



Pêches et Océans
Canada

Fisheries and Oceans
Canada

Sciences des écosystèmes
et des océans

Ecosystems and
Oceans Science

Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS)

Document de recherche 2025/025

Région des Maritimes

Étalonnage des navires de relevé au chalut de fond : résultats de la pêche comparative entre le NGCC *Teleost* et le NGCC *John Cabot* ou le NGCC *Captain Jacques Cartier* sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy en 2022 et 2023

Yihao Yin¹, Hugues Benoît² et Ryan Martin³

Pêches et Océans Canada

¹ Institut océanographique de Bedford

Pêches et Océans Canada

1, promenade Challenger

Dartmouth (Nouvelle-Écosse) B2Y 4A2

² Institut Maurice-Lamontagne

Pêches et Océans Canada

850, route de la Mer

Mont-Joli (Québec) G5H 3Z4

³ Station biologique de St. Andrews

Pêches et Océans Canada

125, promenade Marine Science

St. Andrews (Nouveau-Brunswick) E5B 0E4

Avant-propos

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

Publié par :

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

<https://www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs>
DFO.CSAS-SCAS.MPO@dfo-mpo.gc.ca



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

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

ISSN 2292-4272

ISBN 978-0-660-76842-7 N° de cat. Fs70-5/2025-025F-PDF

La présente publication doit être citée comme suit :

Yin, Y., Benoît, H. et Martin, R. 2025. Étalonnage des navires de relevé au chalut de fond : résultats de la pêche comparative entre le NGCC *Teleost* et le NGCC *John Cabot* ou le NGCC *Captain Jacques Cartier* sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy en 2022 et 2023. Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/025. iv + 237 p.

Also available in English:

Yin, Y., Benoît, H., and Martin, R. 2025. *Calibration of Bottom Trawl Survey Vessels: Results of Comparative Fishing Between the CCGS Teleost and CCGS John Cabot/ CCGS Captain Jacques Cartier on the Scotian Shelf and Bay of Fundy in 2022 and 2023. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2025/025. iv + 236 p.*

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ.....	iv
1. INTRODUCTION	1
2. MÉTHODES.....	2
2.1. PÊCHE COMPARATIVE.....	2
2.1.1. Protocoles de l'expérience de pêche comparative.....	2
2.1.2. Collecte et prétraitement des données	3
2.1.3. Validation des calées jumelées.....	3
2.2. MODÈLES D'ANALYSE DE LA PÊCHE COMPARATIVE.....	4
2.2.1. Modèles binomiaux	4
2.2.2. Modèles bêta-binomiaux	6
2.2.3. Modèle de Tweedie pour les données sur la biomasse	7
2.2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles.....	8
2.2.5. Traitement des données avant l'analyse.....	10
2.2.6. Interprétation des résultats et application des facteurs de conversion.....	10
3. RÉSULTATS	11
3.1. VALIDATION DES CALÉES JUMELÉES	11
3.2. SOMMAIRE DES RÉSULTATS	12
3.3. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS.....	13
3.4. RÉSULTATS ET INTERPRÉTATIONS PAR TAXON	15
3.4.1. <i>Gadus morhua</i>	15
3.4.2. <i>Melanogrammus aeglefinus</i>	15
3.4.3. <i>Triglops murrayi</i>	15
3.4.4. <i>Homarus americanus</i>	15
3.4.5. <i>Alosa aestivalis</i>	15
3.4.6. <i>Parathemisto</i> sp., <i>Nymphon</i> sp.	16
3.4.7. <i>Pennatula aculeata</i> , <i>Porifera</i>	16
3.4.8. <i>Vazella pourtalesi</i>	16
4. DISCUSSION.....	16
5. REMERCIEMENTS	17
6. RÉFÉRENCES CITÉES	17
7. TABLEAUX	19
8. FIGURES	50

