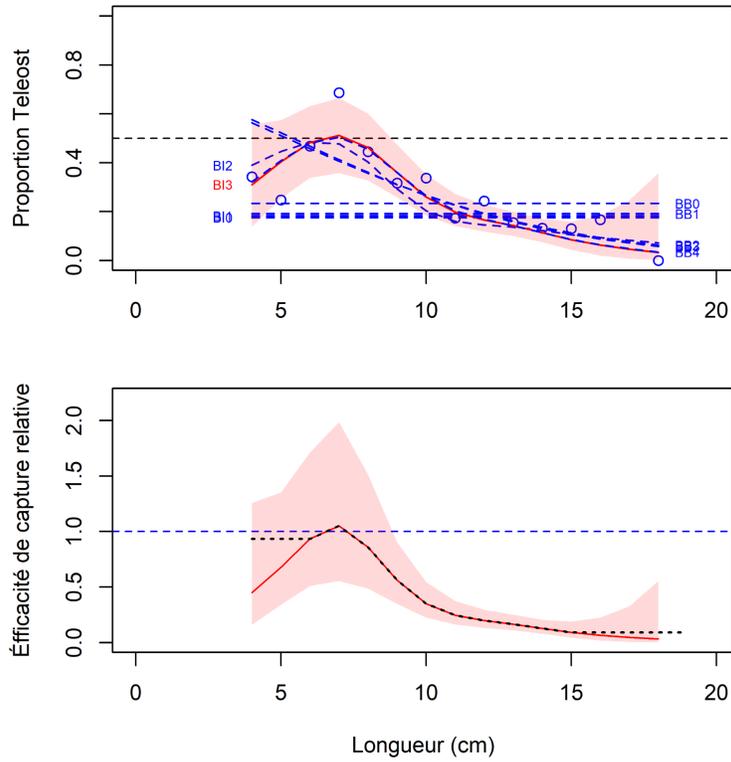


Figure 28b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Aspido-phoroides monopterygius*.

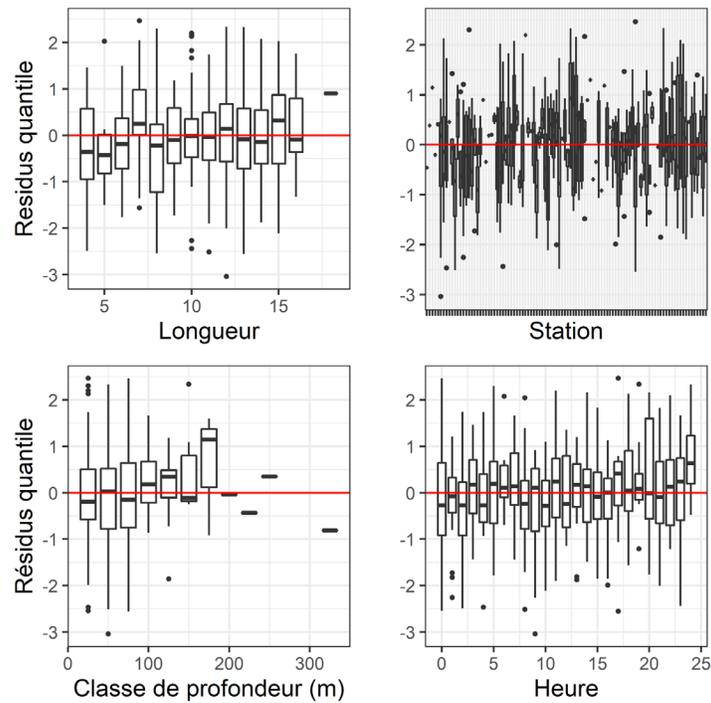


Figure 28c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Aspido-phoroides monopterygius*.

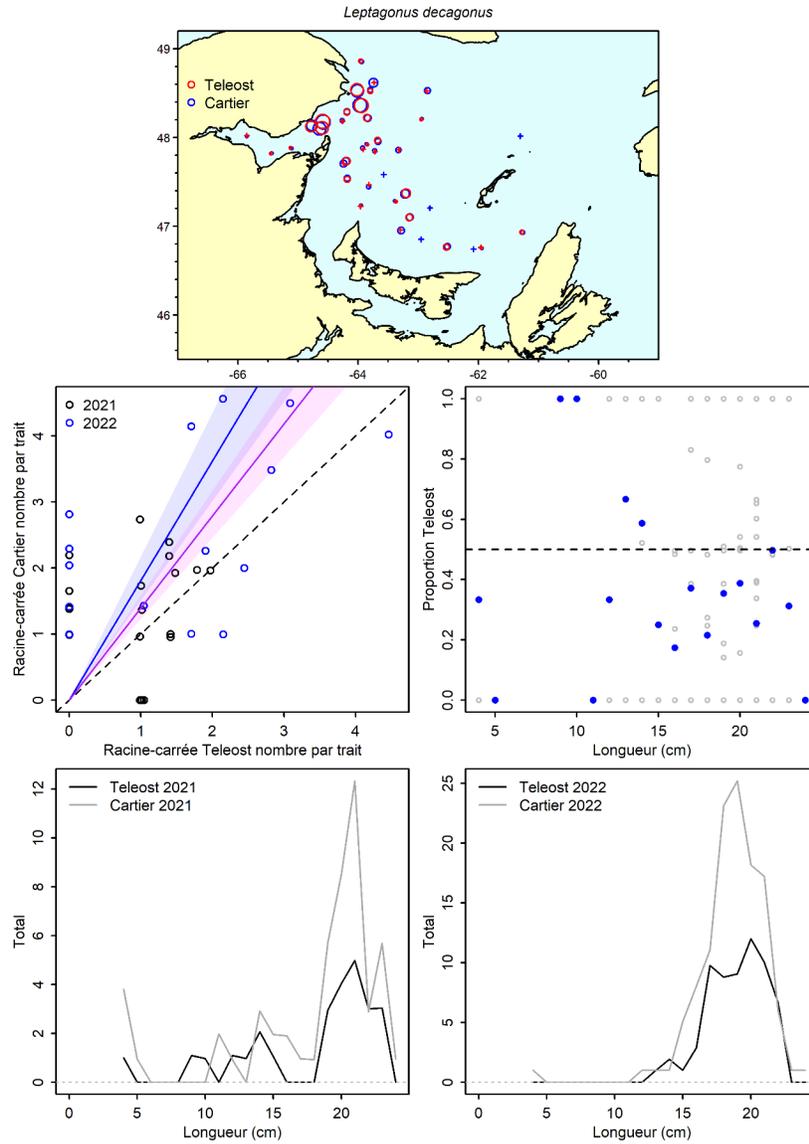


Figure 29a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Leptagonus decagonus*.

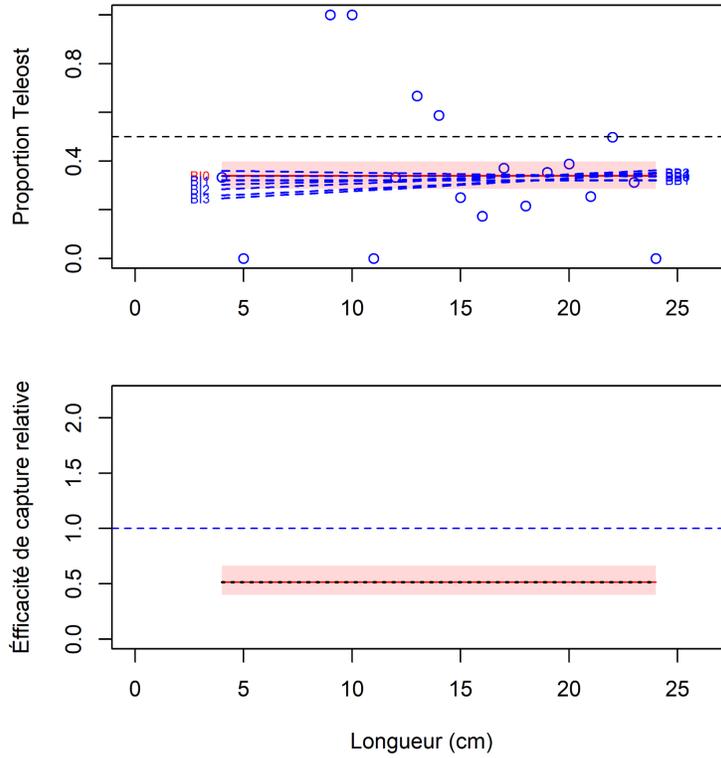


Figure 29b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Leptagonus decagonus*.

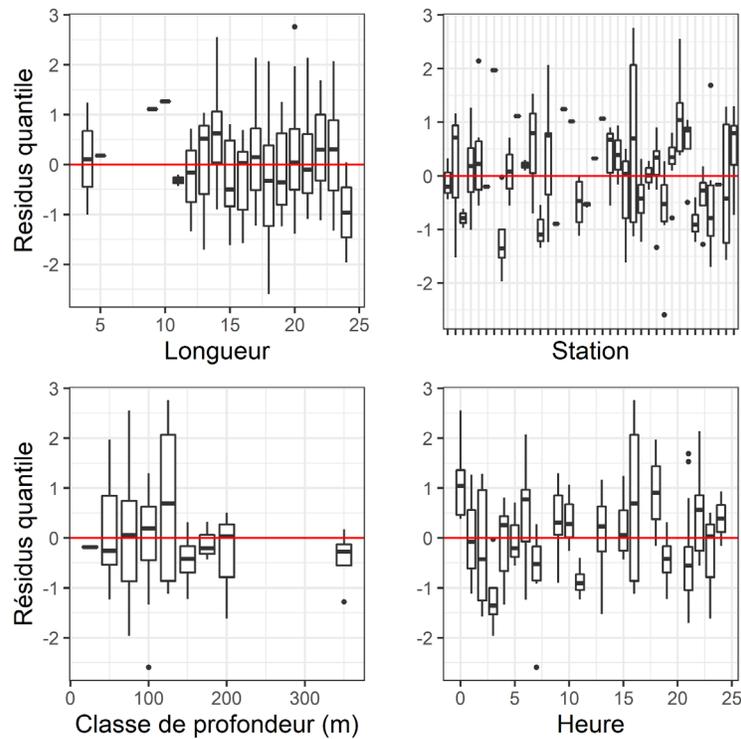


Figure 29c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Leptagonus decagonus*.

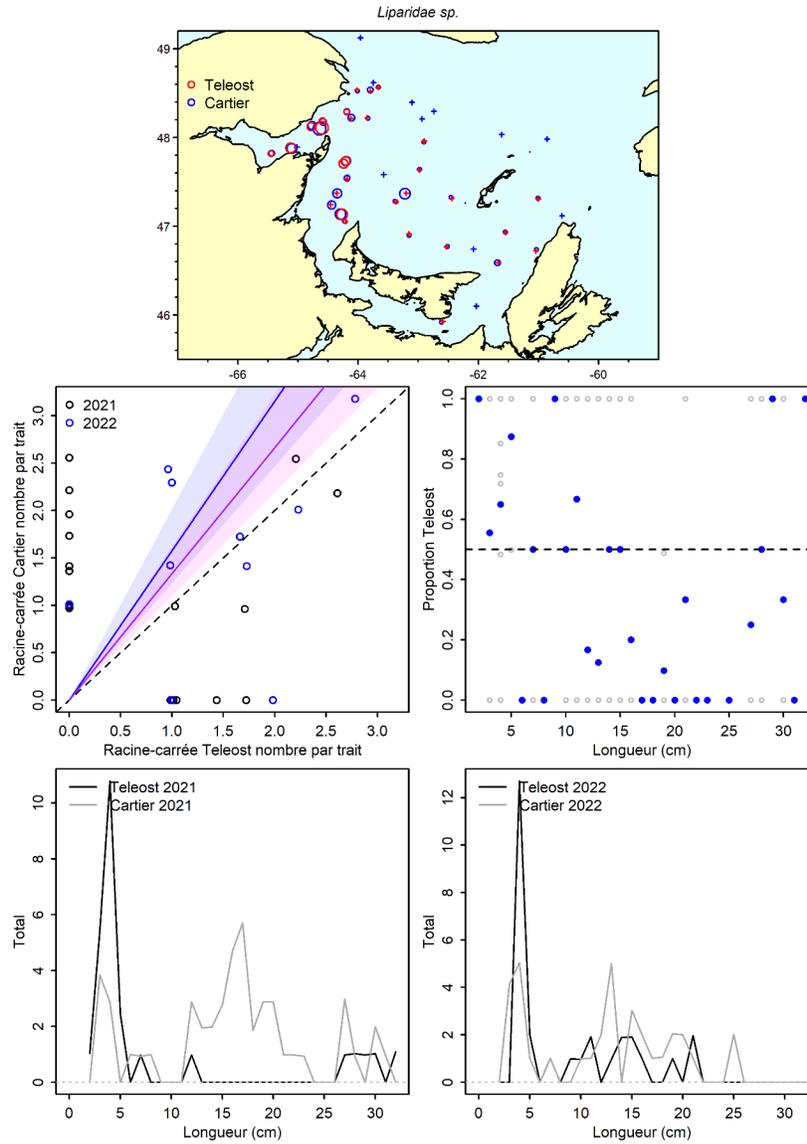


Figure 30a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Liparidae sp.*

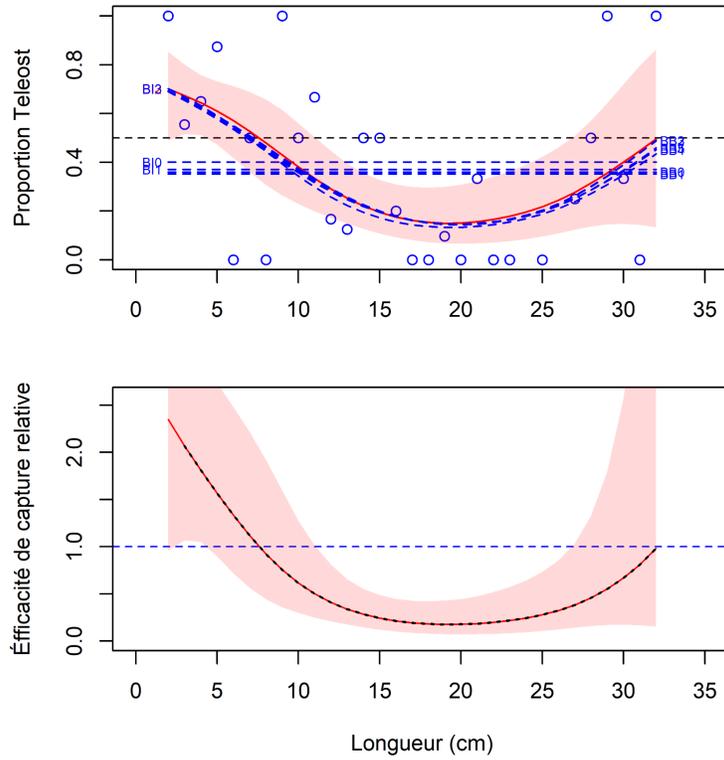


Figure 30b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Liparidae* sp.

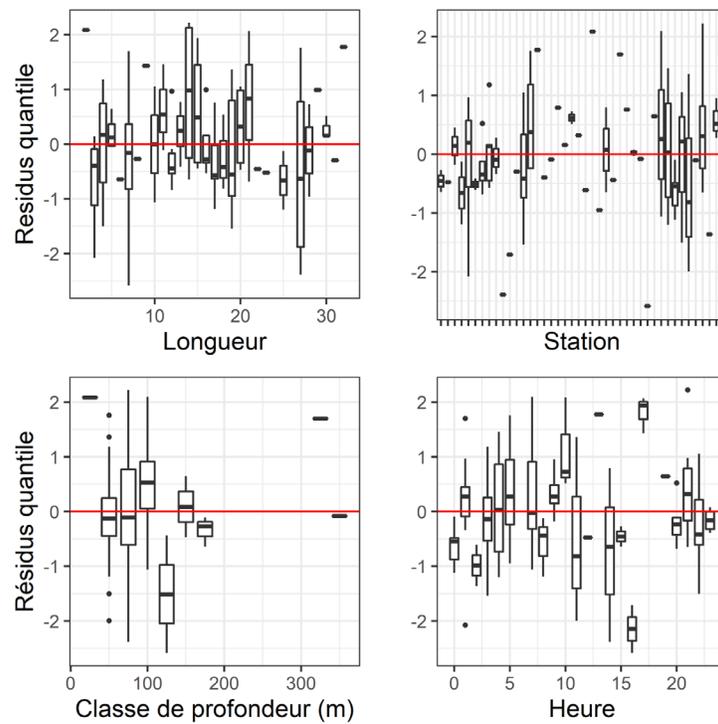


Figure 30c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Liparidae* sp.

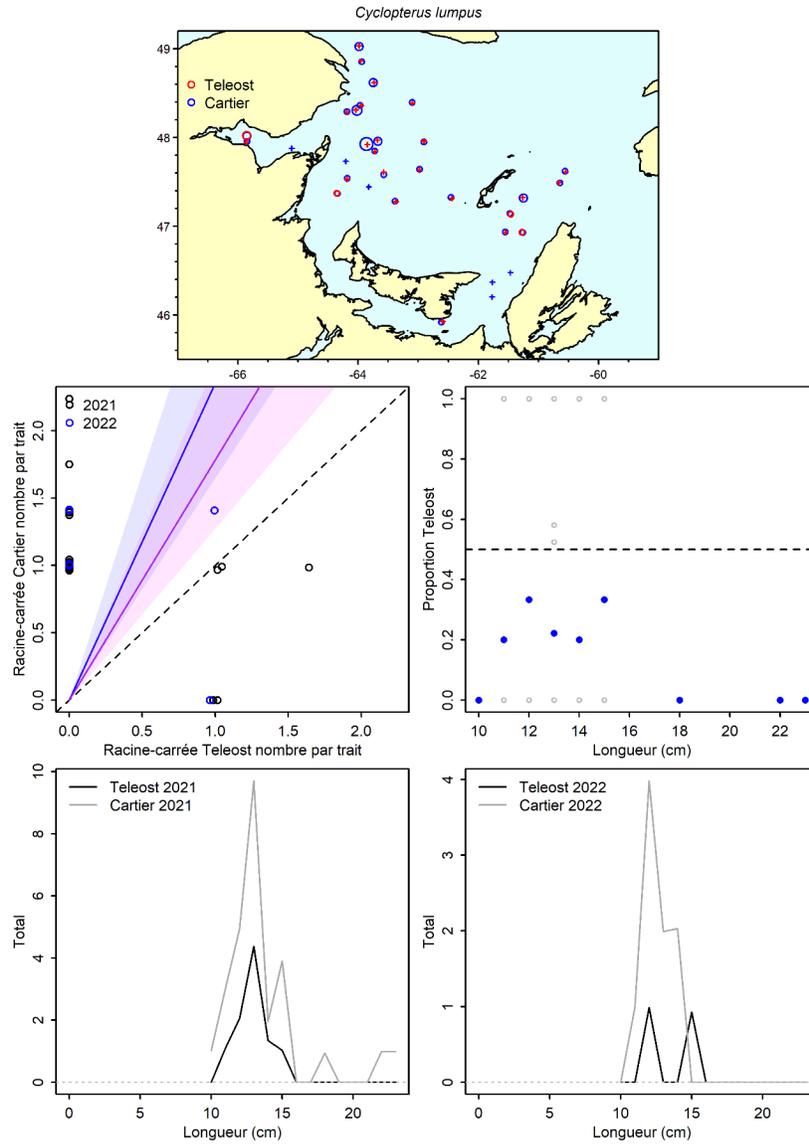


Figure 31a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Cyclopterus lumpus*.

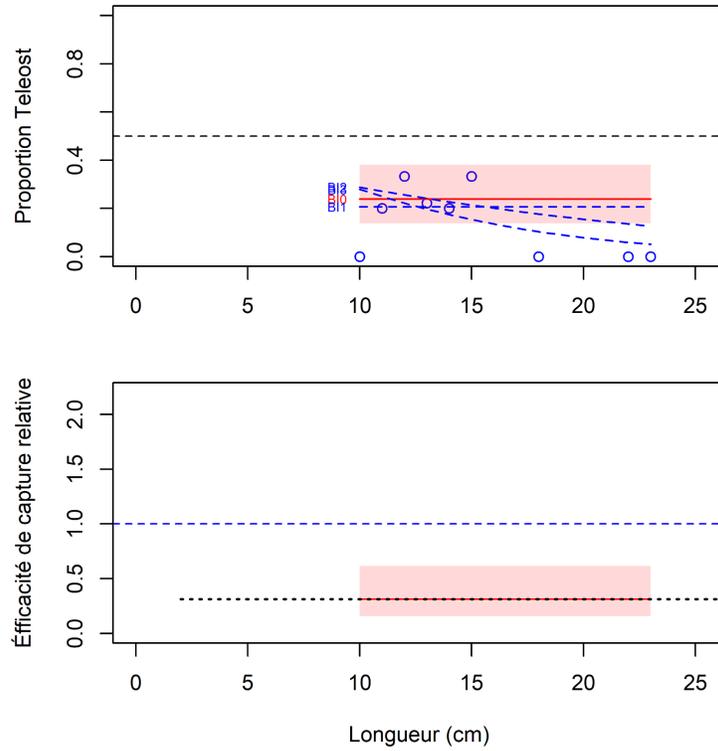


Figure 31b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Cyclopterus lumpus*.

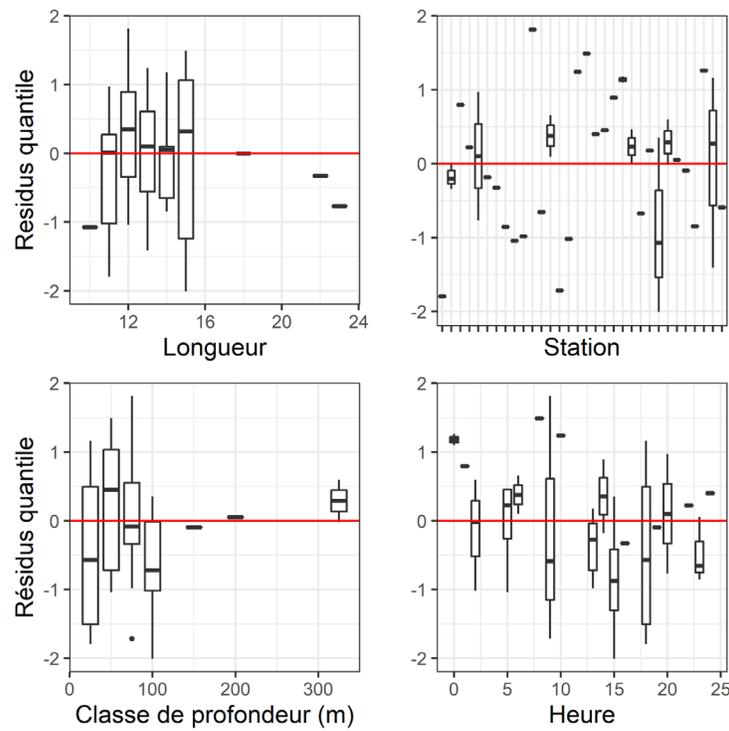


Figure 31c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Cyclopterus lumpus*.

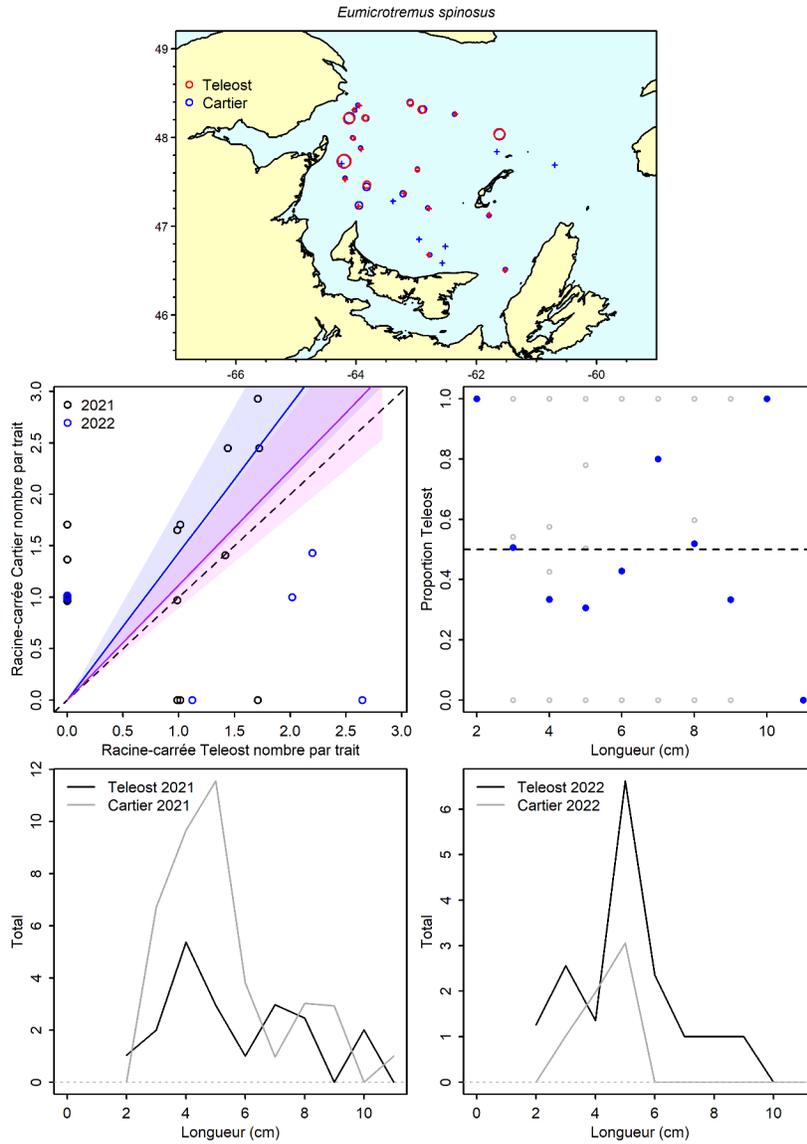


Figure 32a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Eumicrotremus spinosus*.

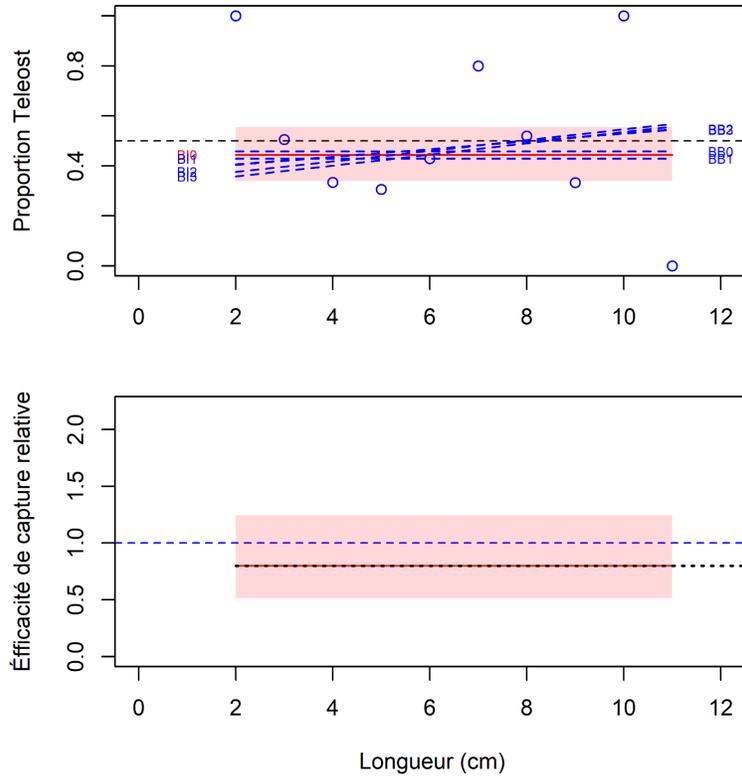


Figure 32b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Eumicrotremus spinosus*.