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 concerné, à condition que la constante de proportionnalité, généralement appelée « capturabilité », ne change pas au fil du temps. Ce résultat est normalement obtenu en utilisant un plan et des procédures de relevé normalisés. Dans la région des Maritimes, le navire de la Garde côtière canadienne (NGCC) *Teleost*, qui est équipé d'un chalut de fond de type Western IIA et qui est utilisé chaque année pour effectuer le relevé d'été de l'écosystème sur le plateau néo-écossais, sera remplacé par le NGCC *John Cabot* et le NGCC *Captain Jacques Cartier*, qui sont équipés d'un chalut de relevé de l'écosystème du Northeast Fisheries Science Centre (NEST). Un tel changement de protocole a nécessité des expériences d'étalonnage pour estimer les ajustements aux possibles variations de capturabilité. On a donc réalisé des expériences de pêche comparative avec ces deux navires et ces deux engins jumelés durant les étés de 2022 et de 2023, dans un grand nombre d'emplacements, afin d'obtenir les données sur les prises nécessaires pour estimer leur efficacité de capture relative pour de nombreux taxons de poissons et d'invertébrés qui sont régulièrement échantillonnés dans ce relevé. Dans ce document, nous décrivons brièvement les expériences de pêche comparative et les données sur les prises ainsi obtenues, suivies des analyses détaillées de ces données pour 108 taxons de poissons et d'invertébrés qui sont régulièrement échantillonnés dans ce relevé de recherche et pour lesquels les expériences avaient produit suffisamment de données. Les analyses ont fait appel à une série de modèles statistiques contemporains utilisés précédemment dans des analyses de pêche comparative dans l'est des États-Unis et dans des régions canadiennes de l'Atlantique. Des recommandations pour l'étalonnage des nombres de prises par les navires reposant sur les résultats des analyses ont été fournies pour ces taxons : 22 taxons avaient des facteurs de conversion dépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur, 14 taxons avaient des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur, 40 taxons avaient des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse avec regroupement par longueur, et l'étalonnage n'a pas été jugé nécessaire pour 21 taxons. Des résultats complémentaires ont également été fournis pour 59 taxons à l'aide d'une analyse de la biomasse des prises avec regroupement par longueur, soit 42 pour lesquels un facteur de conversion semble nécessaire, et 15 qui n'en ont pas besoin.

1. INTRODUCTION

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

Pêches et Océans Canada (MPO) a entrepris une expérience de pêche comparative dans le cadre du relevé au chalut de fond de la région des Maritimes (figure 1) sur le plateau néo-écossais et dans la baie de Fundy au cours des étés 2022 et 2023 afin d'étalonner deux nouveaux navires hydrographiques pour la pêche hauturière, les navires de la Garde côtière canadienne (NGCC) *John Cabot* et *Captain Jacques Cartier* (appelés le *Cabot* et le *Cartier* dans le reste du document), qui remplaceront les vieux navires mis hors service, les NGCC *Teleost* et *Alfred Needler* (appelés le *Teleost* et le *Needler* dans le reste du document). Le *Cabot* et le *Cartier* sont de conception et de construction identiques et sont considérés comme ayant une efficacité de pêche équivalente lorsqu'ils utilisent des chaluts et des protocoles identiques. Des traits de chalut jumelés ont été effectués entre les nouveaux navires et le *Teleost* en 2022 et 2023 dans le cadre d'une expérience de pêche comparative comme celle entreprise entre le *Teleost* et le *Needler* en 2005. Le changement de navires s'accompagnera également d'un changement de chalut de relevé, qui passera d'un chalut de type Western IIA au chalut NEST (chalut de relevé de l'écosystème du Northeast Fisheries Science Centre), ainsi que des procédures de relevé (p. ex. distance de remorquage). L'effet combiné de tous ces facteurs sur la capturabilité relative devrait se refléter dans les résultats de l'expérience de pêche comparative. Les protocoles pour les chaluts de pêche comparative ont été conçus spécialement pour que les traits de chalut jumelés échantillonnent des conditions environnementales et des regroupements de poissons similaires, deux facteurs qui influent directement sur les prises ou la capturabilité, afin que les données obtenues puissent servir de base à l'estimation des facteurs de conversion pour l'étalonnage des prises passées pour les taxons préoccupants.

Dans ce document, nous présentons brièvement les protocoles de l'expérience de pêche comparative, puis décrivons les méthodes utilisées pour le traitement, la validation et l'analyse des données de la pêche comparative. Les régions du Golfe, du Québec et de Terre-Neuve-et-Labrador ont appliqué ces méthodes pour analyser leurs expériences de pêche comparative actuelles de 2021 à 2023 (Benoît *et al.* 2024 pour la région du Québec dans le nord du golfe du Saint-Laurent, Benoît et Yin 2023 pour la région du Golfe dans le sud du golfe du Saint-Laurent, et Trueman *et al.* 2023 pour la région de Terre-Neuve). Les méthodes de validation des calées de pêche comparative jumelées sont détaillées dans Ricard *et al.* 2023. Les méthodes

employées pour analyser les calées jumelées comprennent des modèles statistiques contemporains utilisés précédemment dans des analyses approfondies de pêche comparative dans l'est des États-Unis (Miller *et al.* 2010; Miller 2013) et appliqués récemment à des analyses de données sur la pêche comparative passée pour certains stocks du golfe du Saint-Laurent (Yin et Benoît 2022a; Benoît *et al.* 2022). Ces modèles ont été largement testés dans une étude de simulation et ont été confirmés comme adaptés aux analyses (Yin et Benoît 2022b). Étant donné 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. Les analyses n'ont été appliquées qu'aux taxons pour lesquels on disposait de données adéquates, en fonction desquelles des facteurs de conversion ont été recommandés.

2. MÉTHODES

1.1. PÊCHE COMPARATIVE

1.1.1. Protocoles de l'expérience de pêche comparative

Les détails du protocole de pêche comparative et des protocoles propres aux navires utilisés dans cette expérience reprenaient largement ceux présentés dans Ricard *et al.* (2023) pour des expériences similaires menées dans le sud du golfe du Saint-Laurent, et ne sont donc que brièvement discutés ici. En 2022 et 2023, le *Teleost* a servi de navire « principal » pour l'exécution du protocole de relevé standard/complet. Le *Cabot* (2022) et le *Cartier* (2023) ont été considérés comme les navires « secondaires », et ils ont suivi un protocole d'échantillonnage réduit pour satisfaire aux exigences en matière de collecte de données pour les analyses d'étalonnage, principalement le poids total des prises et les fréquences de longueur, bien que dans de nombreux cas, ils aient également recueilli des paramètres supplémentaires tels que le poids des spécimens et leur sexe.

Aux stations présélectionnées, les navires principal et secondaire ont pêché côte à côte, en suivant des trajectoires parallèles, aussi près l'un de l'autre dans l'espace et dans le temps qu'il était possible et sécuritaire de le faire. La distance séparant les navires était généralement de 0,5 mille marin (NM) et on s'efforçait de faire en sorte que les tracés des deux traits occupent des profondeurs similaires. D'une station à l'autre, les navires changeaient de côté et étaient alternativement à bâbord ou à tribord l'un de l'autre. Les navires principal (le *Teleost*) et secondaire (le *Cabot* ou le *Cartier*) utilisaient des engins de pêche et des protocoles différents. Le chalut Western IIA était utilisé pour les relevés d'été par navire de recherche depuis 1982. Les traits étaient effectués pendant 30 minutes à une vitesse de 3,5 nœuds sur 1,75 mille marin sur le fond. Des durées de trait d'au moins 20 minutes étaient jugées acceptables. La durée des traits était mesurée en fonction du temps écoulé entre le verrouillage des treuils du chalut après le déploiement de l'engin et le début de la remontée du chalut. Les navires secondaires étaient équipés d'un chalut NEST, un chalut de recherche conçu pour mieux capturer différentes tailles de spécimens de divers taxons par rapport au chalut Western IIA. La durée de trait cible était de 20 minutes à une vitesse de 3 nœuds, sur une distance de remorquage prévue de 1 NM. Des durées de trait d'au moins 16 minutes étaient jugées acceptables. Contrairement au protocole du navire principal, la durée des traits était mesurée entre le moment où le chalut touchait le fond, indiqué par les données de positionnement du chalut provenant de capteurs de chalut Scanmar, et celui où les treuils étaient engagés pour remonter le chalut. Les données des capteurs Scanmar ont également été utilisées pour surveiller le rendement des chaluts Western IIA et NEST, et ont aidé à valider les traits réussis. Ces données n'ont pas servi à calculer la

surface balayée de chaque trait pour les analyses des données. La distance de remorquage a plutôt été utilisée comme seul facteur de normalisation de la zone balayée. De plus amples détails sur les protocoles de pêche comparative sont disponibles dans Ricard *et al.* (2023).