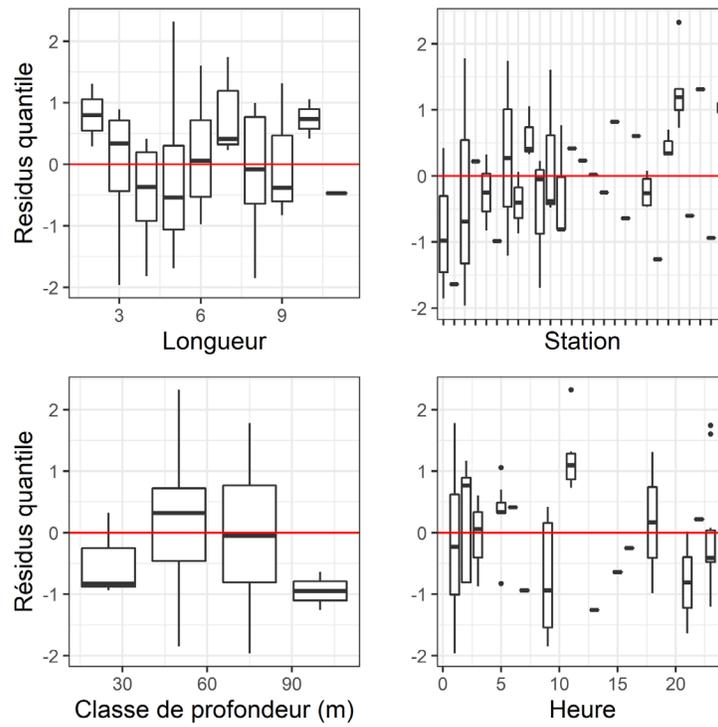


Figure 32c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Eumicrotremus spinosus*.

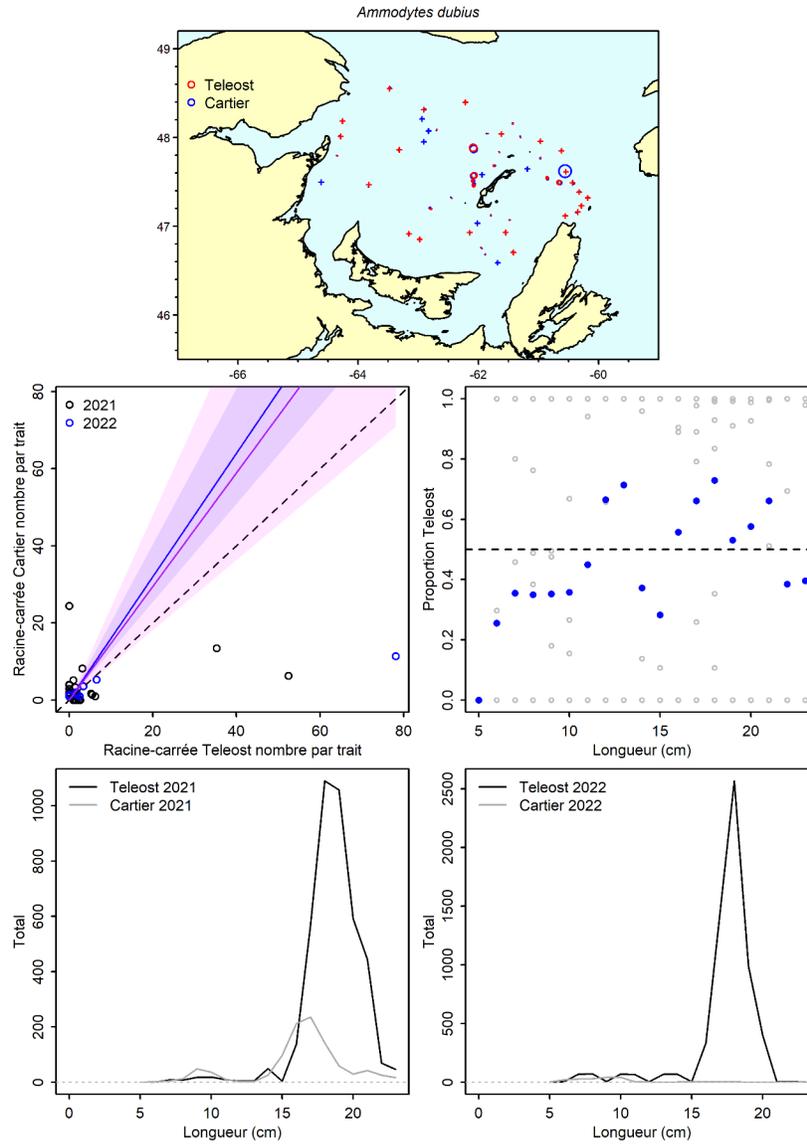


Figure 33a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Ammodytes dubius*.

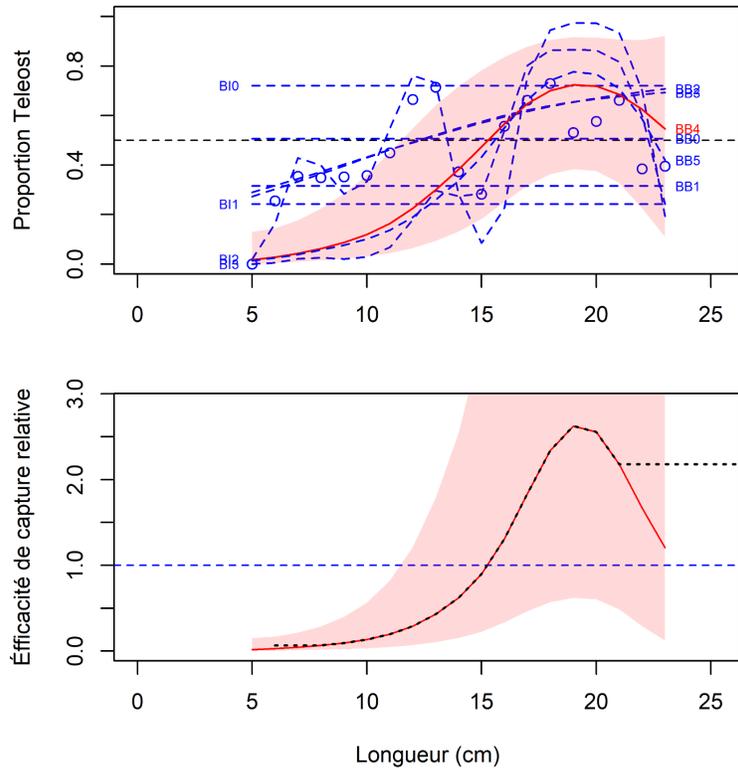


Figure 33b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Ammodytes dubius*.

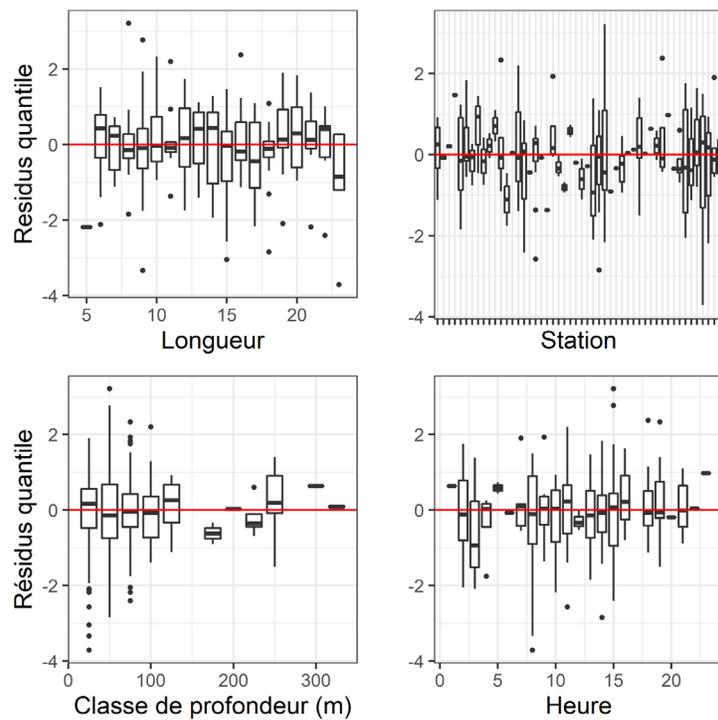


Figure 33c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Ammodytes dubius*.

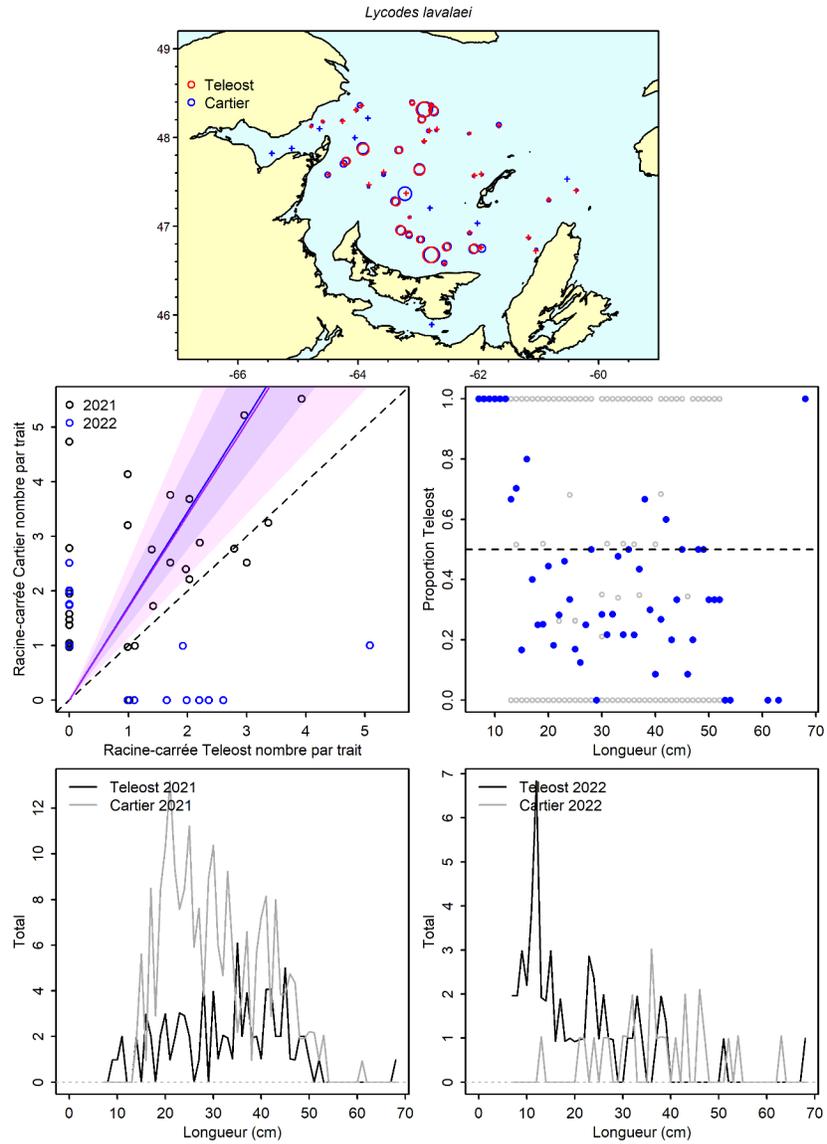


Figure 34a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Lycodes lavalaei*.

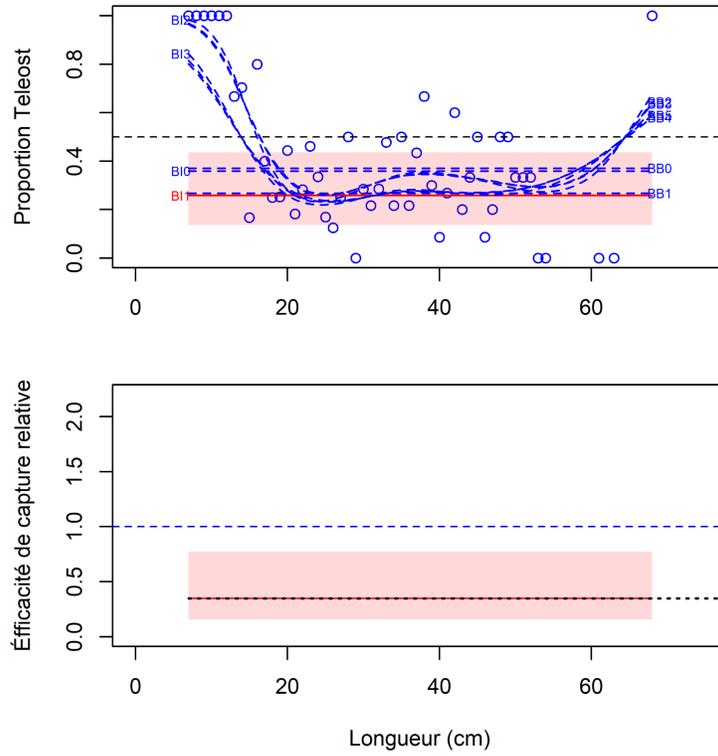


Figure 34b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lycodes lavalaei*.

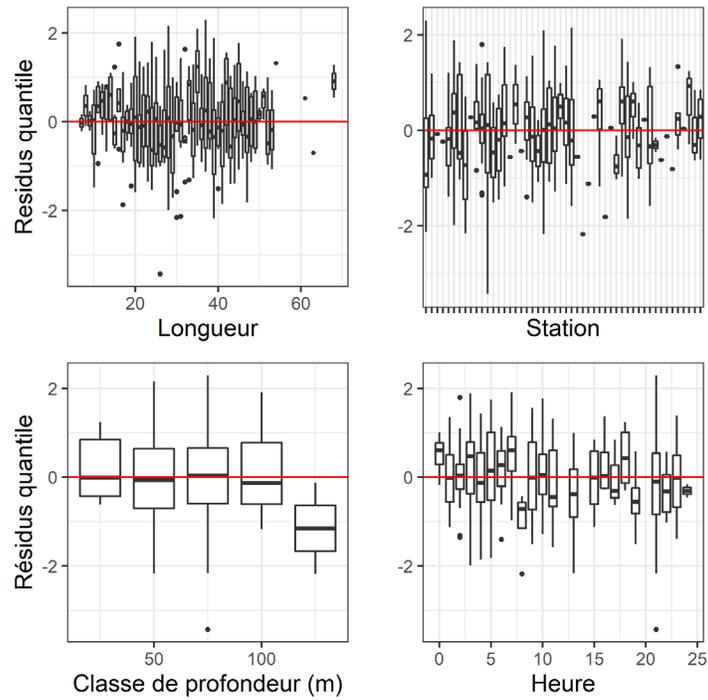


Figure 34c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Lycodes lavalaei*.

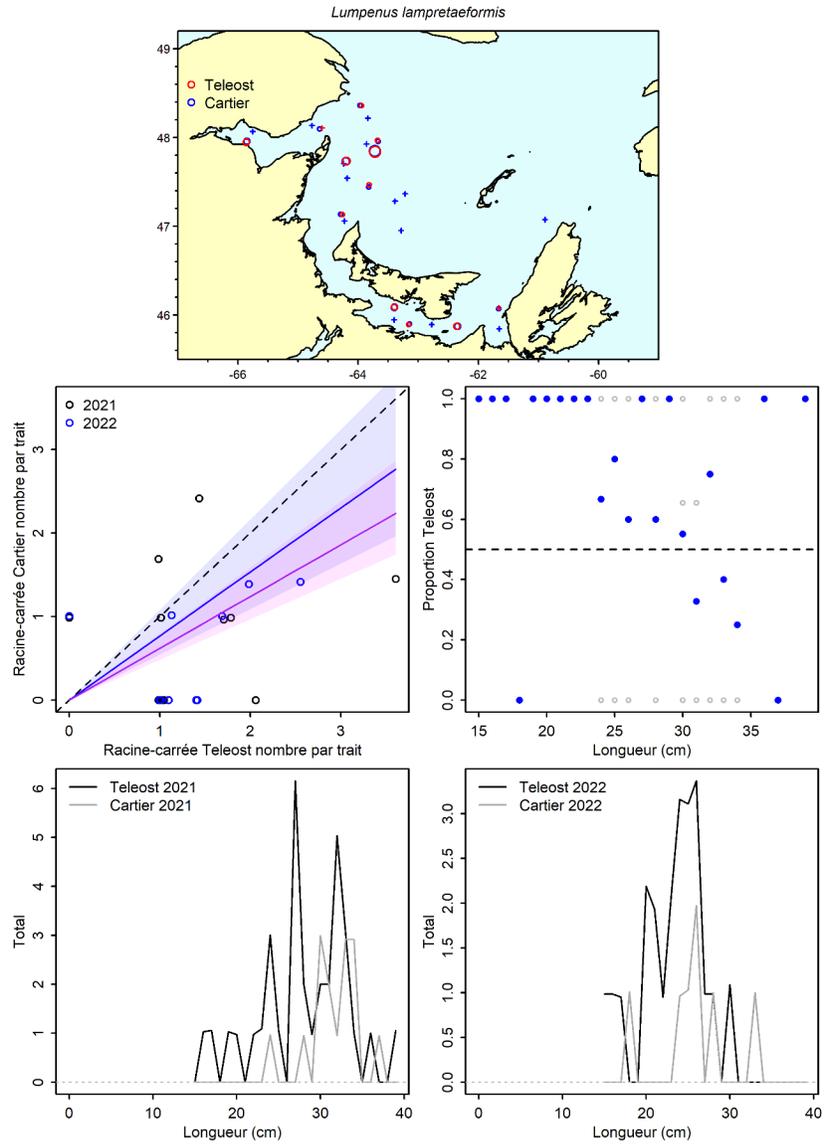


Figure 35a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Lumpenus lampretaeformis*.

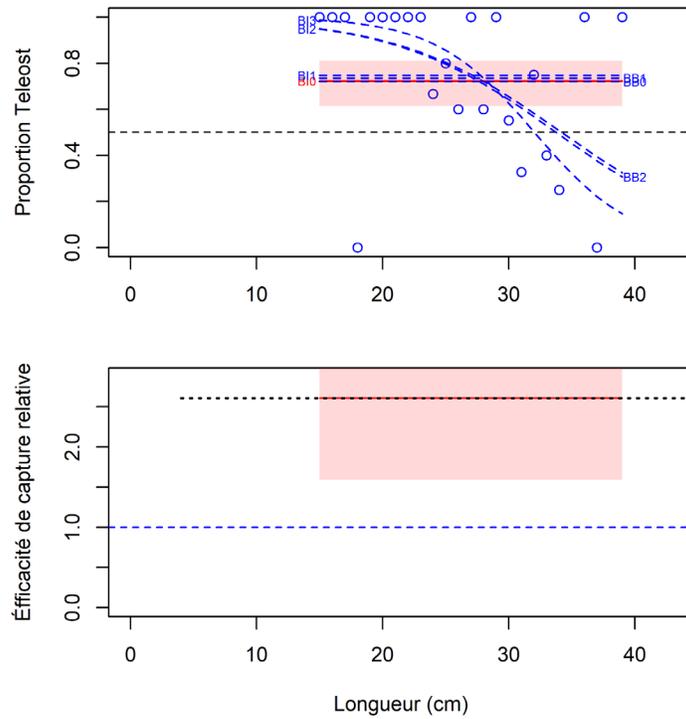


Figure 35b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lumpenus lampraeformis*.

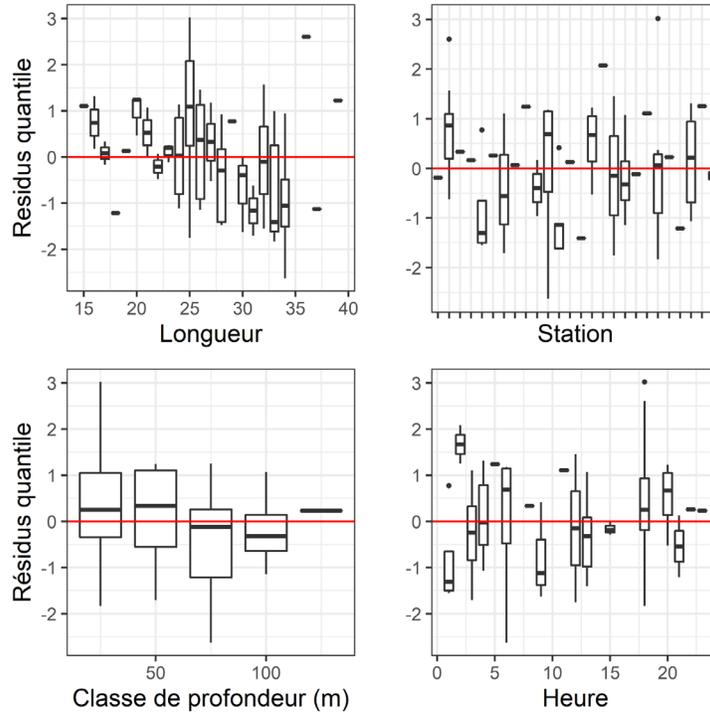


Figure 35c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Lumpenus lampraeformis*.

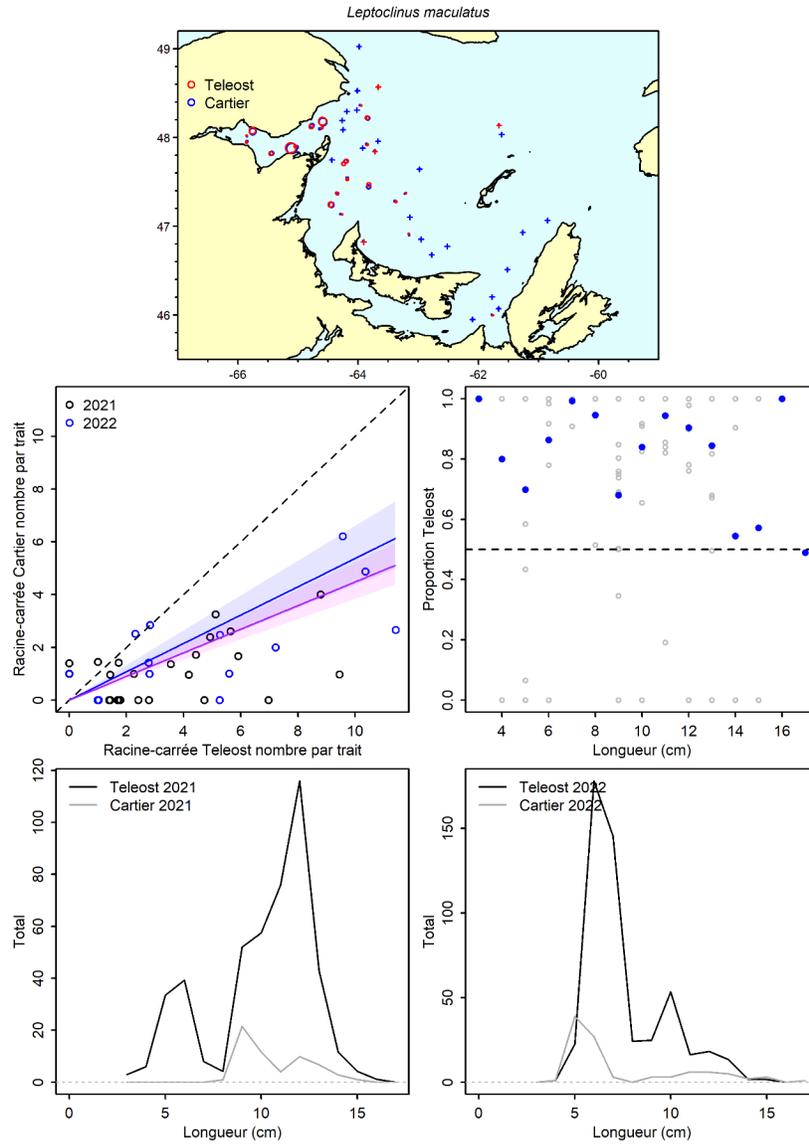


Figure 36a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Leptoclinus maculatus*.

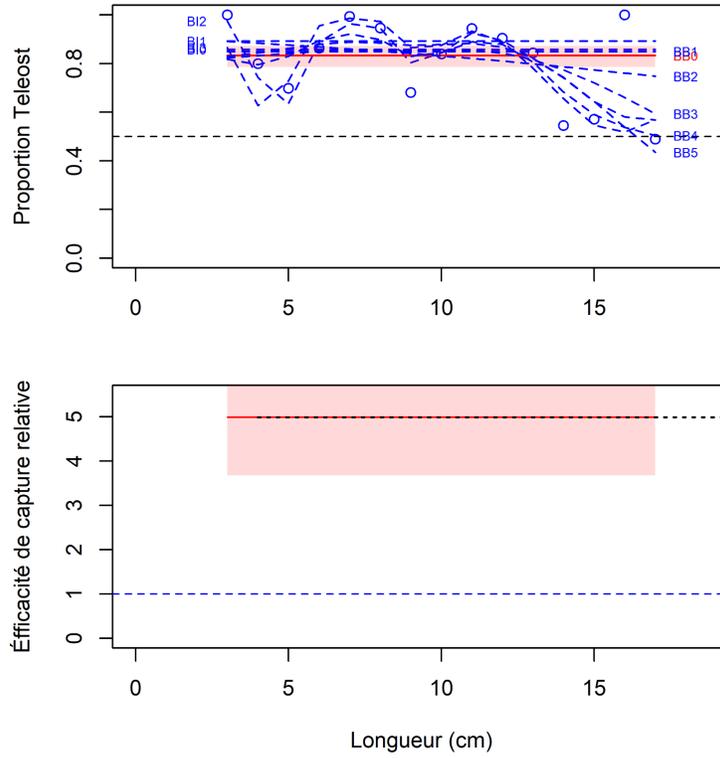


Figure 36b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Leptoclinus maculatus*.

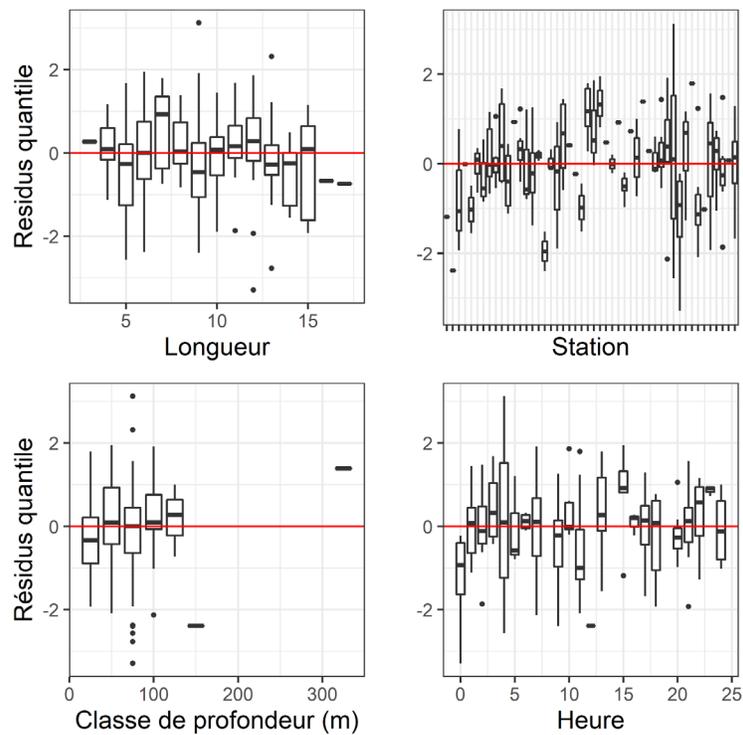


Figure 36c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Leptoclinus maculatus*.

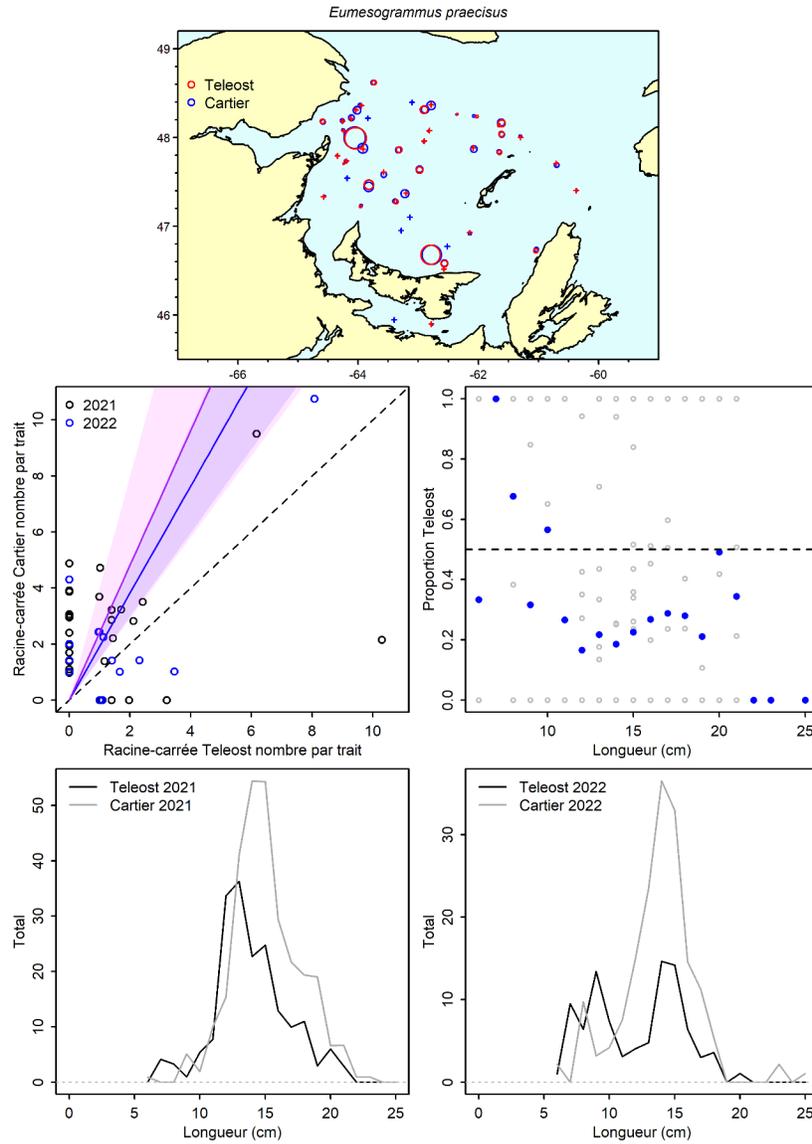


Figure 37a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Eumesogrammus praecisus*.

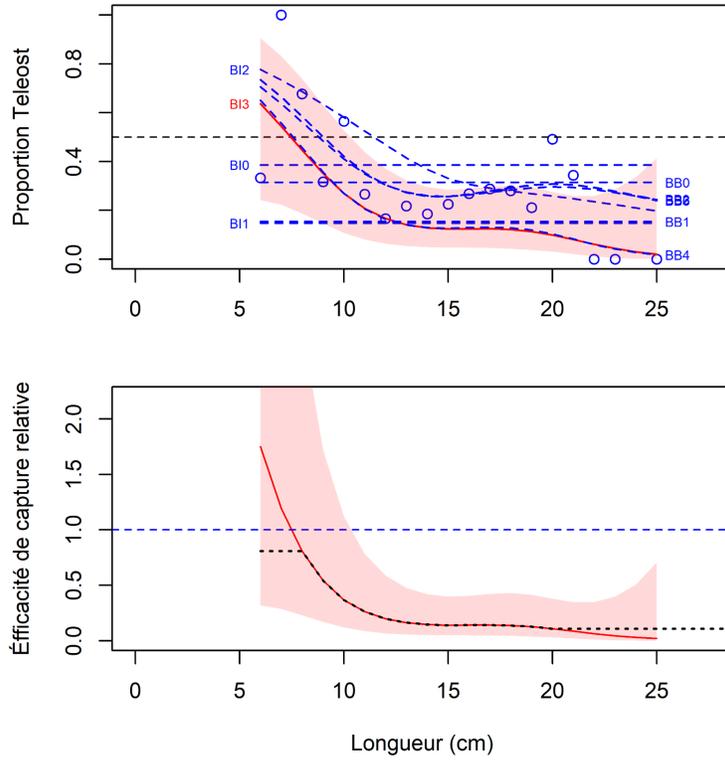


Figure 37b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Eumesogrammus praecisus*.

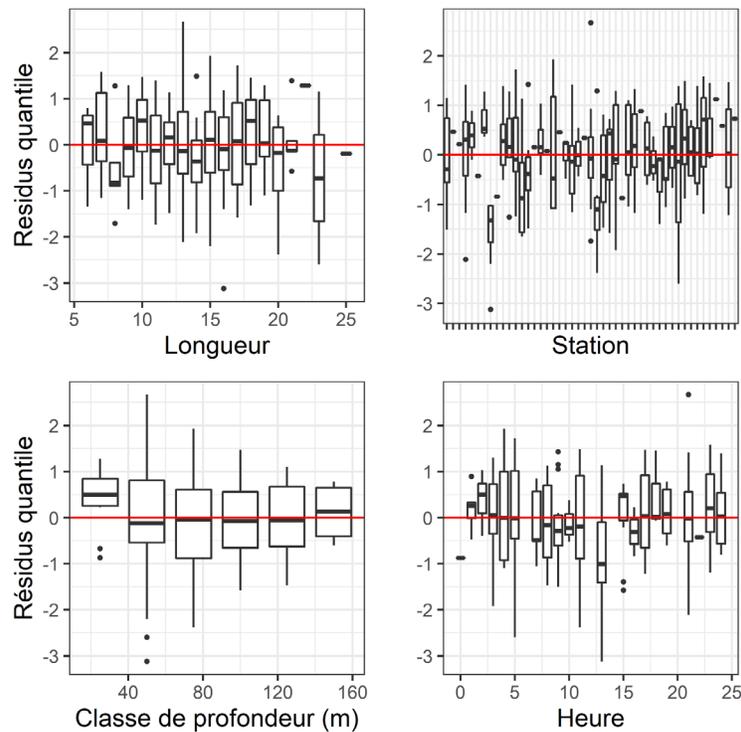


Figure 37c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Eumesogrammus praecisus*.

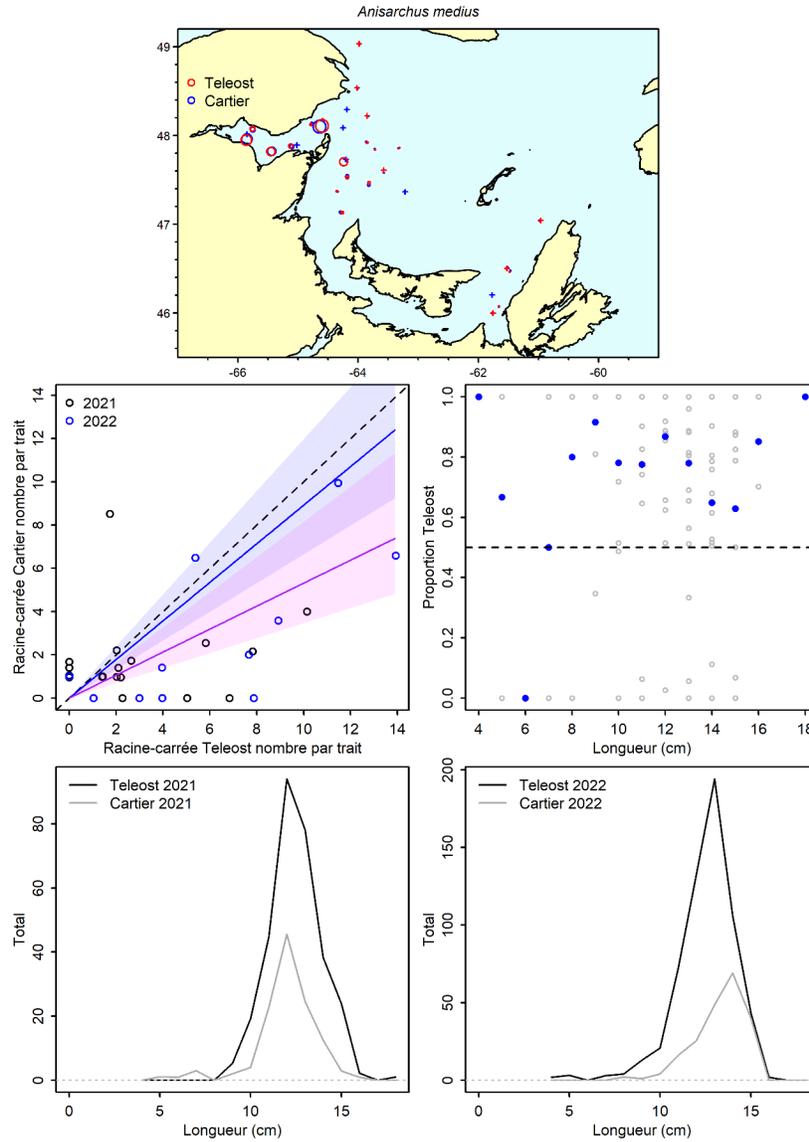


Figure 38a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Anisarchus medius*.

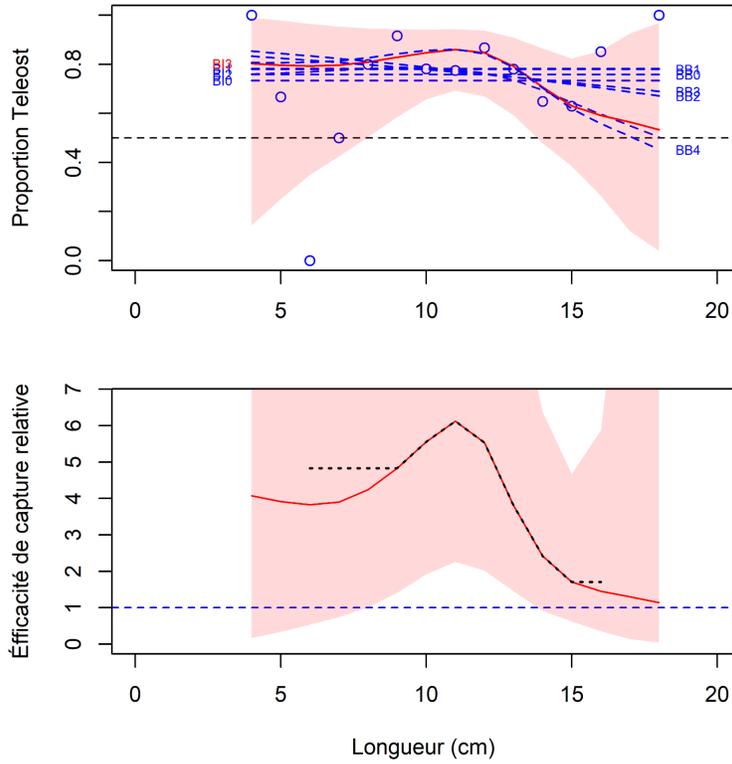


Figure 38b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Anisarchus medius*.

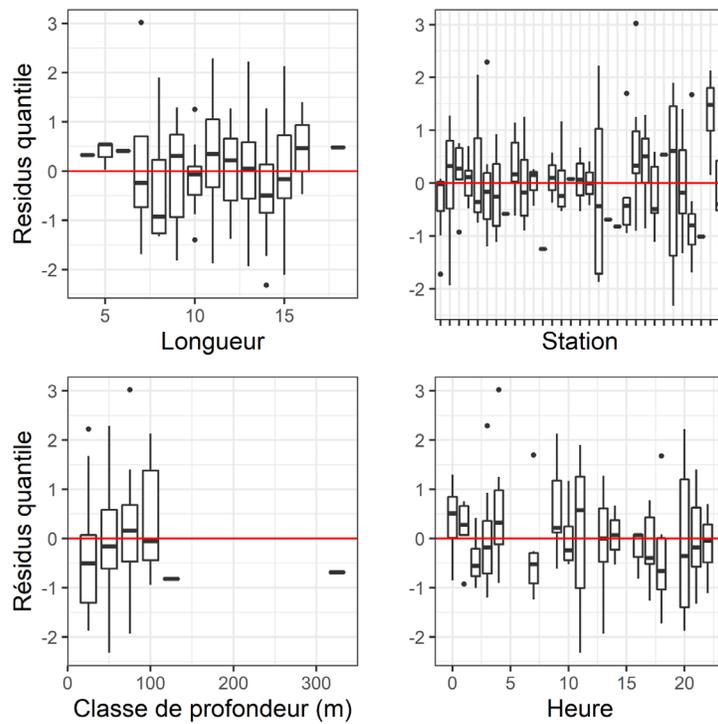


Figure 38c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Anisarchus medius*.

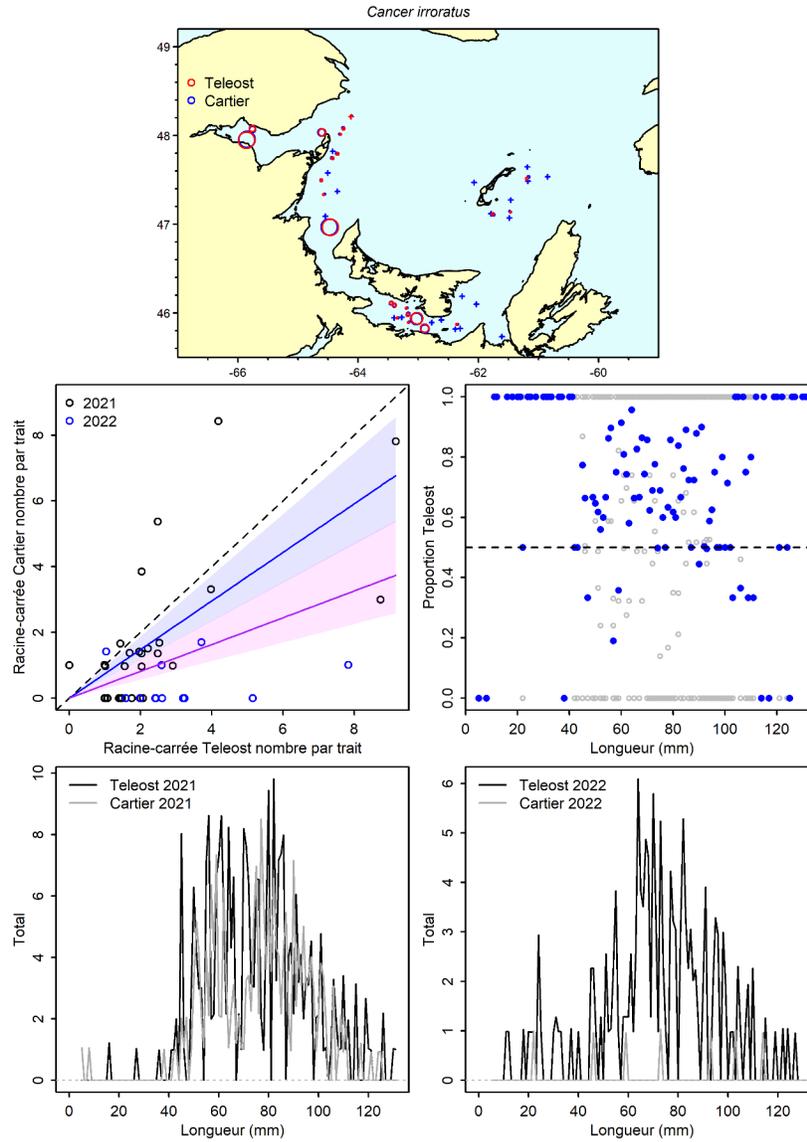


Figure 39a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Cancer irroratus*.

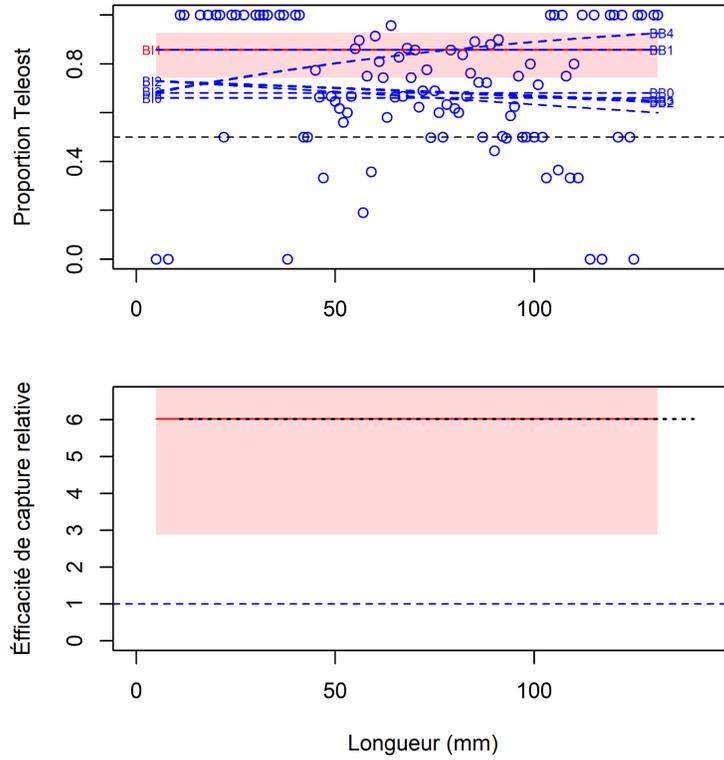


Figure 39b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Cancer irroratus*.

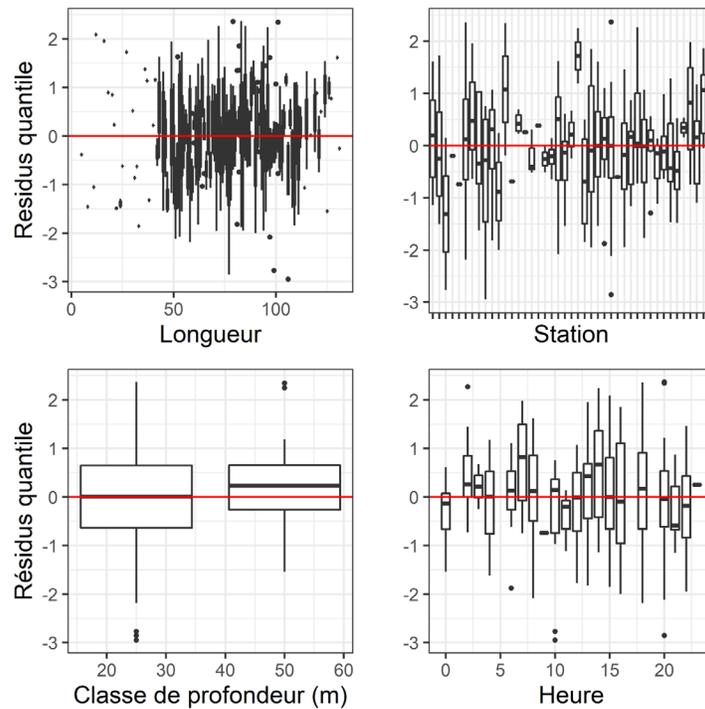


Figure 39c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Cancer irroratus*.

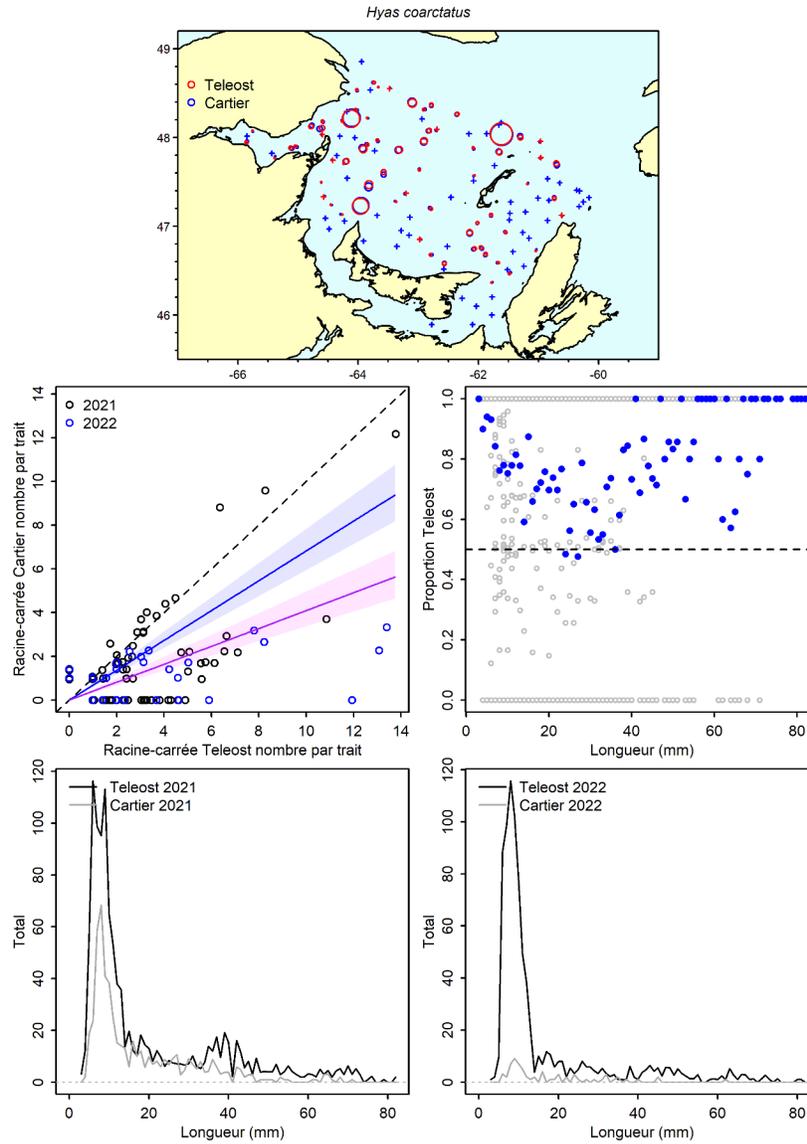


Figure 40a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Hyas coarctatus*.

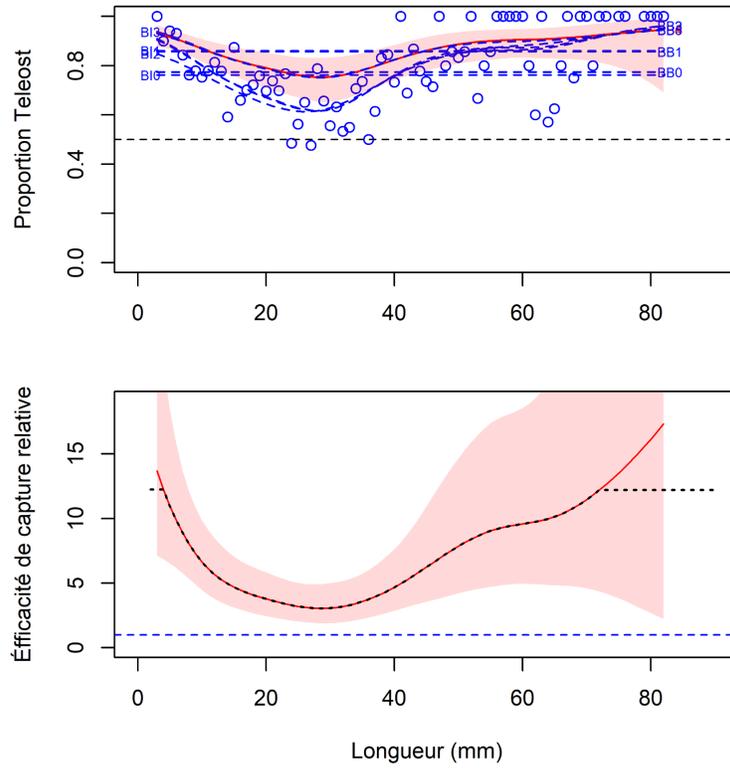


Figure 40b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hyas coarctatus*.

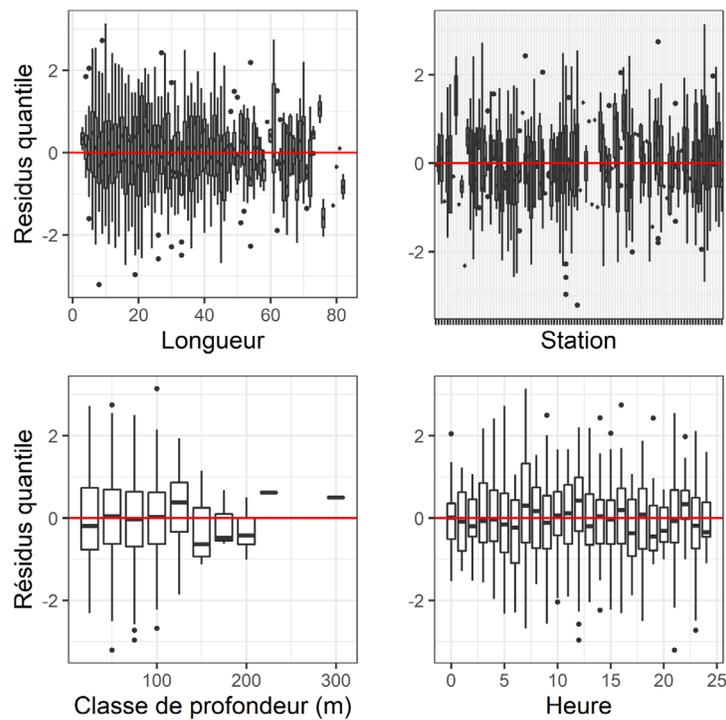


Figure 40c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Hyas coarctatus*.

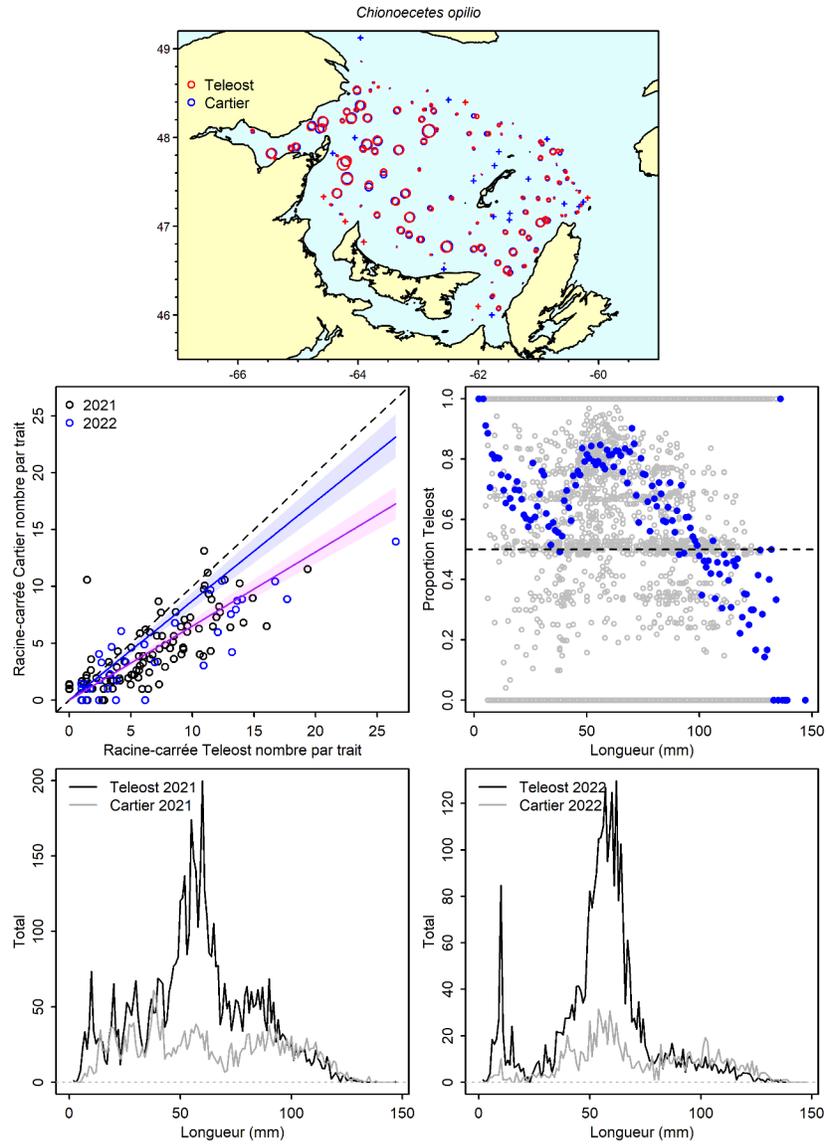


Figure 41a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Chionoecetes opilio*.

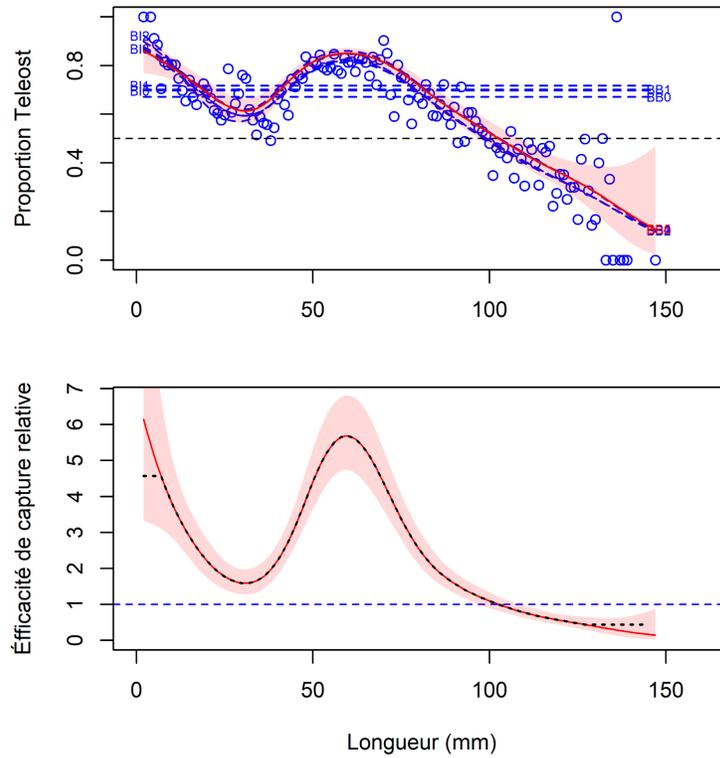


Figure 41b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Chionoecetes opilio*.

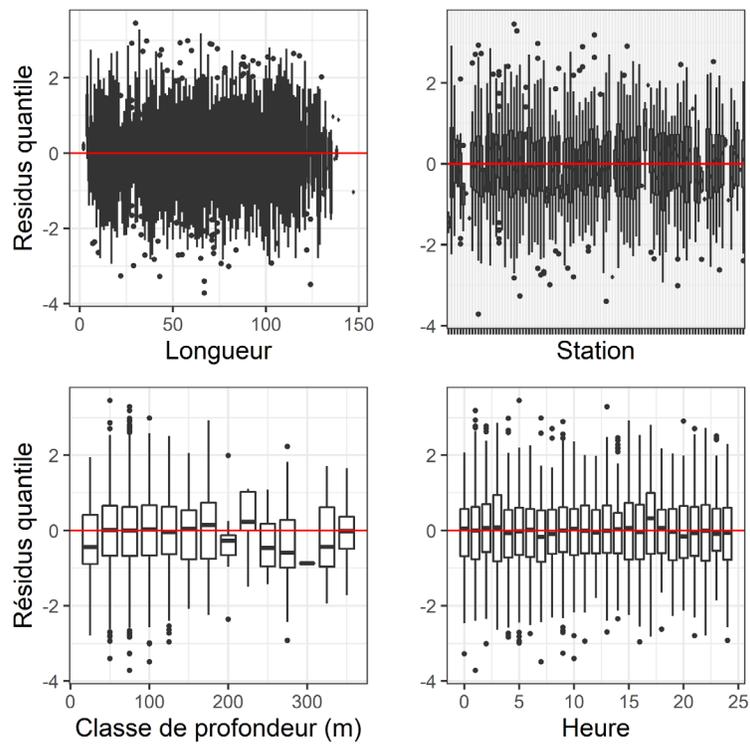


Figure 41c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Chionoecetes opilio*.

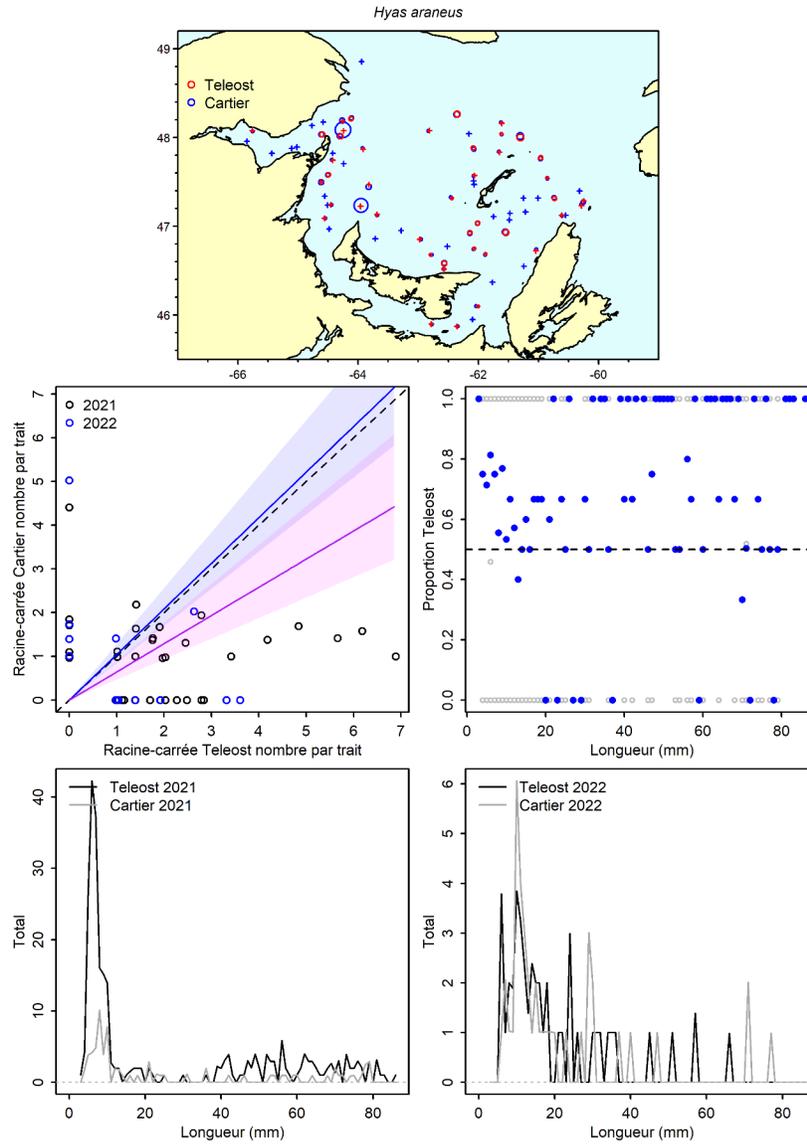


Figure 42a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Hyas araneus*.

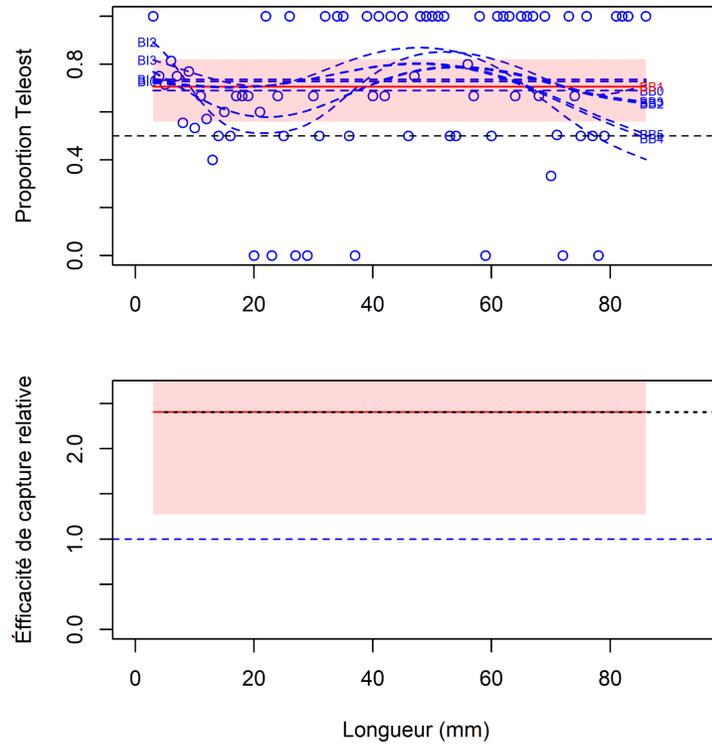


Figure 42b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hyas araneus*.

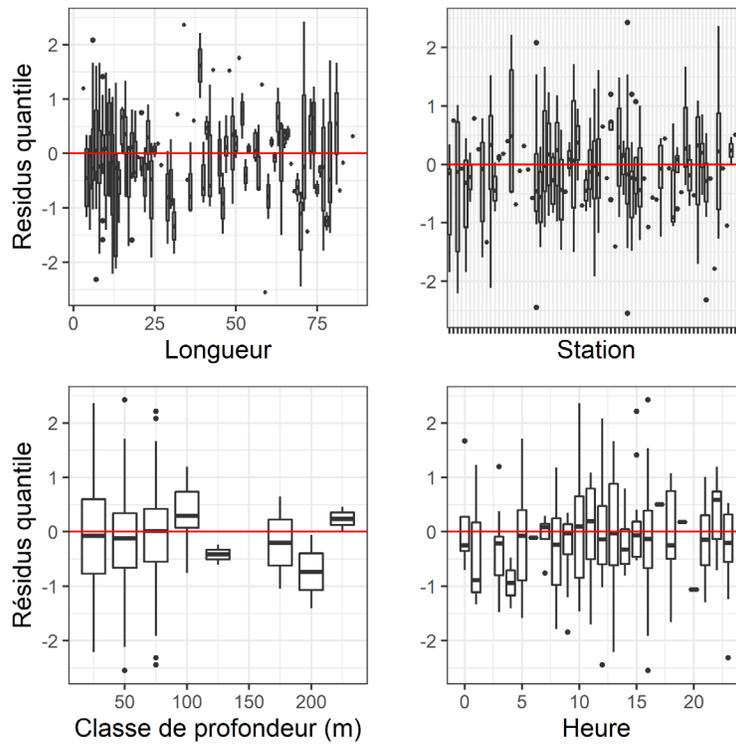


Figure 42c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Hyas araneus*.

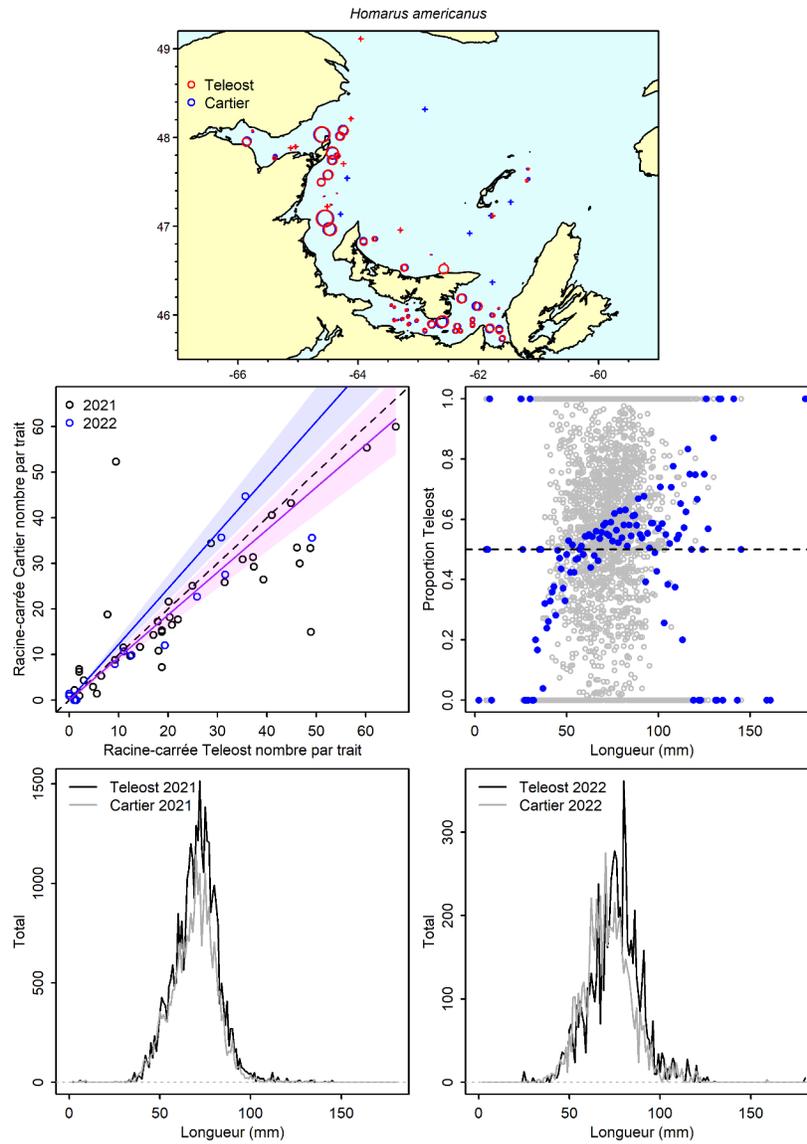


Figure 43a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Homarus americanus*.

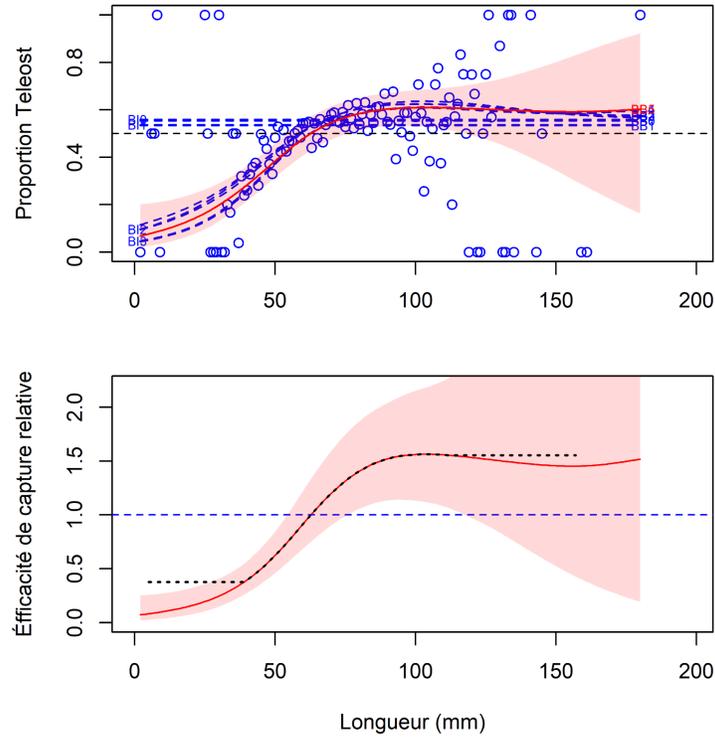


Figure 43b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Homarus americanus*.

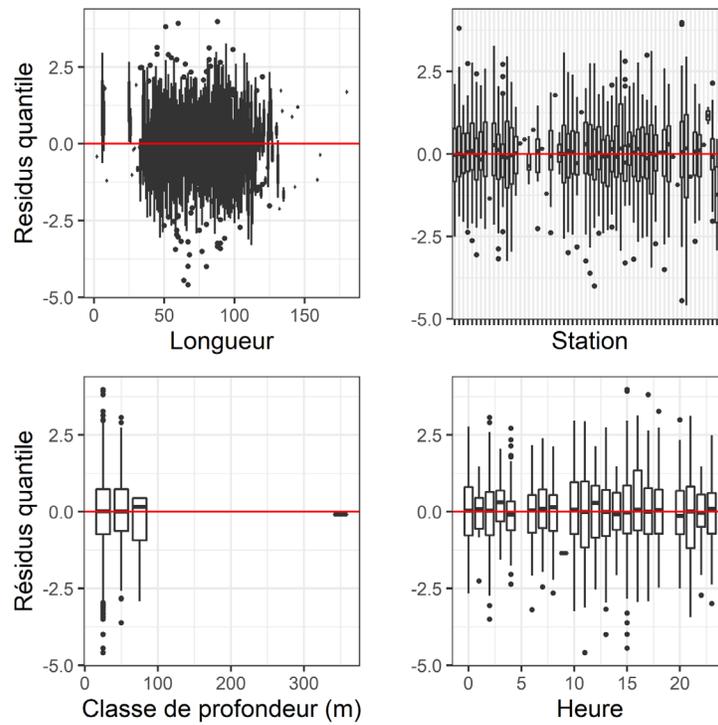


Figure 43c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Homarus americanus*.

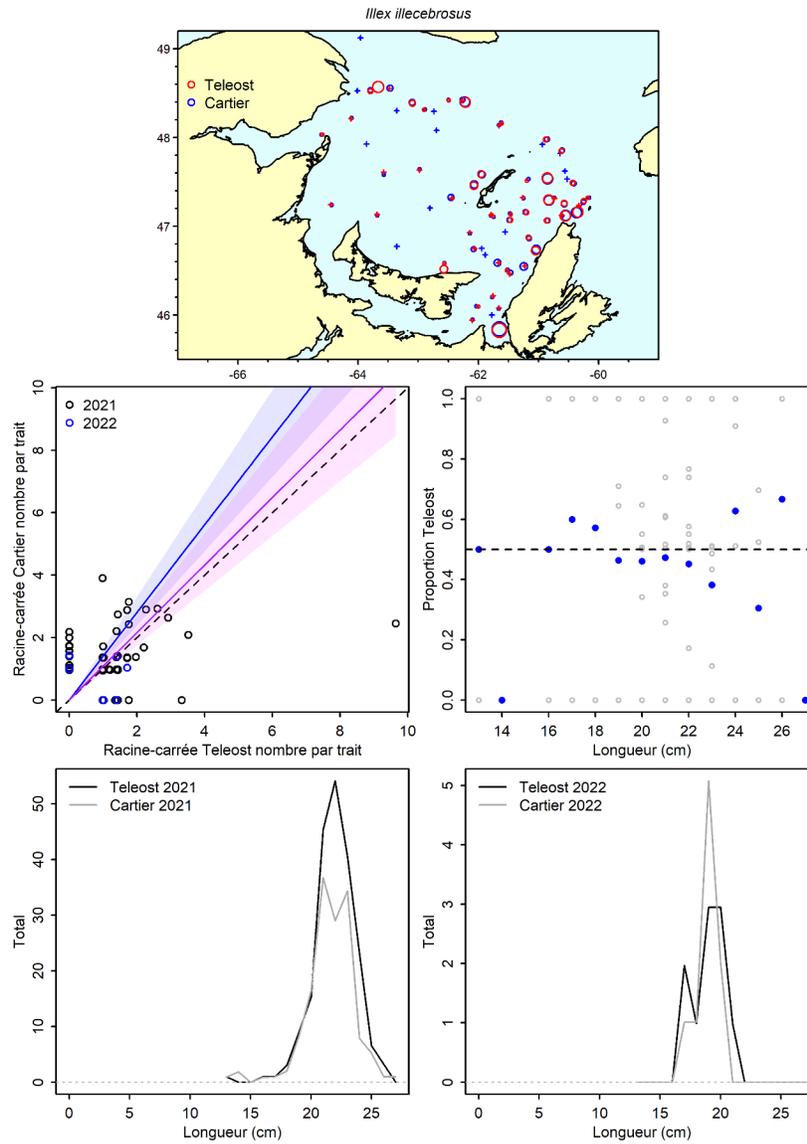


Figure 44a. Visualisation des données sur la pêche comparative et des prédictions du modèle avec regroupement par taille pour *Illex illecebrosus*.

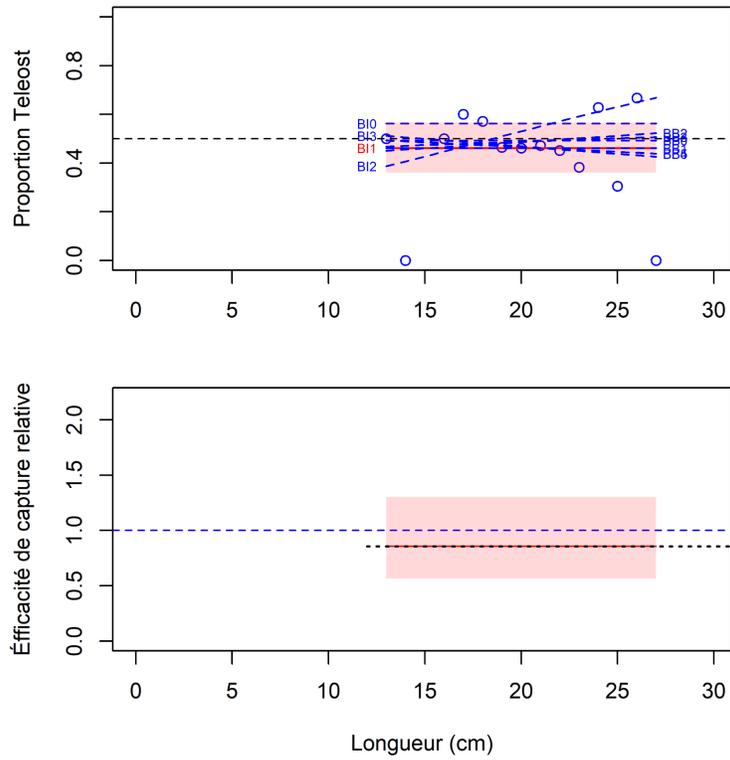


Figure 44b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Illex illecebrosus*.

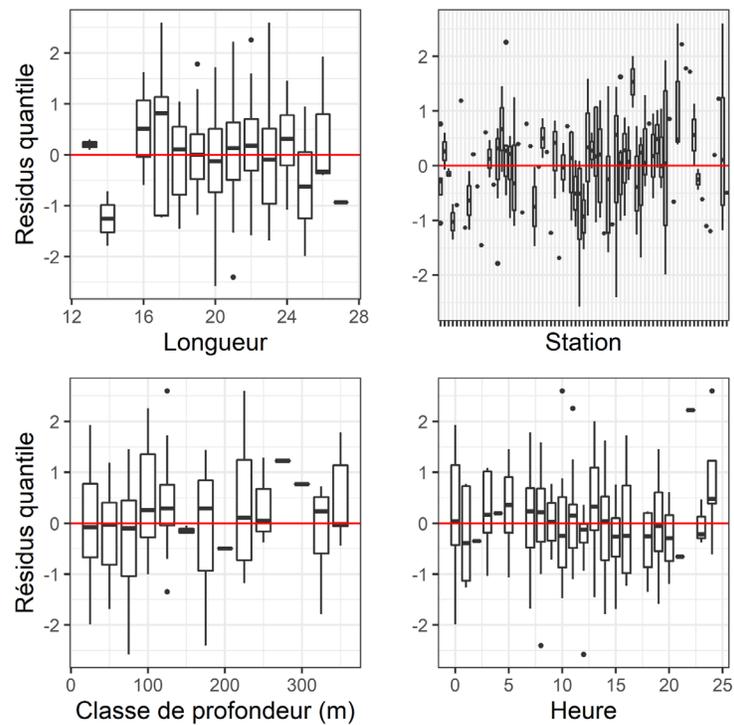


Figure 44c. Quantiles des résidus normalisés du modèle sélectionné pour *Illex illecebrosus*.

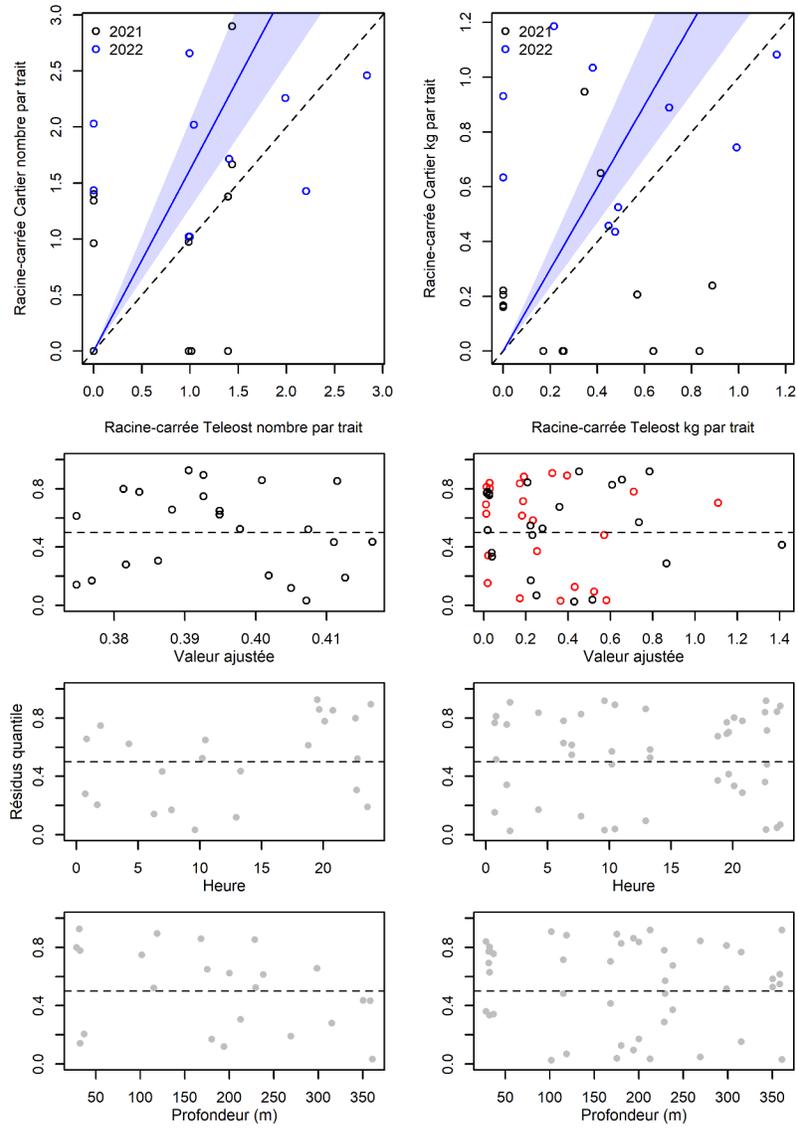


Figure 45. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Merluccius bilinearis*.

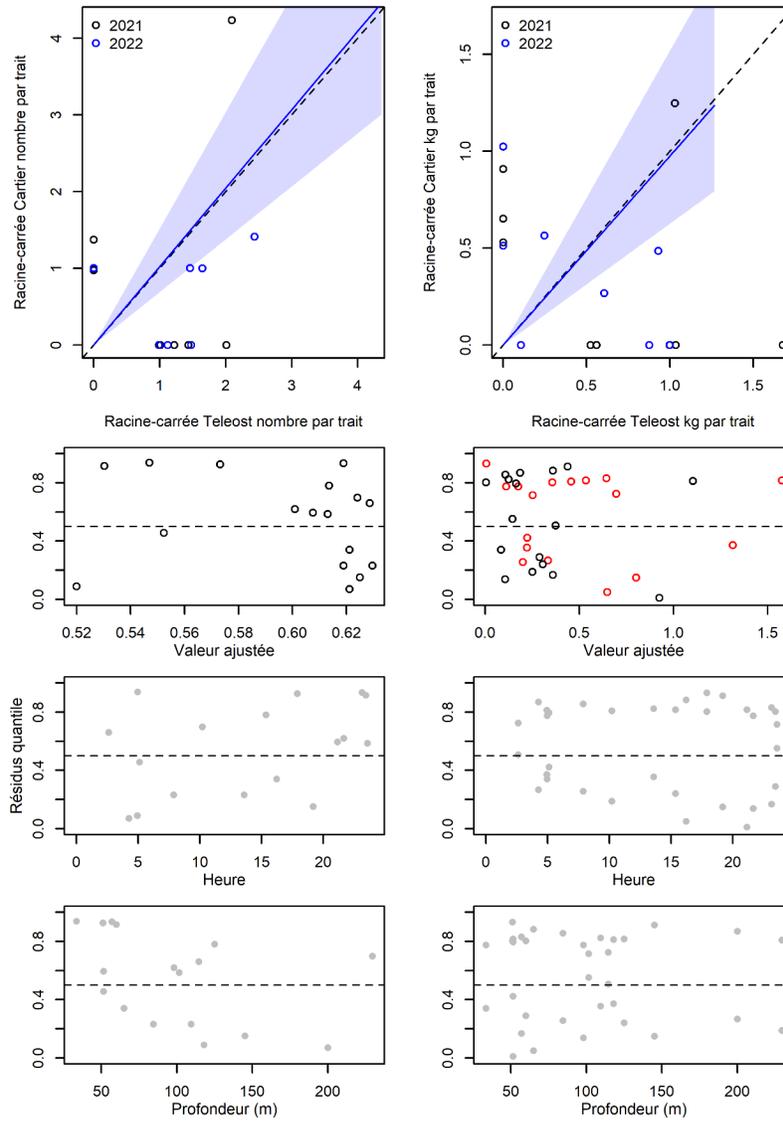


Figure 46. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Anarhichas lupus*.

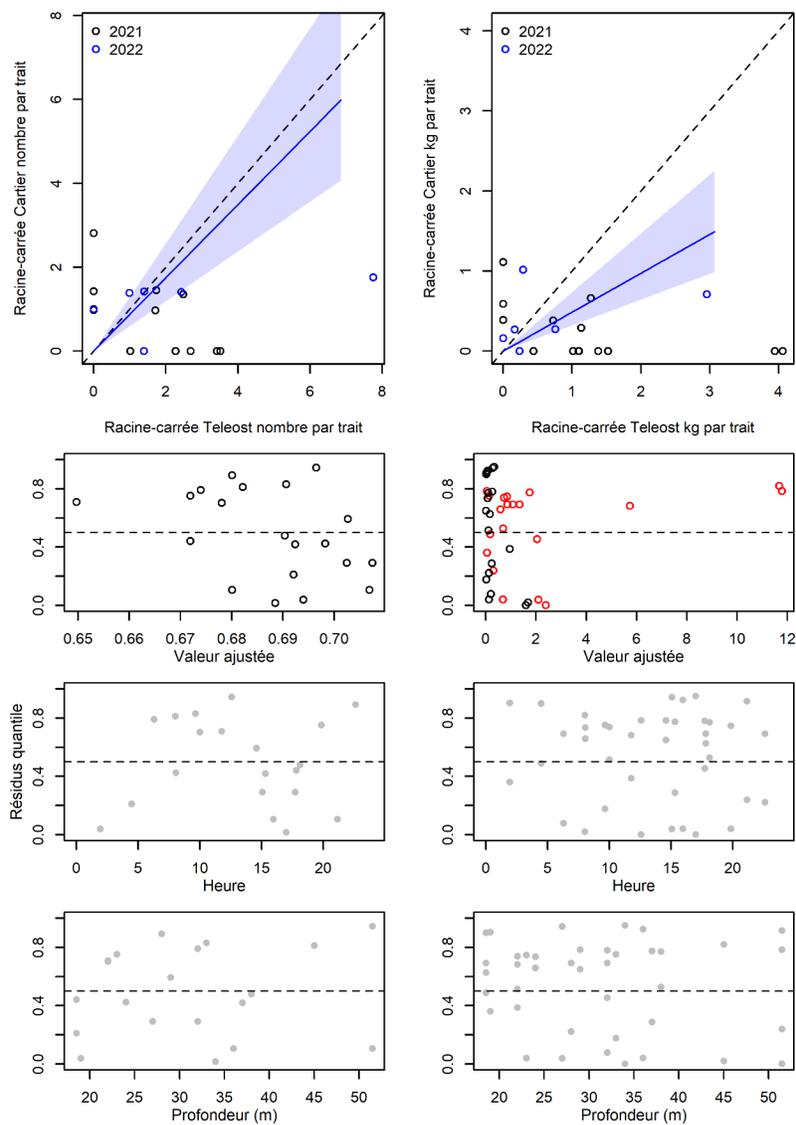


Figure 47. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Alosa sapidissima*.

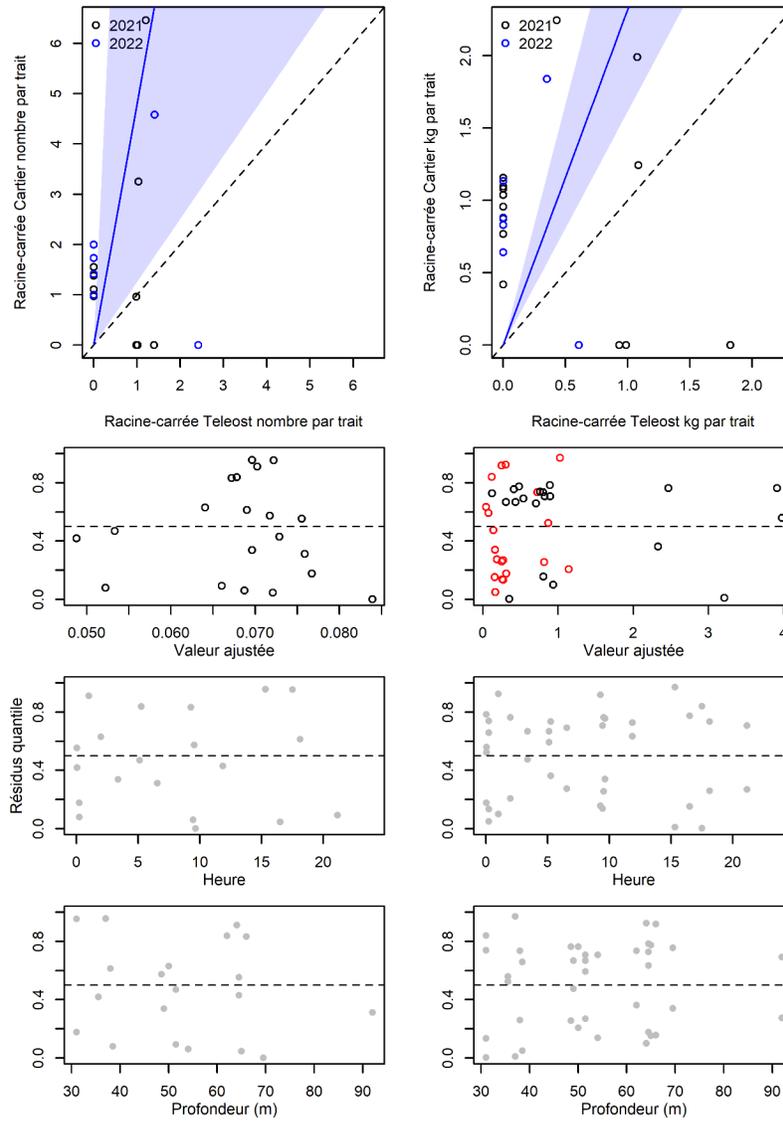


Figure 48. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Gadus macrocephalus*.

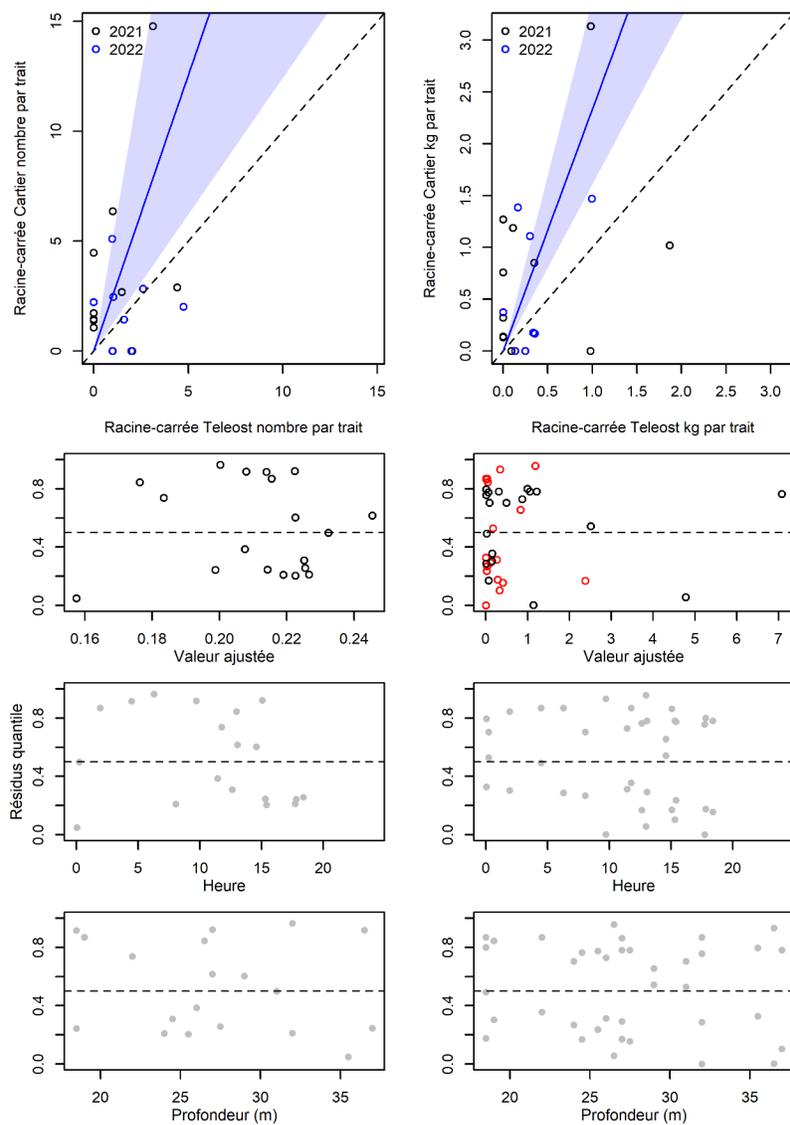


Figure 49. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Tautoglabrus adspersus*.

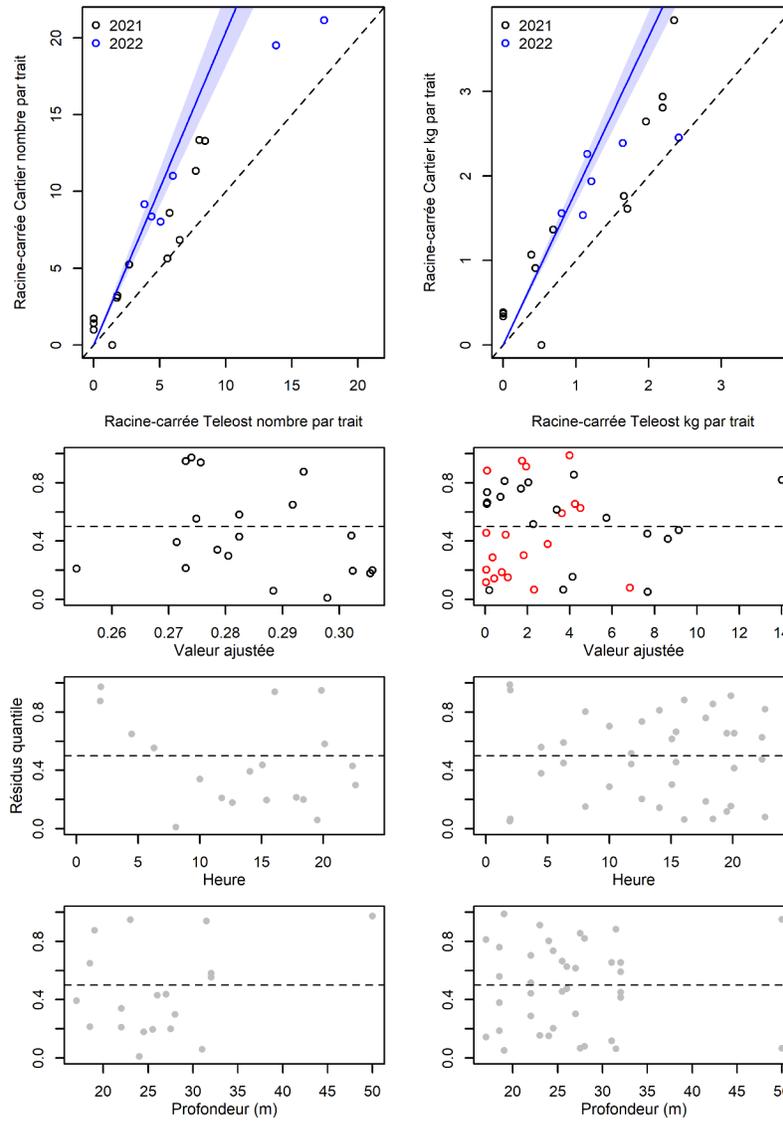


Figure 50. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Scophthalmus aquosus*.

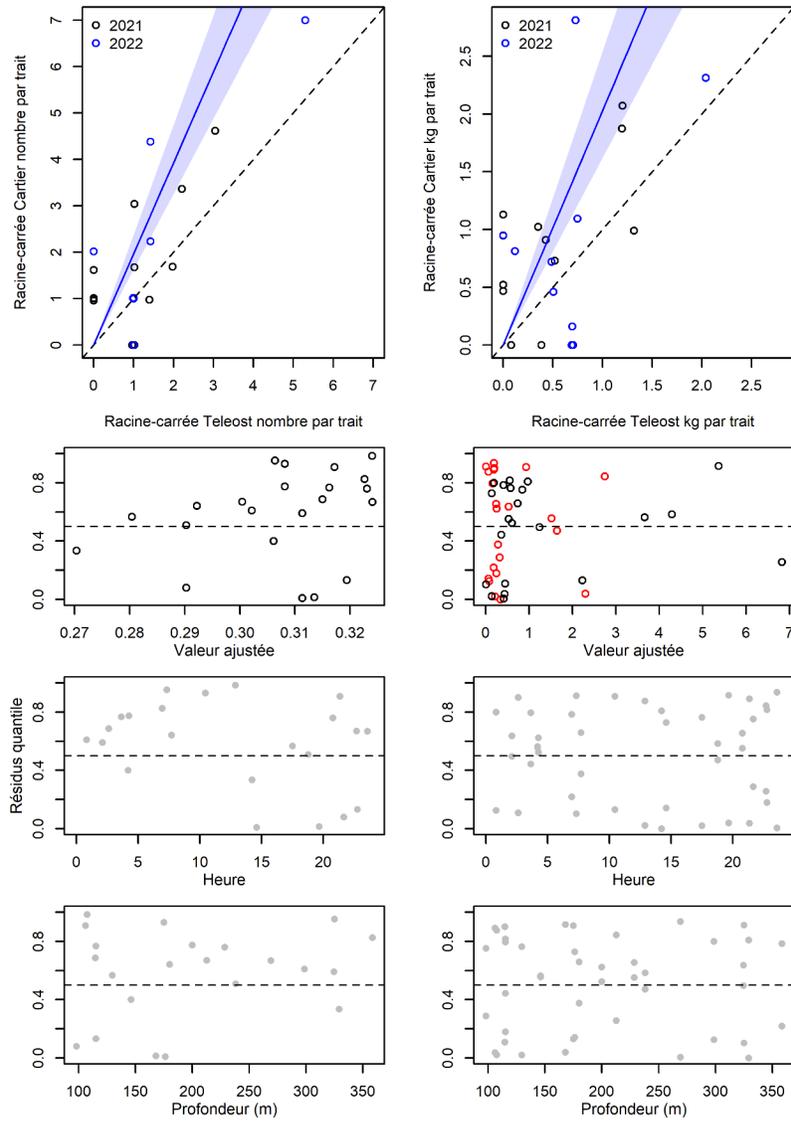


Figure 51. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Malacoraja senta*.

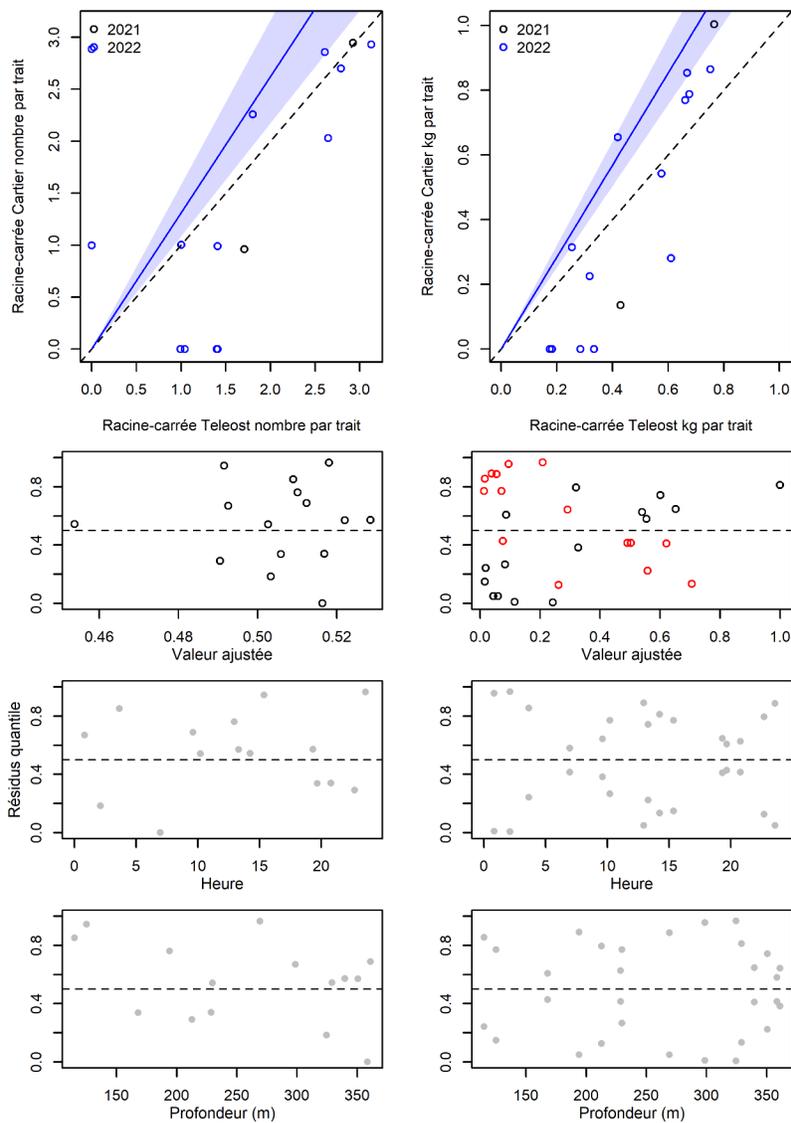


Figure 52. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Myxine limosa*.

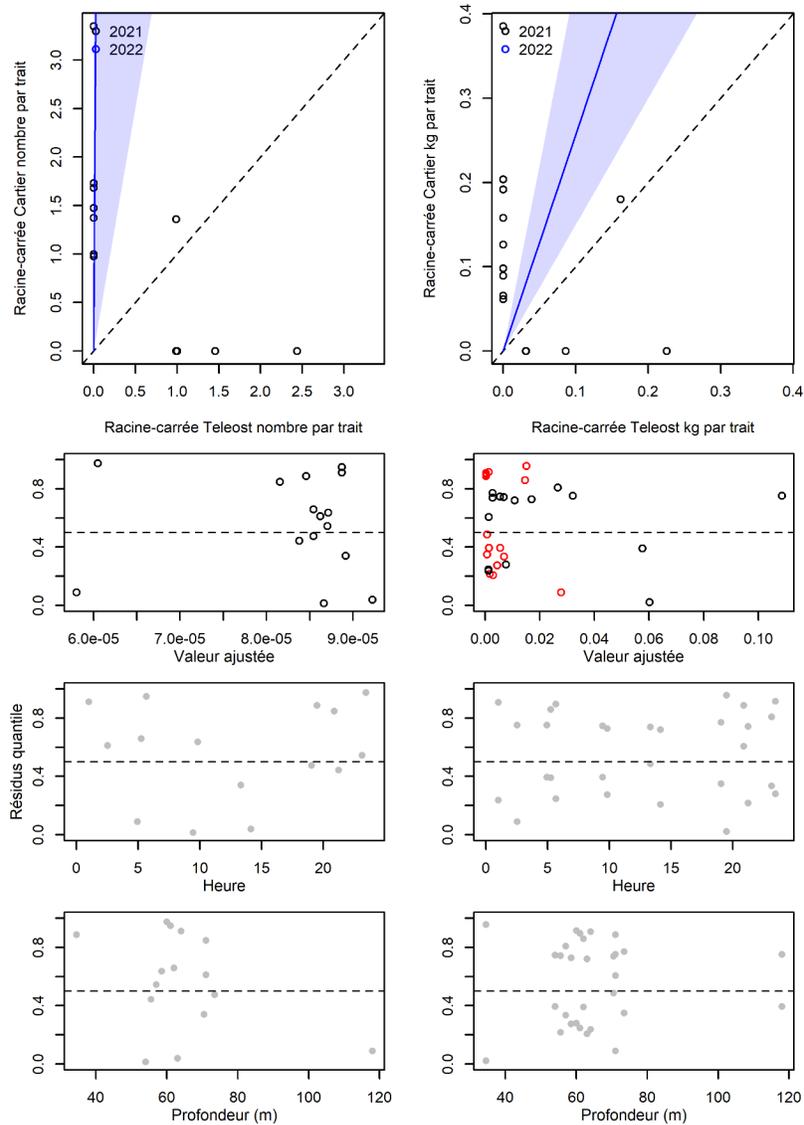


Figure 53. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Icelus spatula.

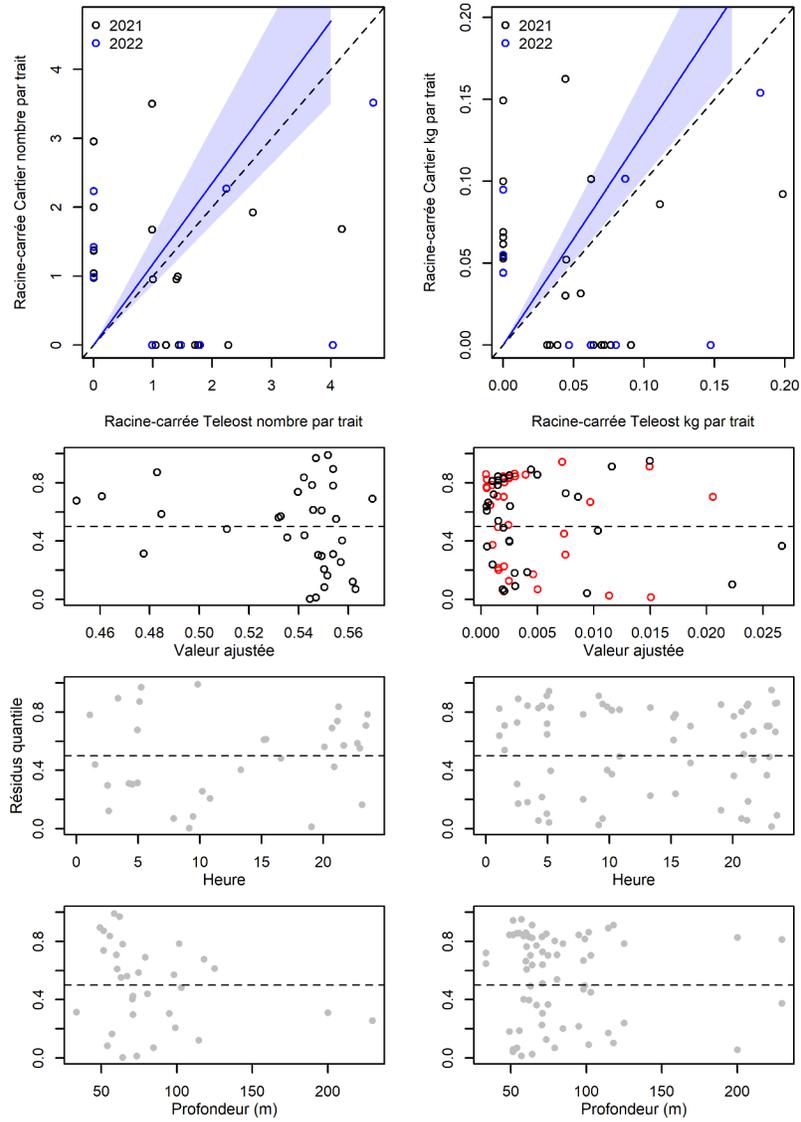


Figure 54. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Artediellus* sp.

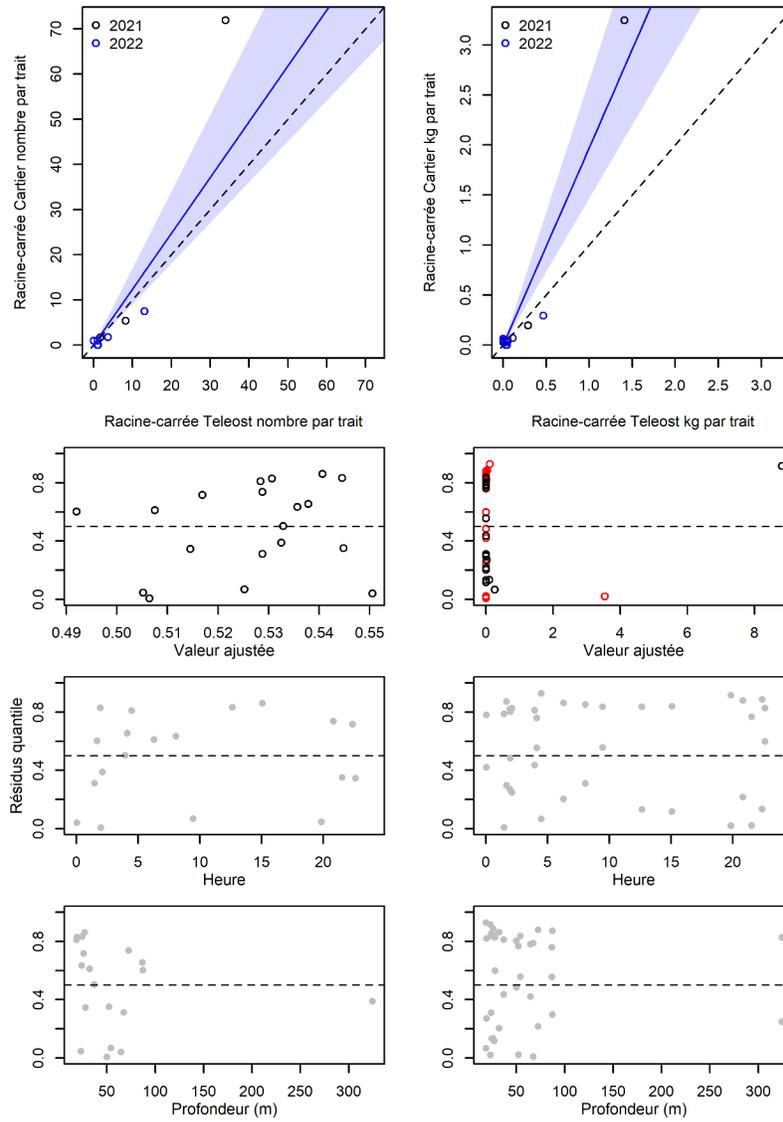


Figure 55. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Gasterosteus aculeatus*.

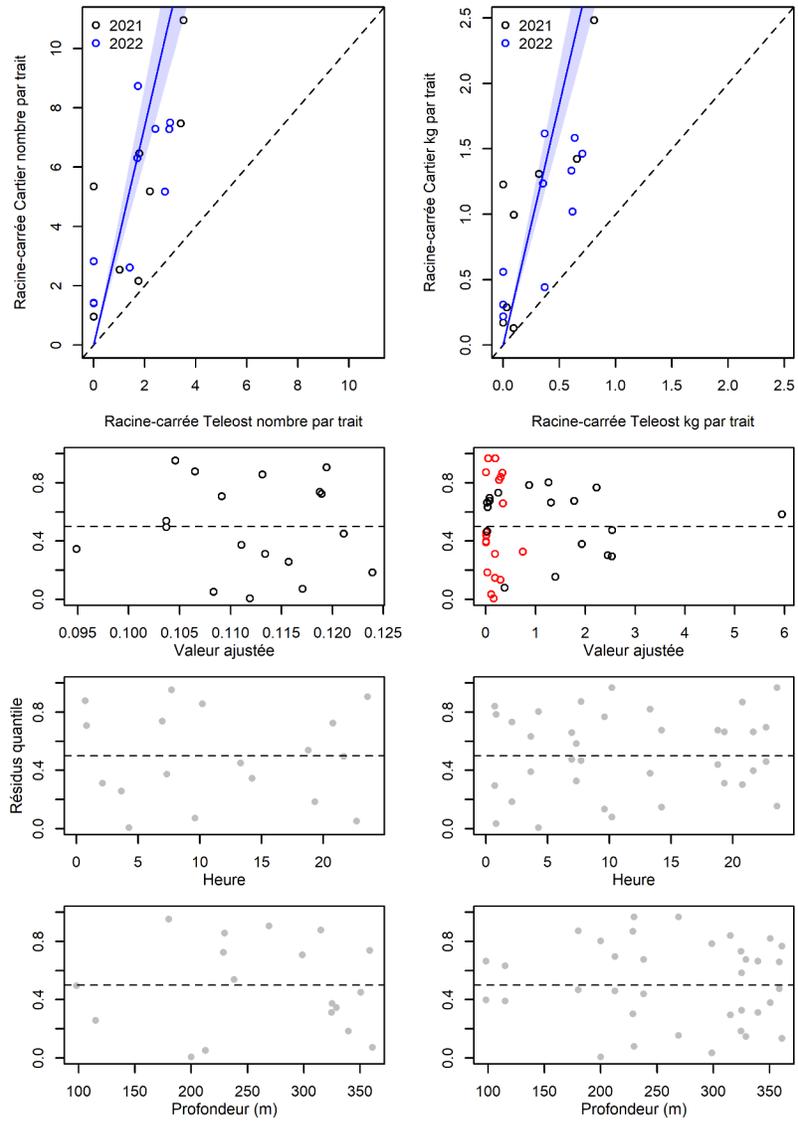


Figure 56. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Nezumia bairdii*.

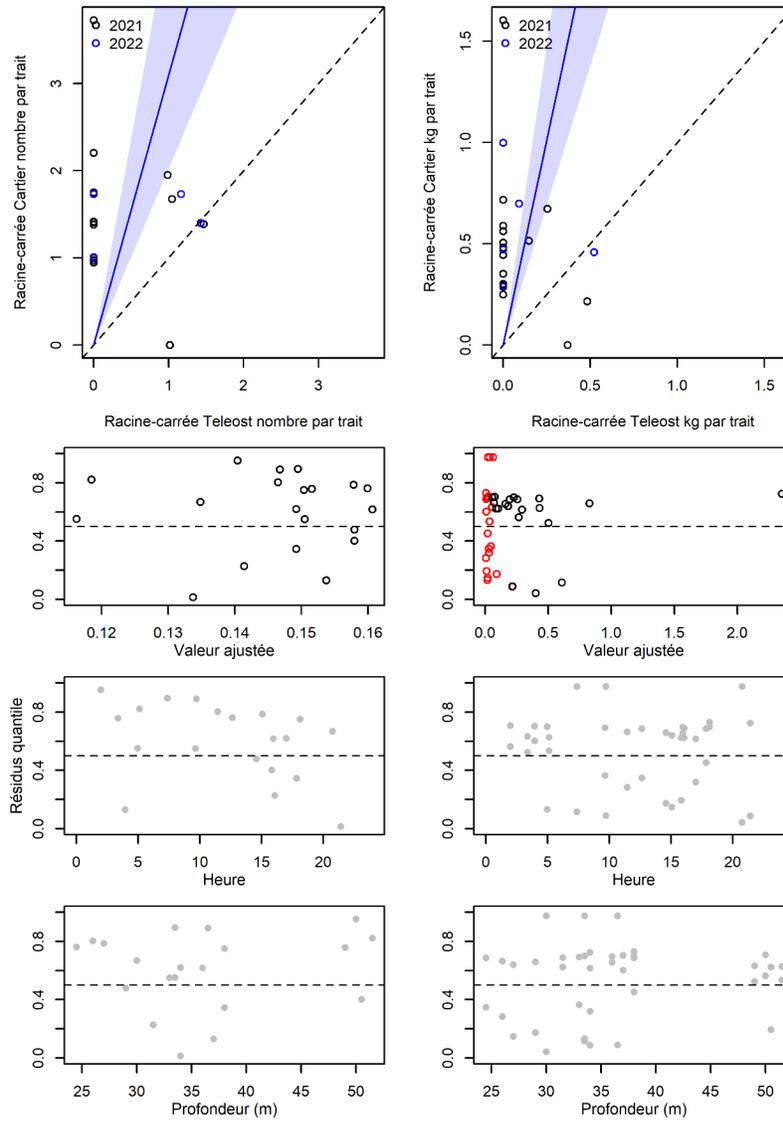


Figure 57. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Zoarces americanus*.

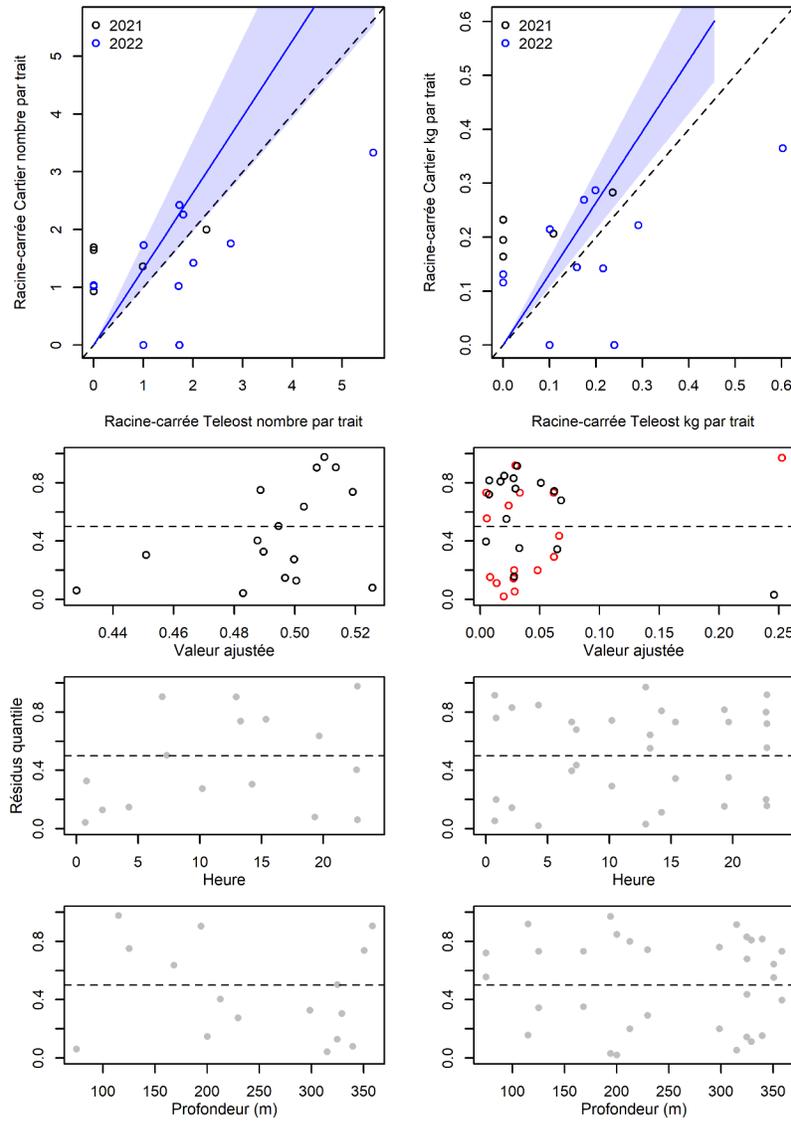


Figure 58. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Arctozenus risso*.

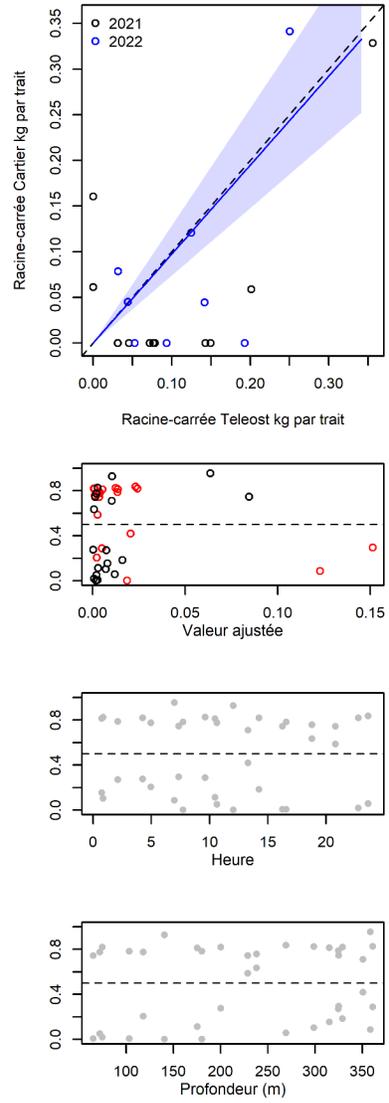


Figure 59. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de Rajidae sp.

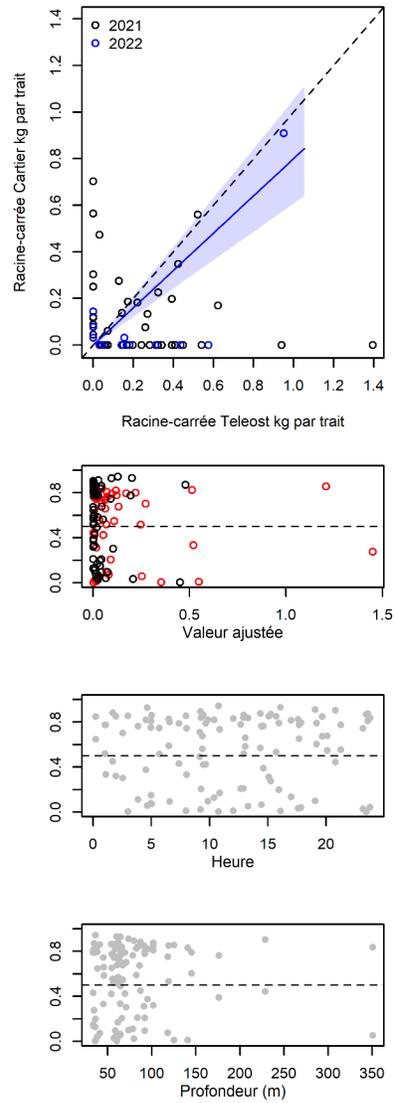


Figure 60. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de Buccinidae sp.

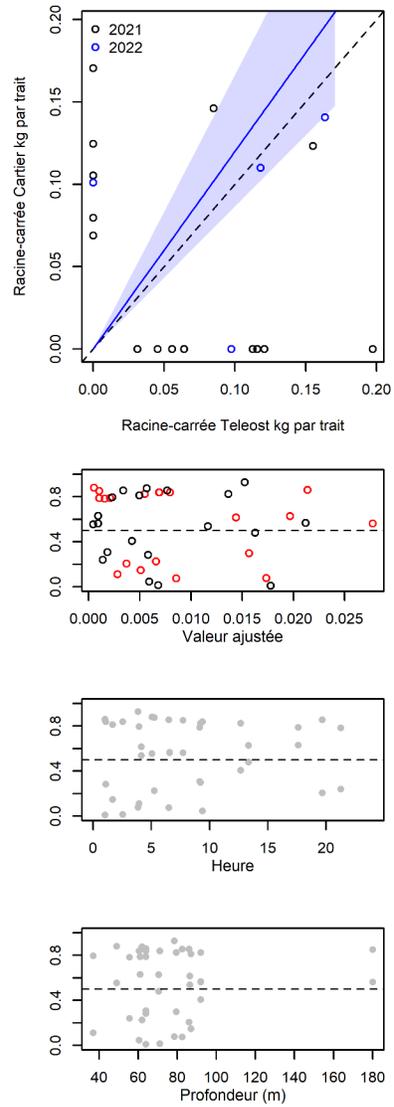


Figure 61. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les œufs de *Gastropoda sp.*

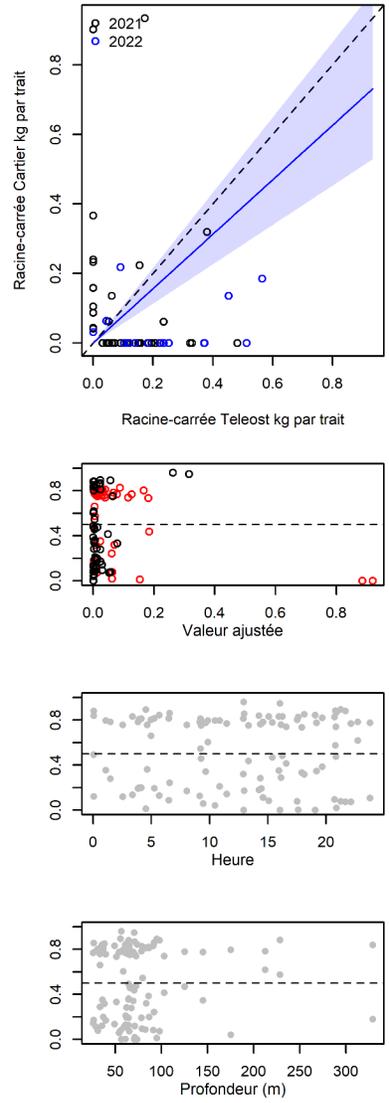


Figure 62. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Tunicata (sp).

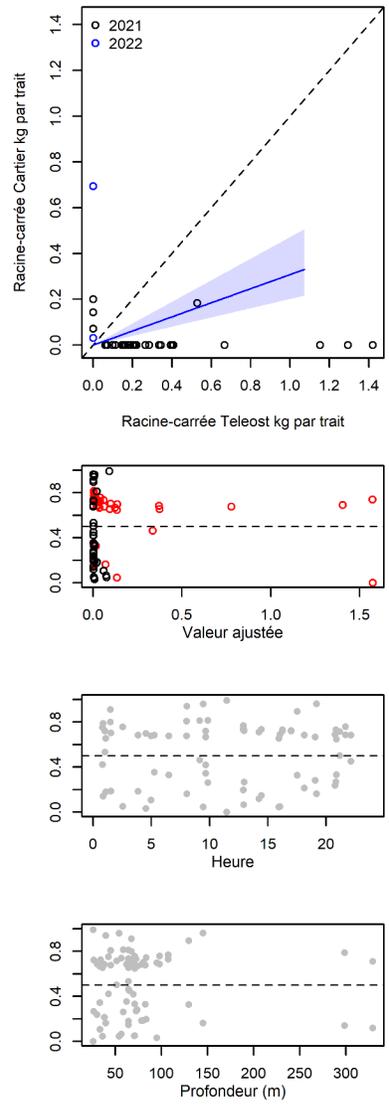


Figure 63. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Ascidia sp.*

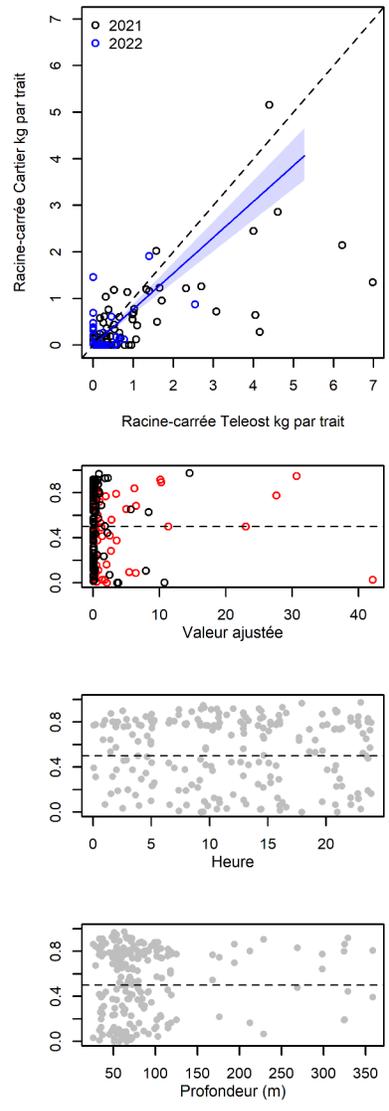


Figure 64. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Boltenia sp.*

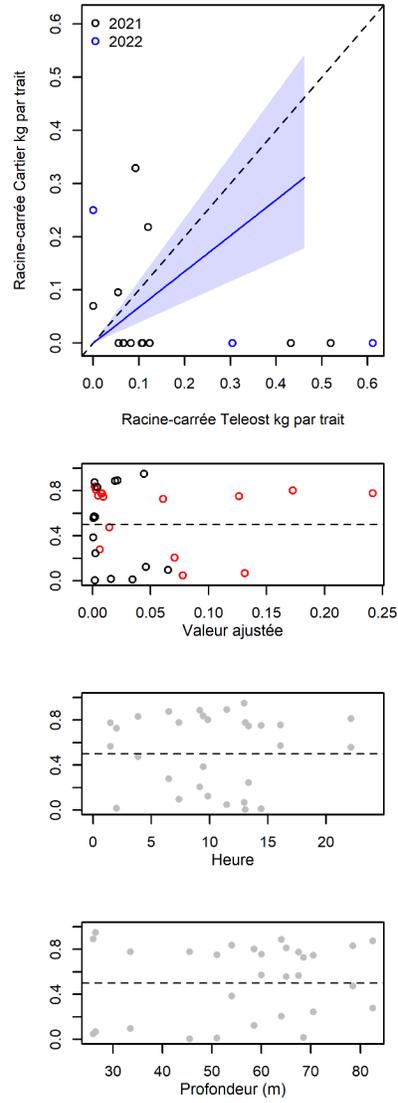


Figure 65. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Halocynthia pyriformis*.

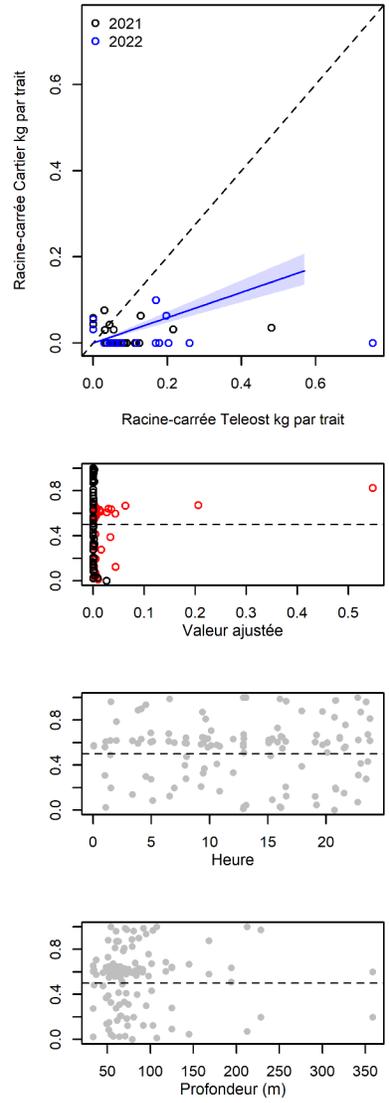


Figure 66. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Bryozoa (p.).

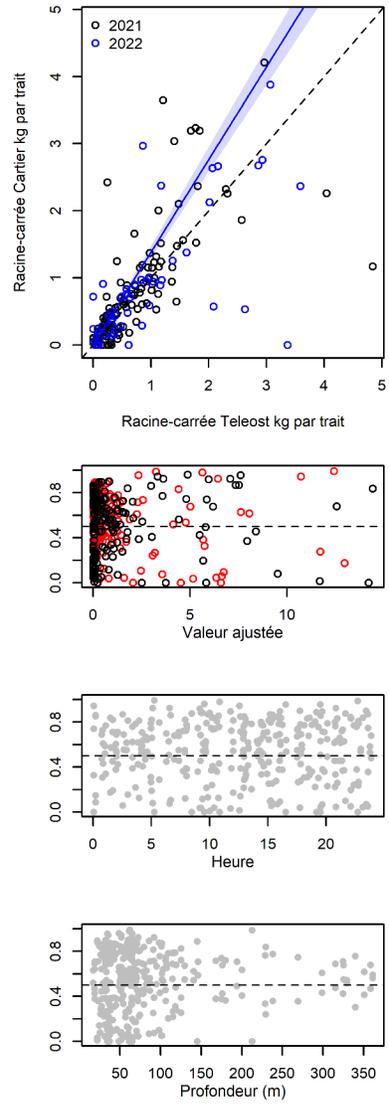


Figure 67. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Decapoda (o.).

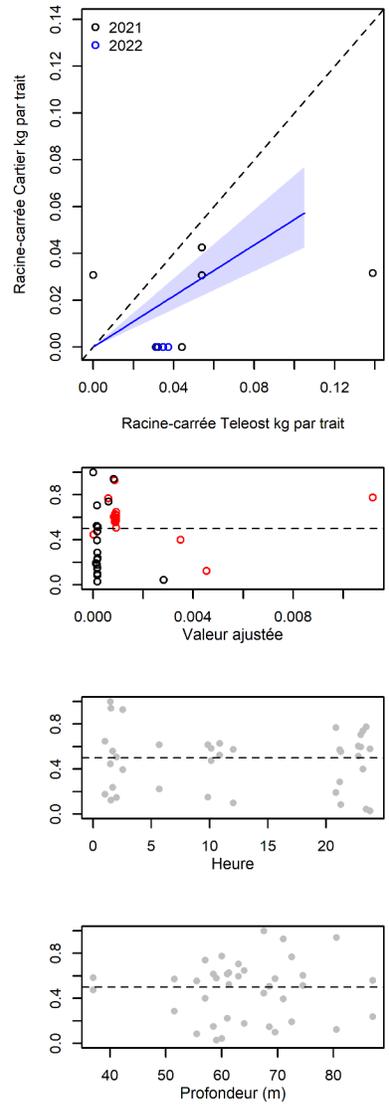


Figure 68. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Anonyx sp.*

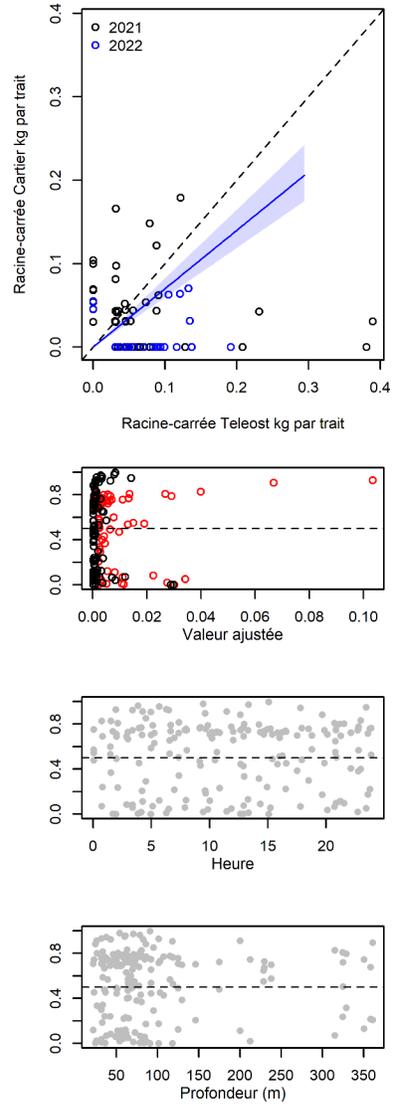


Figure 69. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Annelida (p.).

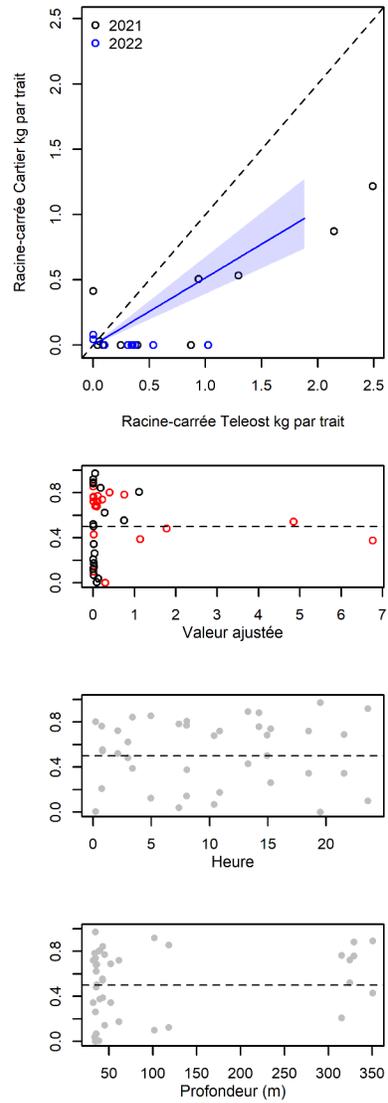


Figure 70. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Aphrodita hastata*.

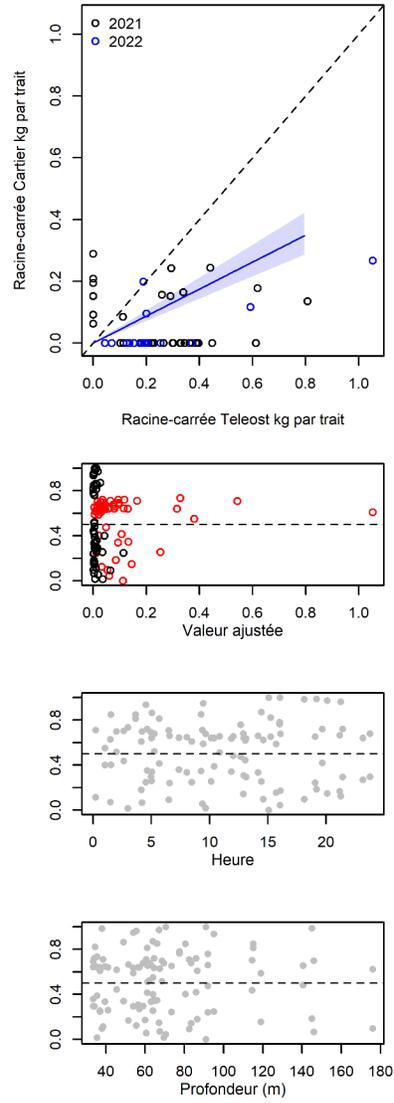


Figure 71. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Buccinum sp.*

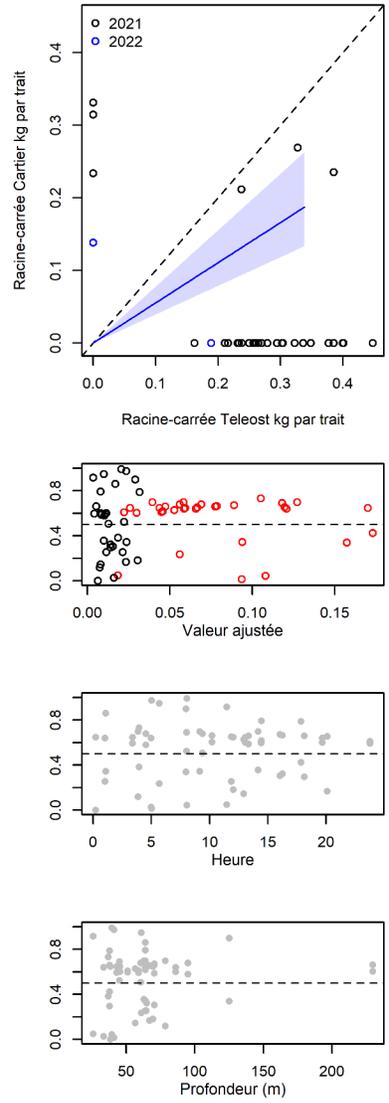


Figure 72. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Neptunea decemcostata*.

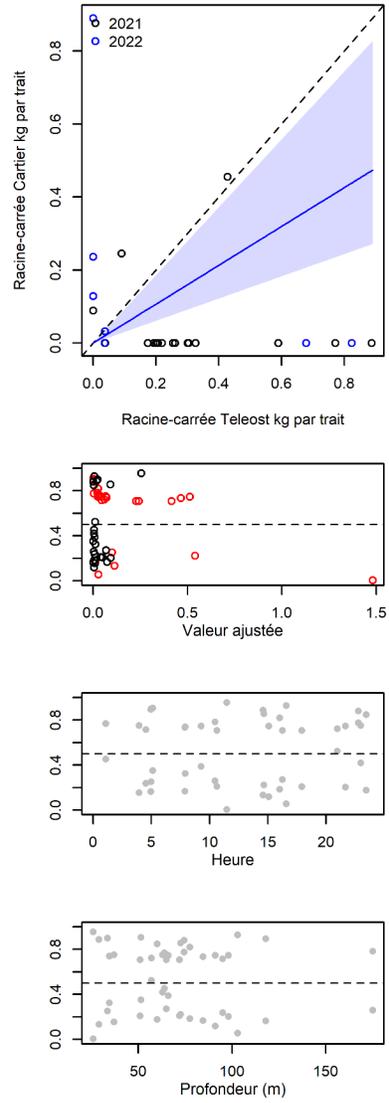


Figure 73. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Chlamys islandica*.

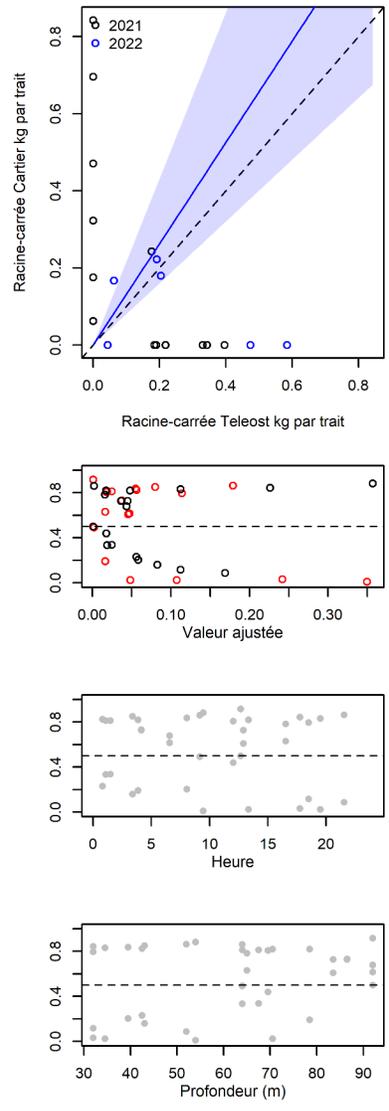


Figure 74. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Ciliatocardium ciliatum*.

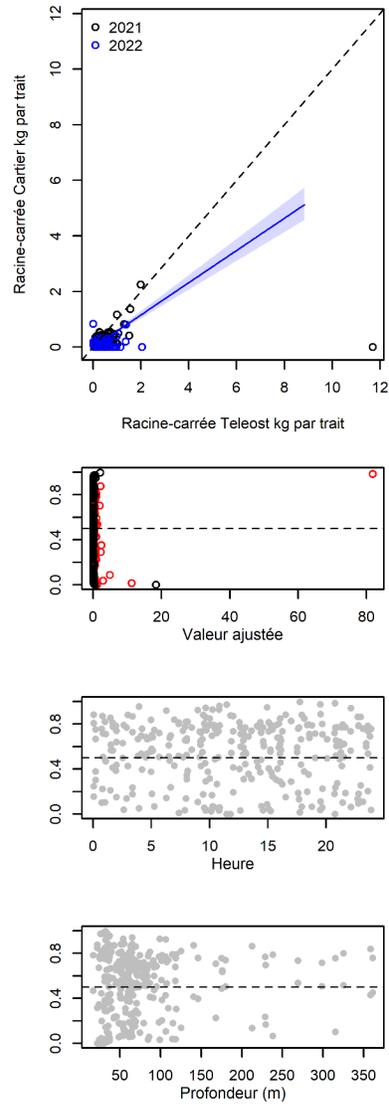


Figure 75. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Mollusca sp vide*.

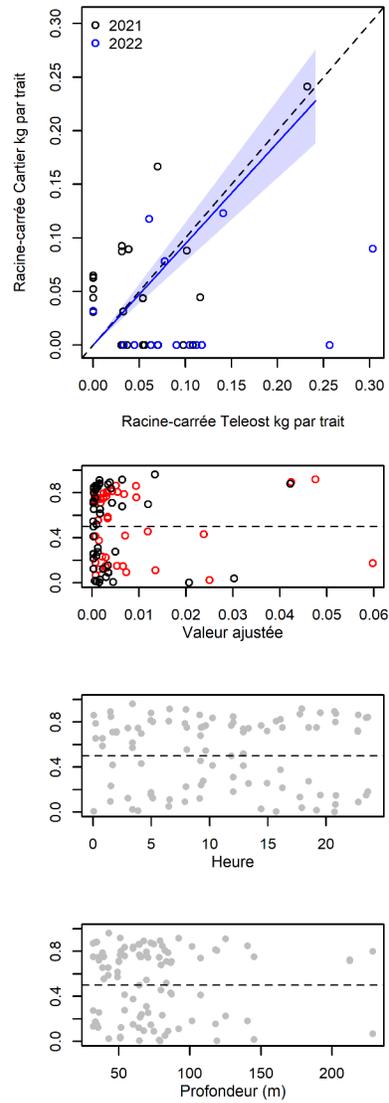


Figure 76. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Nudibranchia* (o.).

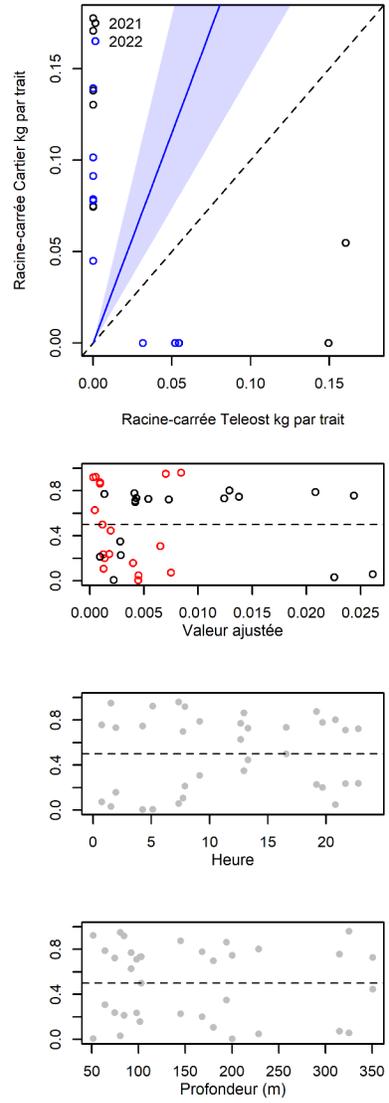


Figure 77. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Semirossia tenera*.

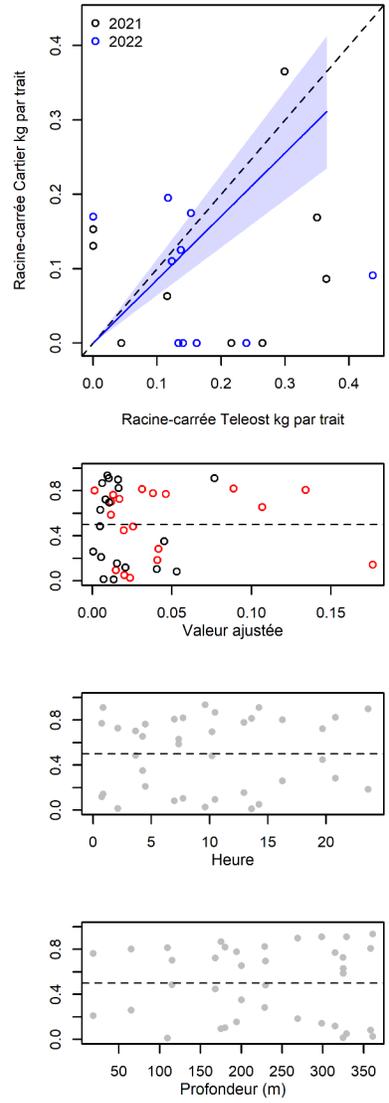


Figure 78. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Bathypolypus arcticus*.

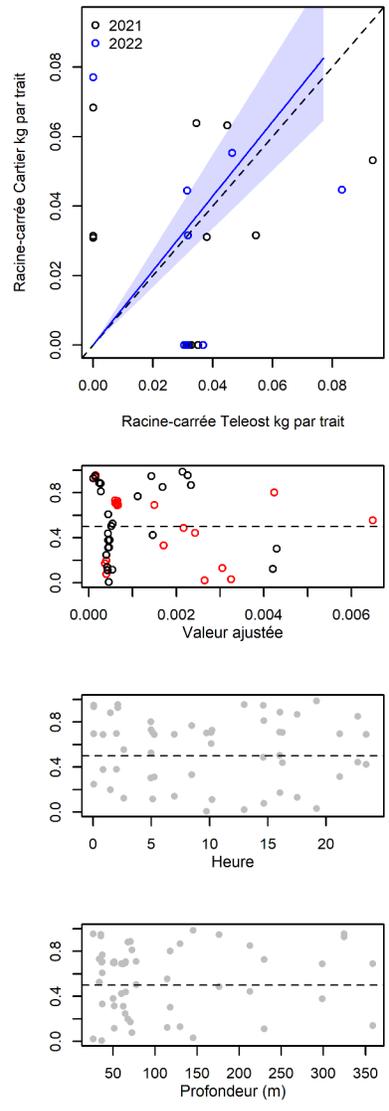


Figure 79. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Artediellus* sp.

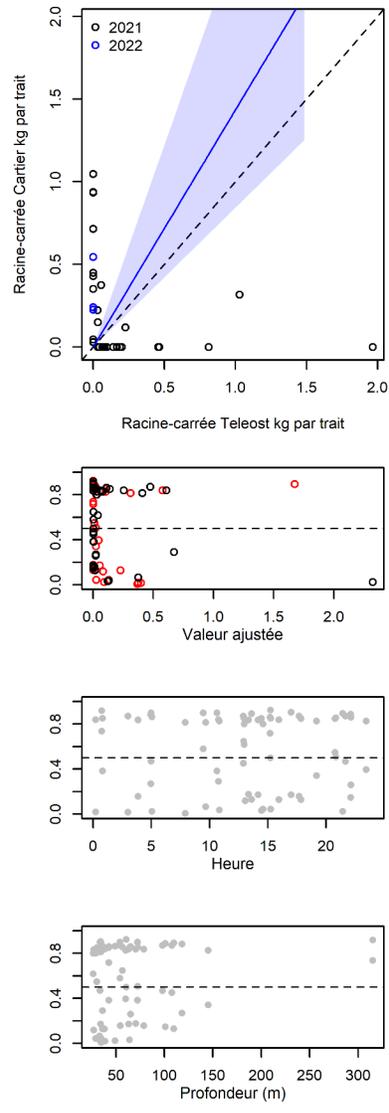


Figure 80. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Asterias sp.*

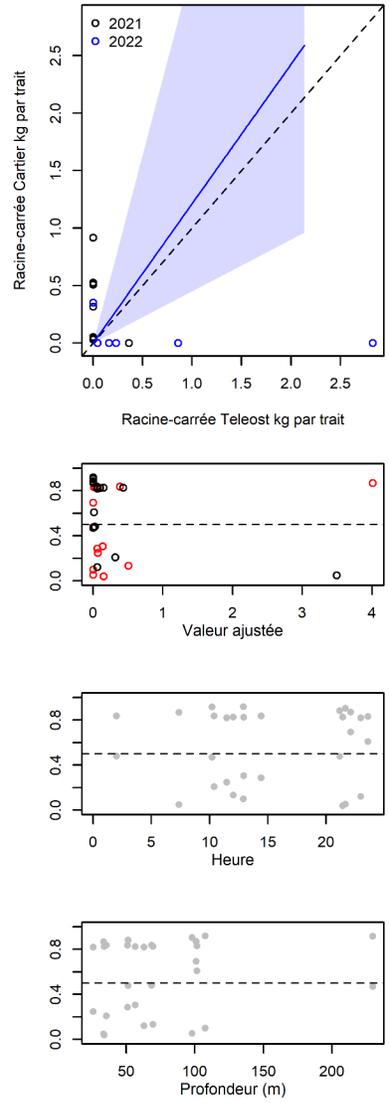


Figure 81. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Asterias rubens*.

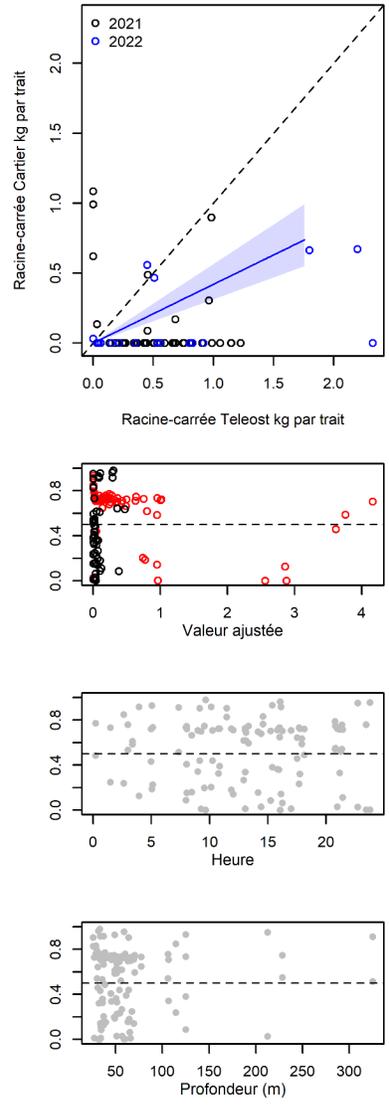


Figure 82. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Leptasterias* (*Hexasterias*) *polaris*.

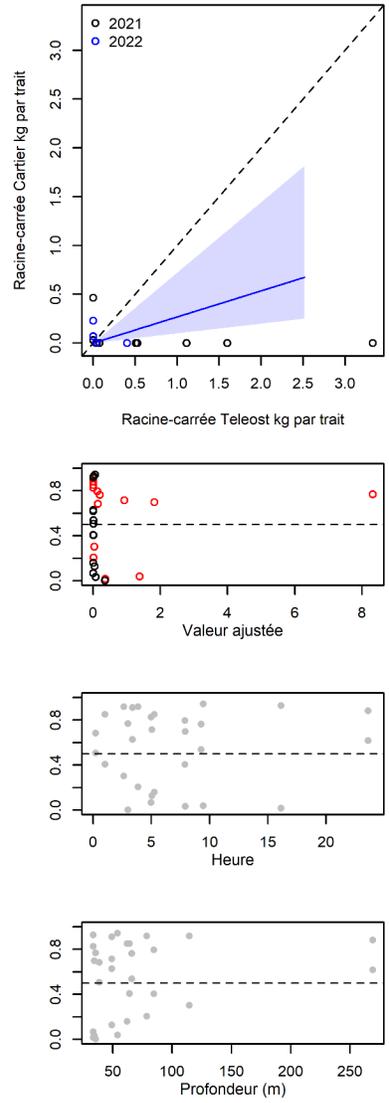


Figure 83. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Leptasterias sp.*

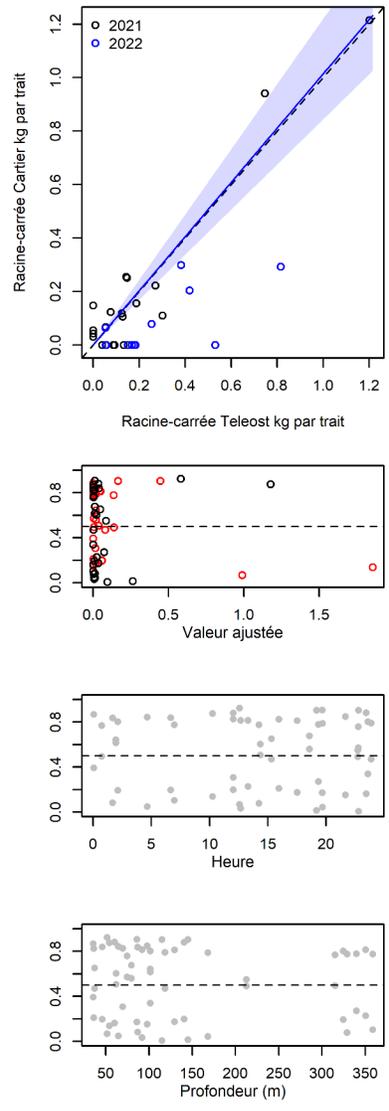


Figure 84. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Ctenodiscus crispatus*.

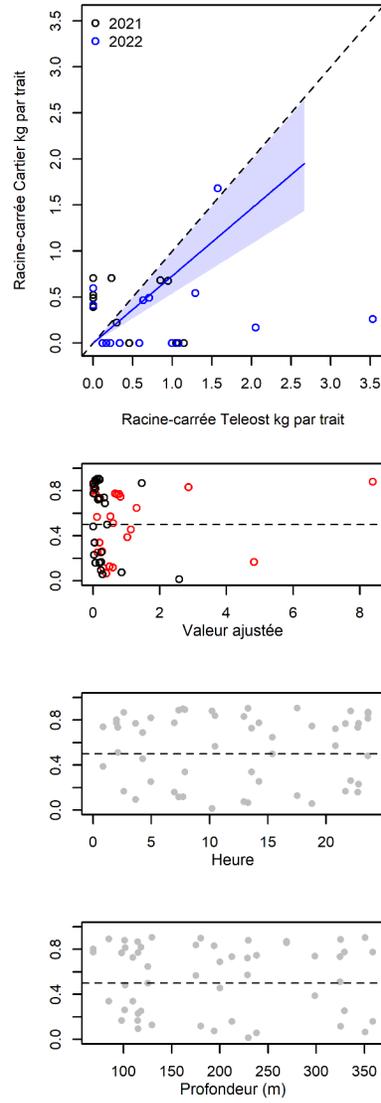


Figure 85. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Hippasteria phrygiana*.

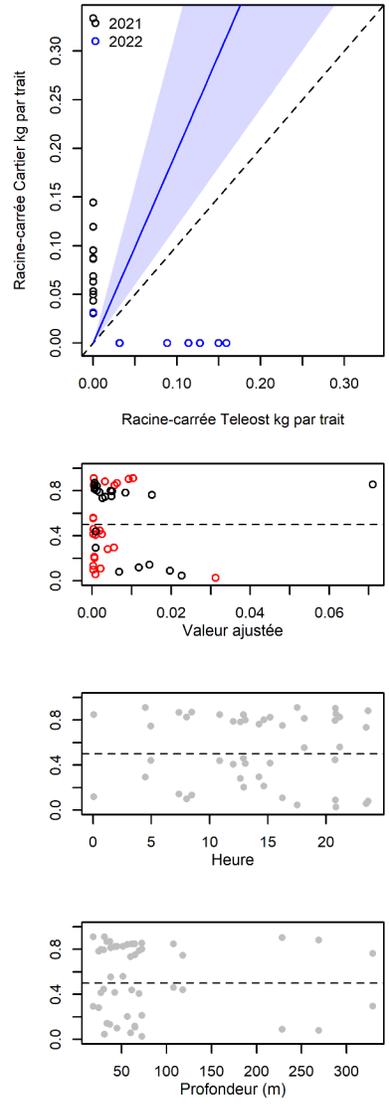


Figure 86. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Henricia sp.*

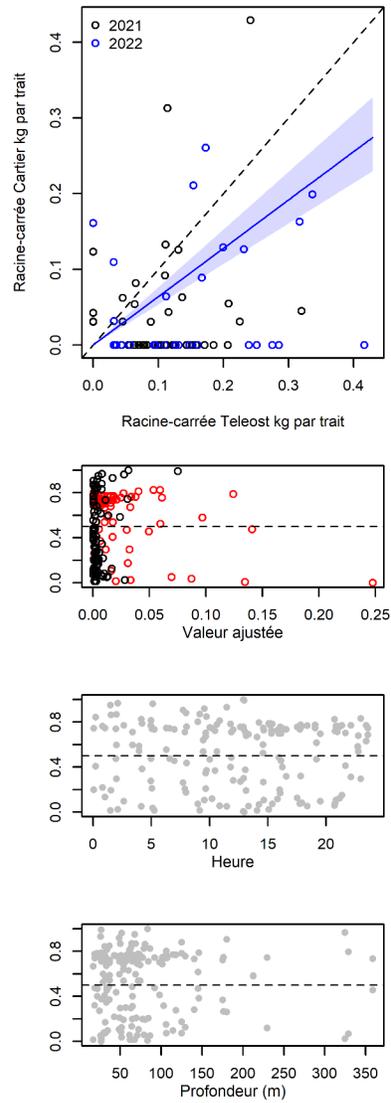


Figure 87. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Henricia sanguinolenta*.

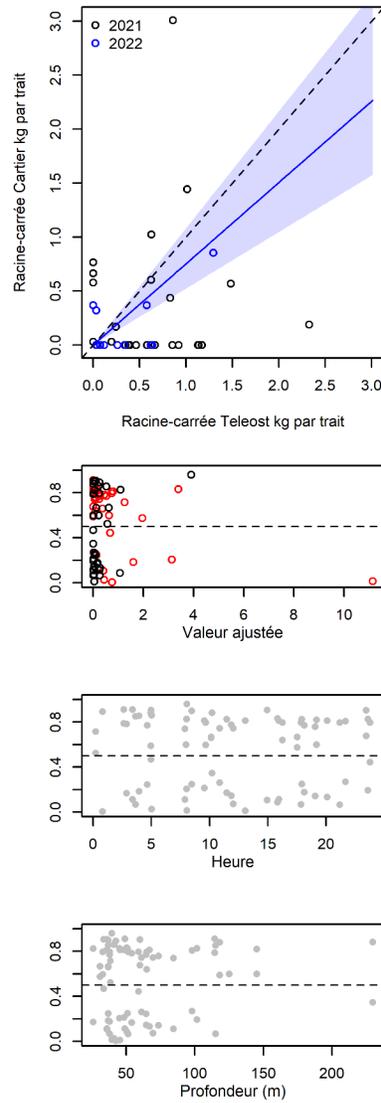


Figure 88. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Solaster endeca*.

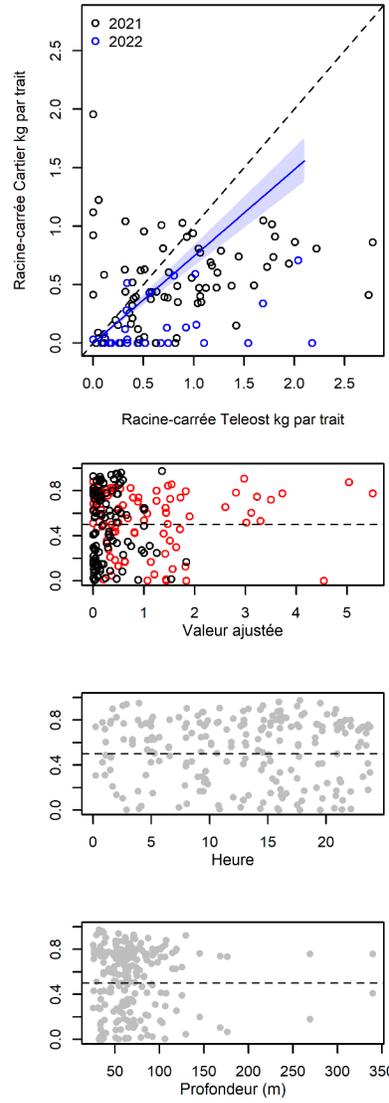


Figure 89. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Crossaster papposus*.

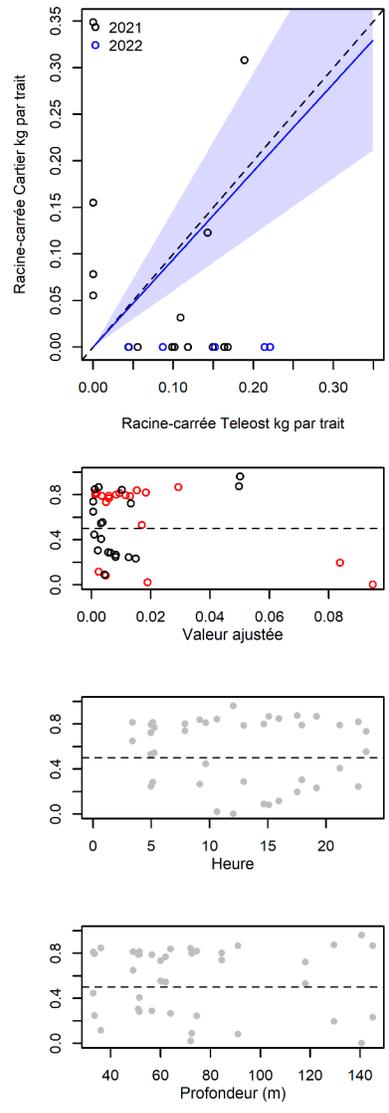


Figure 90. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Pteraster militaris*.

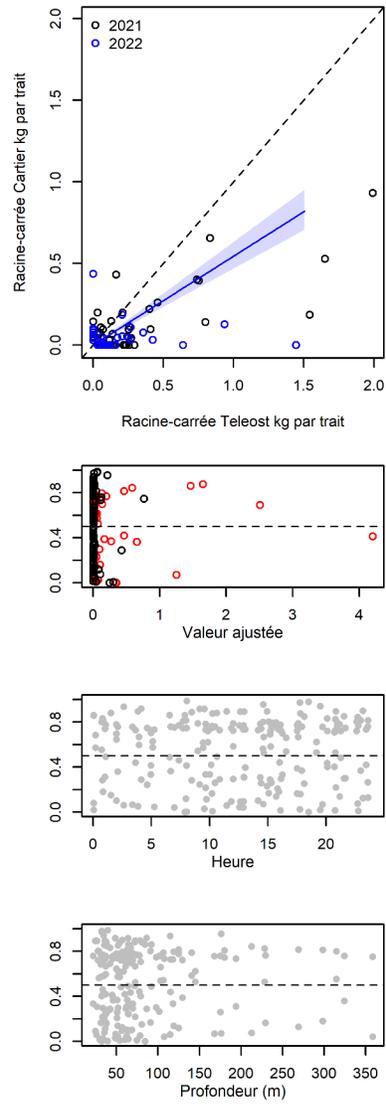


Figure 91. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Ophiuroidea (c.).

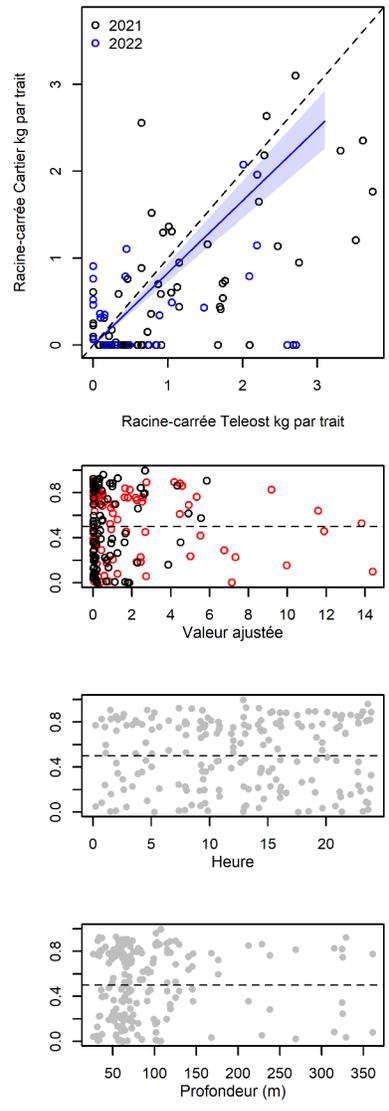


Figure 92. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Euryalida* (f.).

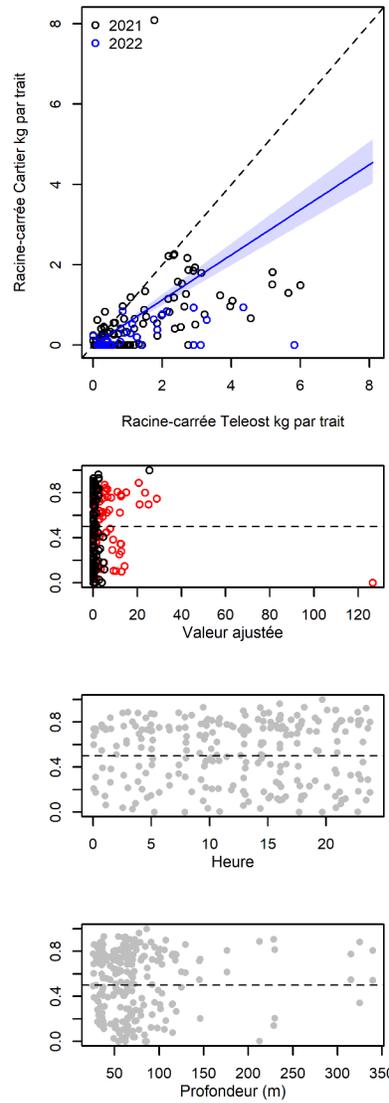


Figure 93. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Strongylocentrotus* sp.

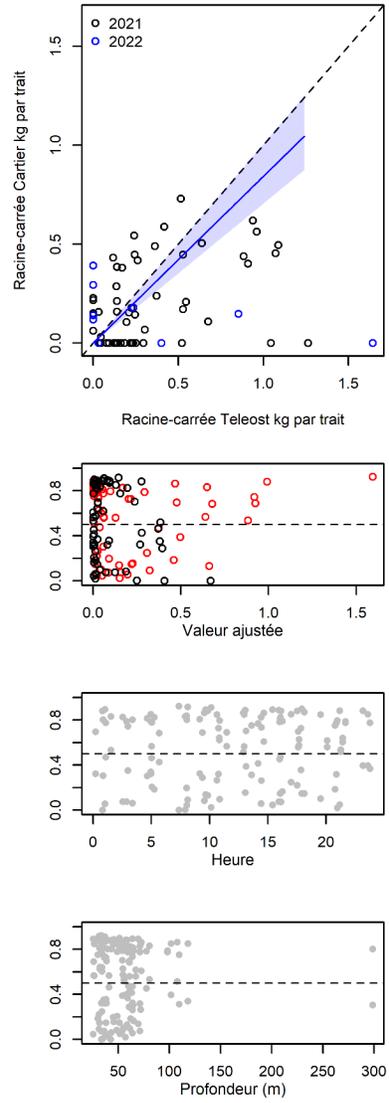


Figure 94. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Clypeasteroida* (o.).

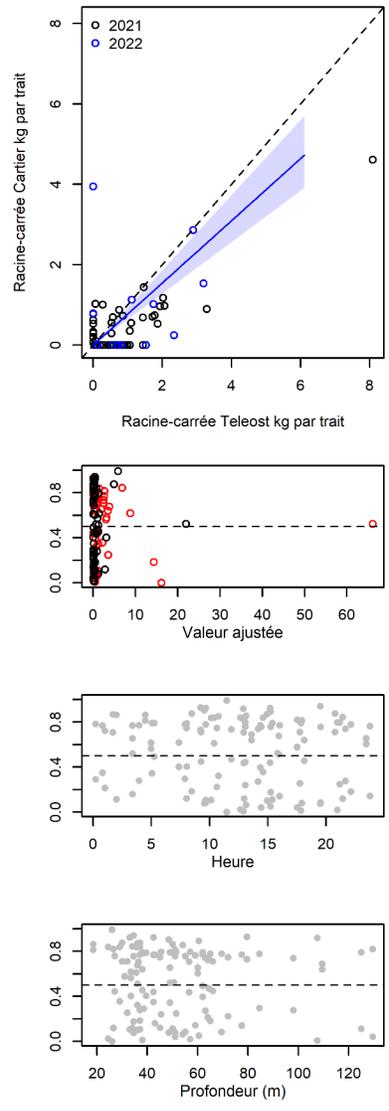


Figure 95. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Holothuroidea (c.)*.

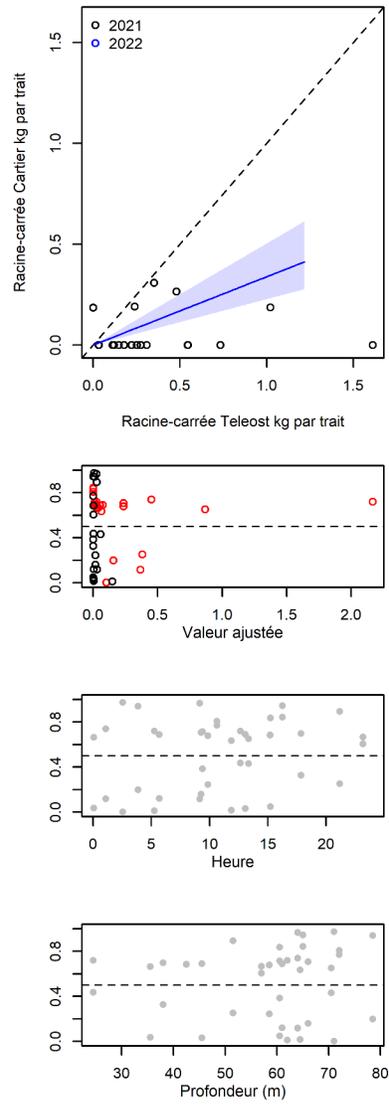


Figure 96. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Psolus fabricii*.

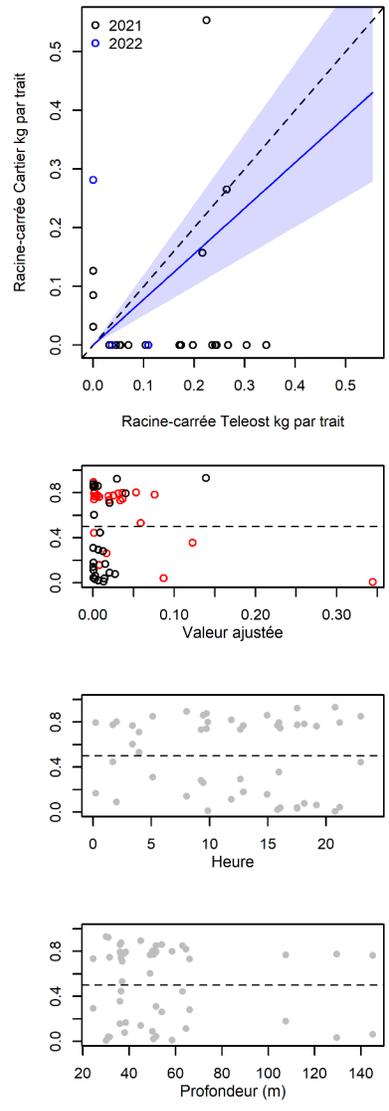


Figure 97. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Psolus phantapus.

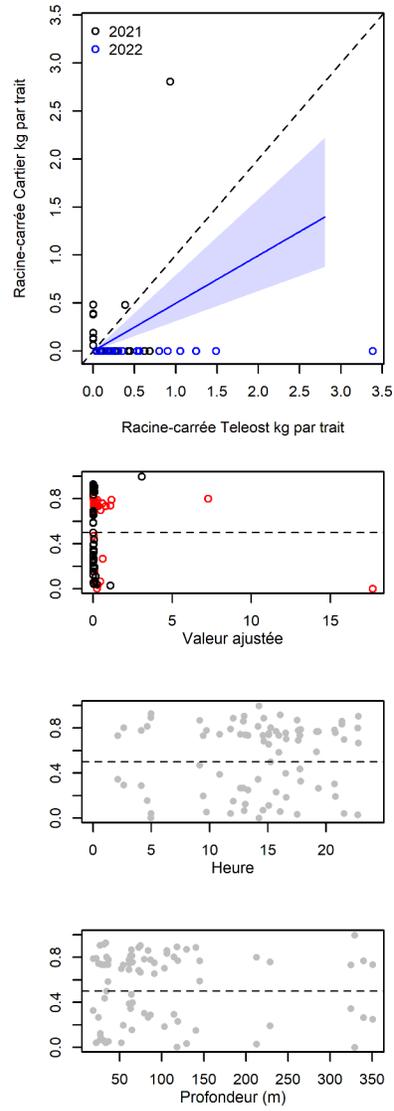


Figure 98. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Actiniaria (o.).

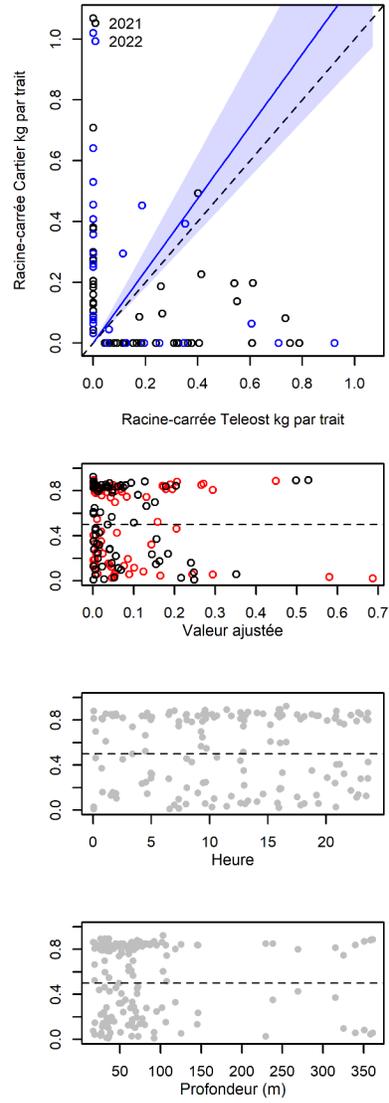


Figure 99. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Anthozoa (c.).

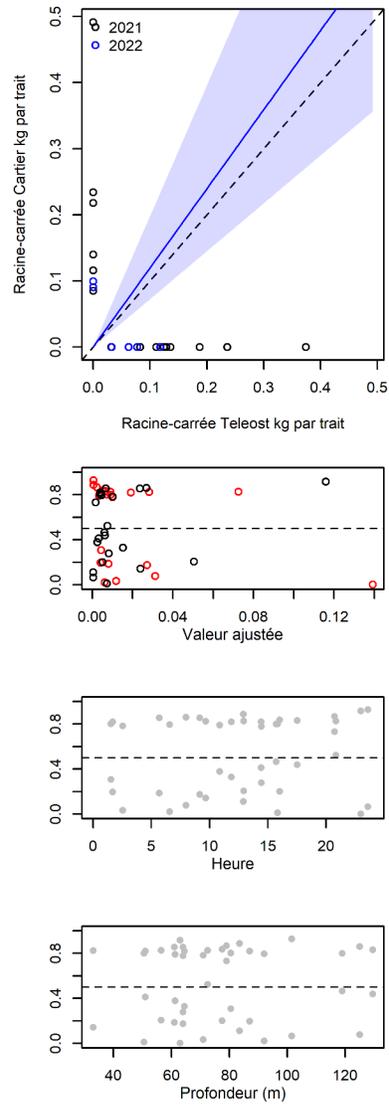


Figure 100. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Stomphia coccinea*.

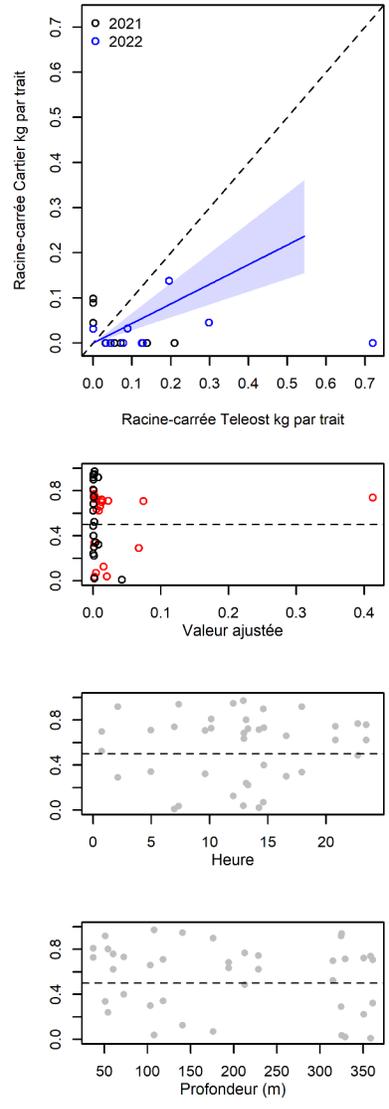


Figure 101. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Pennatulacea sp.*

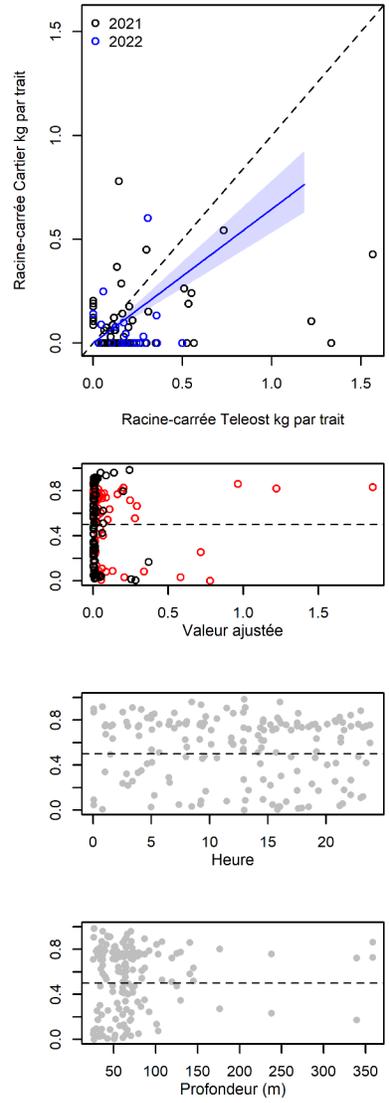


Figure 102. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Gersemia rubiformis*.

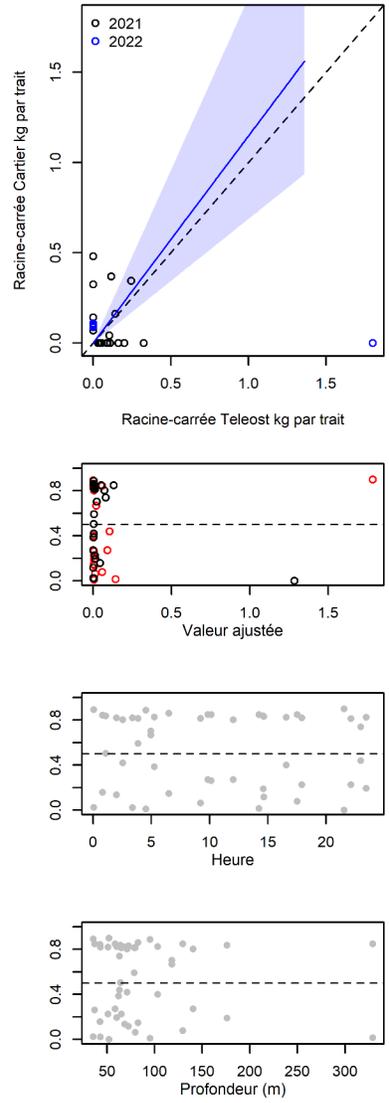


Figure 103. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour les coraux mous non identifiés.

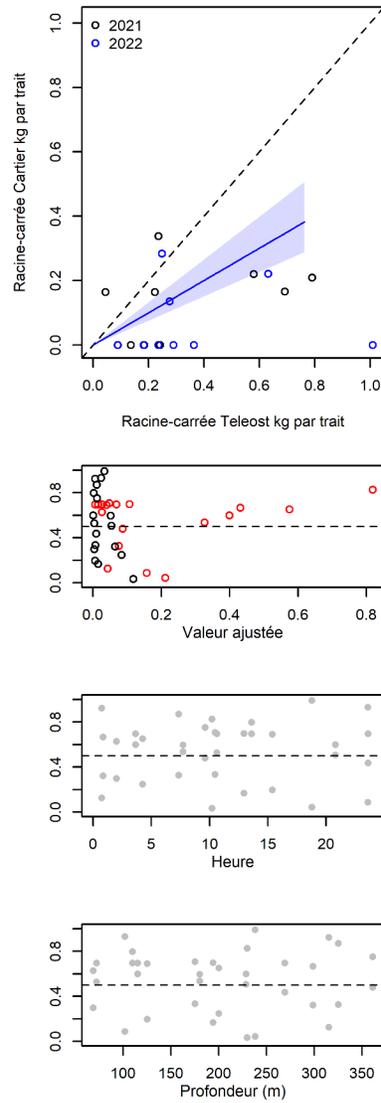


Figure 104. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Pseudarchaster parelii*.

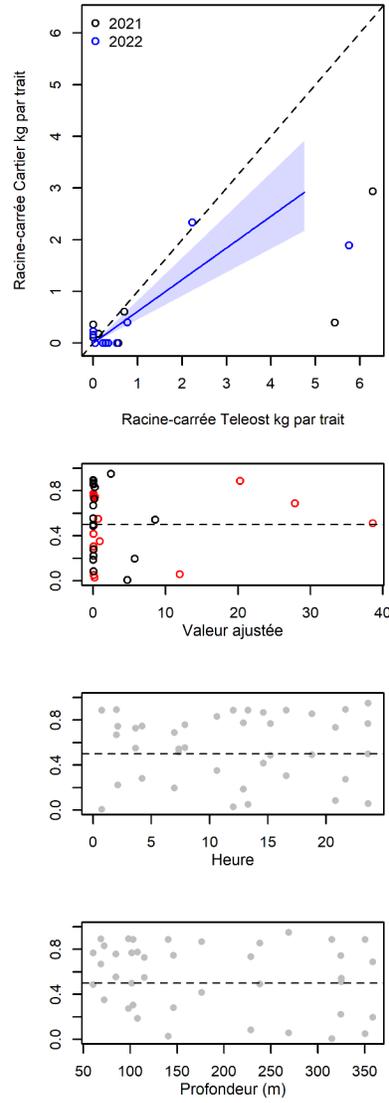


Figure 105. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Ptillella grandis*.

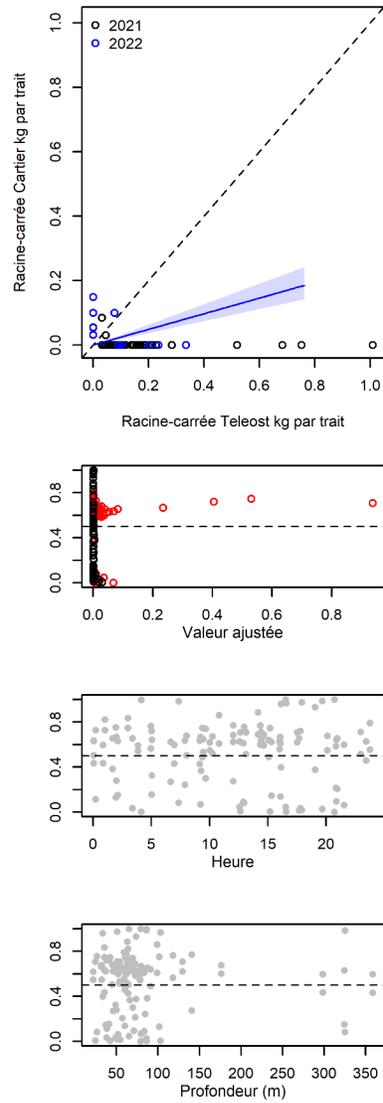


Figure 106. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Hydrozoa (c.).

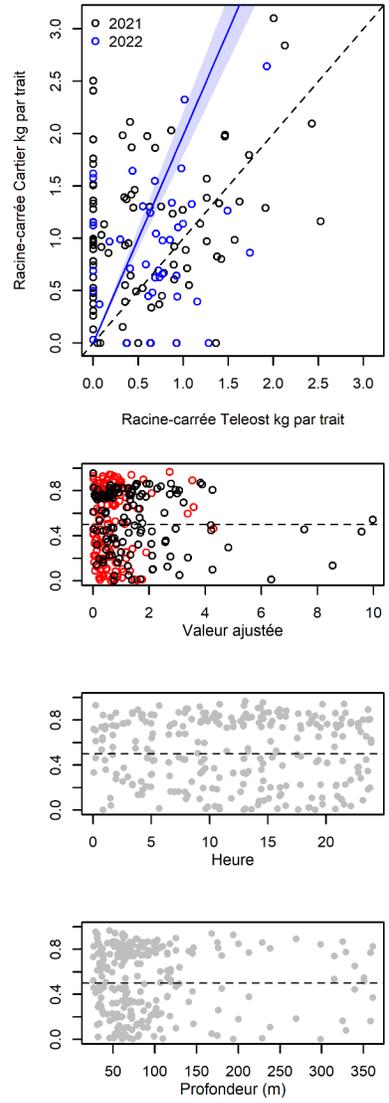


Figure 107. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Scyphozoa (c.).

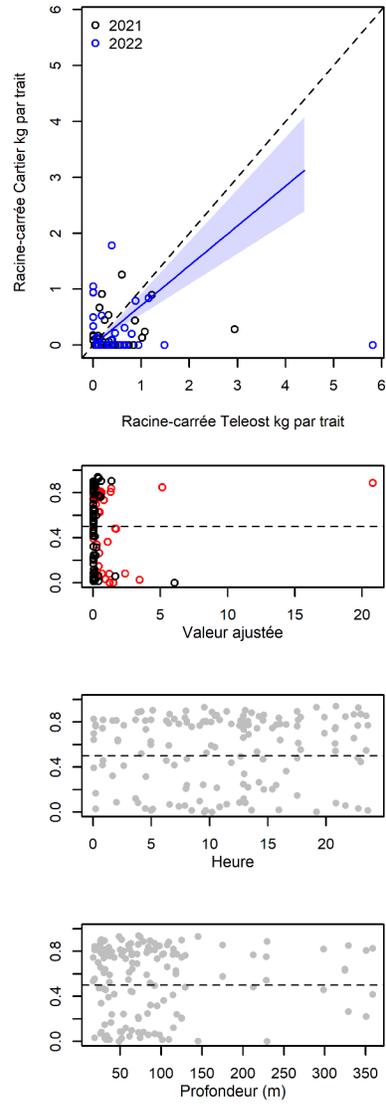


Figure 108. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour Porifera.

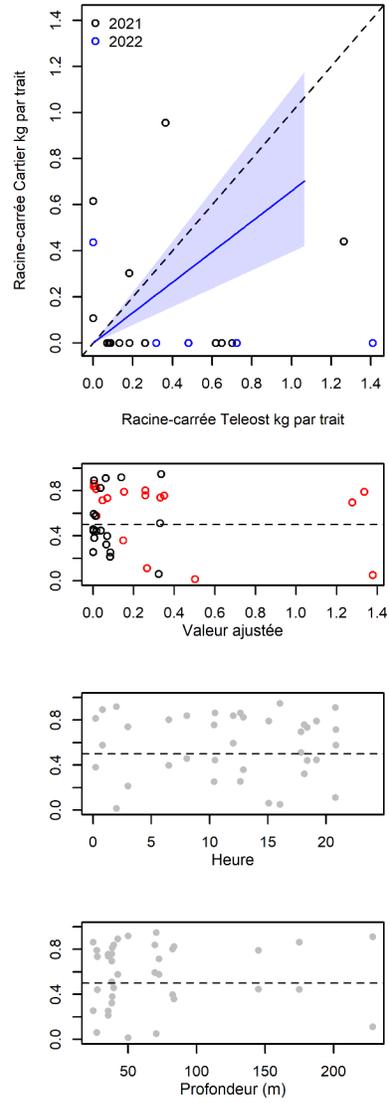


Figure 109. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Suberites ficus*.

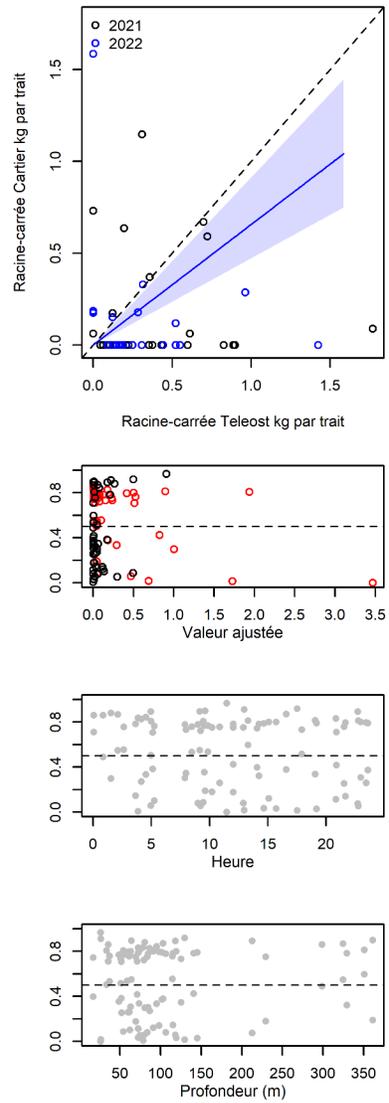


Figure 110. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Mycale (Mycale) lingua*.

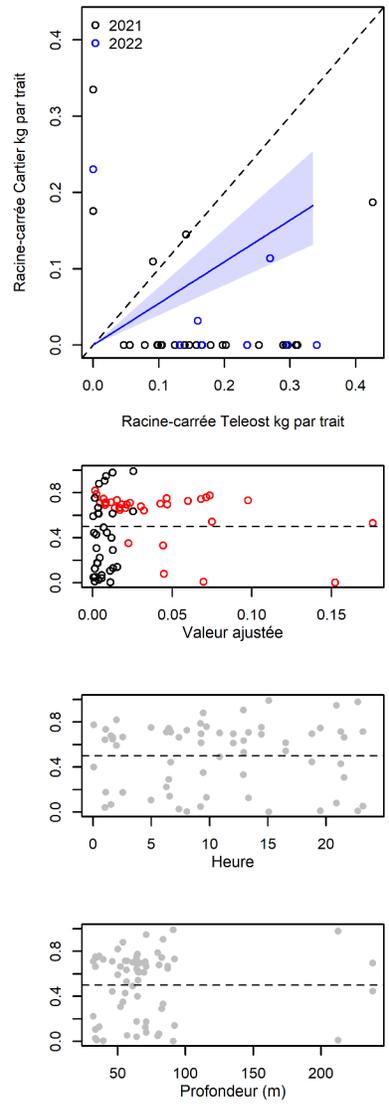


Figure 111. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Cladocroce spatula*.

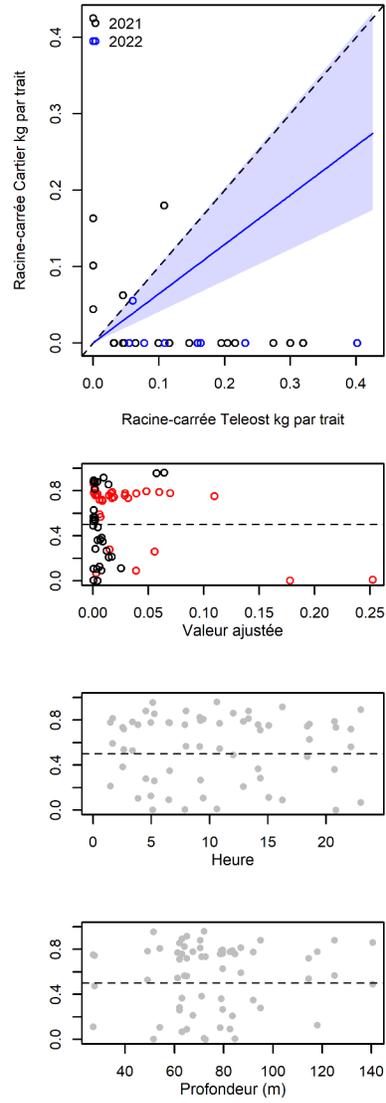


Figure 112. Visualisation des données sur la pêche comparative, des prédictions du modèle avec regroupement par taille et des courbes de résidus pour *Semisuberites cribrosa*.