1.1.2. Collecte et prétraitement des données

Le principal programme de collecte de données utilisé lors de l'expérience de pêche comparative était le système ANDES (A New Data Entry System). Ce système comprend des vérifications intégrées d'une série de données recueillies lors d'une calée de pêche. Le lieu de pêche réel par rapport aux limites de la strate et au site choisi au hasard garantit que la station appropriée est échantillonnée. Dans le laboratoire de traitement, les prises sont triées par espèce et on saisit le poids total par espèce. On utilise une liste des espèces les plus courantes pour l'emplacement occupé dans le système de saisie de données pour comparer chaque espèce entrée. Si une espèce qui ne figure pas sur la liste est entrée, un avis s'affiche et l'identification peut être révérifiée et corrigée au besoin. Le système ANDES utilise des valeurs prédéterminées « a » et « b » pour calculer les courbes de régression longueur-poids pour de nombreuses espèces nécessitant des données sur la longueur et le poids. Un avis est généré si le poids d'un spécimen à une longueur donnée se situe en dehors de la marge de $\pm 25\%$ du poids prévu. On peut ensuite le révérifier immédiatement et le corriger ou le confirmer. Enfin, une fois que l'échantillonnage d'une espèce est jugé terminé, on compare la somme des poids des spécimens individuels au poids total des paniers échantillonnés pour cette espèce, afin de s'assurer que la quantité correcte est représentée.

À la fin du relevé, toutes les données sont extraites du système ANDES et formatées pour s'aligner sur les tableaux de données de la base de données Oracle où les données des [relevés de l'écosystème par navire de recherche](#) sont stockées. Une deuxième ronde d'examen est effectuée à l'aide de scripts SQL (Structured Query Language) pour vérifier la distance de remorquage, la vitesse, la durée des traits, ainsi que les données sur les prises et les informations détaillées.

Dans de rares cas, plusieurs paniers peuvent être enregistrés comme des « prises mixtes » dans le système ANDES (comme les grandes prises de diverses espèces de crevettes). Dans de tels cas, on sélectionne un panier principal qui est examiné attentivement. Toutes les espèces sont identifiées, pesées et comptées exactement et on détermine la proportion relative de chaque espèce. En partant de l'hypothèse sous-jacente que tous les paniers mixtes d'un panier principal contiennent un mélange similaire d'espèces, on applique ensuite ces ratios à tous les paniers secondaires.

1.1.3. Validation des calées jumelées

Des expériences de pêche comparatives ont été menées durant les étés 2022 et 2023 à l'aide du *Teleost* (2022, 2023), du *Cabot* (2022) et du *Cartier* (2023) afin d'étalonner les données des relevés de recherche passés. Le *Cartier* devait initialement effectuer une pêche comparative avec le *Teleost* en 2022, mais en raison de retards dans l'entretien, il n'était pas disponible au moment du relevé. On a donc mis le *Cabot* à disposition pour la pêche comparative pendant un nombre limité de jours de mer en 2022. Le *Cabot* et le *Cartier* sont des navires jumeaux de conception identique et sont donc considérés comme des plateformes interchangeables. La pêche comparative entre le *Teleost* et le *Cabot* a été effectuée entre le 20 juillet et le 5 août 2022 et la pêche comparative entre le *Teleost* et le *Cartier* entre le 29 juin et le 7 août 2023. En tout, 93 calées de pêche comparative ont été réalisées en 2022 par le *Teleost* et le *Cabot*, et 189 autres en 2023 par le *Teleost* et le *Cartier*, totalisant 282 calées de pêche comparative (tableaux 1 et 2). En 2022, la pêche comparative a été limitée aux divisions 4X et 4W Ouest de l'Organisation des pêches de l'Atlantique Nord-Ouest (OPANO) et à la

partie canadienne des divisions 5Y et 5Z. Aucune pêche comparative n'a été effectuée dans les divisions 4V et 4W Est de l'OPANO ou dans l'une des strates du talus en eaux profondes en 2022 (tableau 2; figures 1 et 2). En 2023, la pêche comparative a été menée dans l'ensemble de l'aire de relevé (divisions 4V, 4W, 4X et 5Z de l'OPANO), à l'exception de la baie de Fundy dans la division 4X de l'OPANO et de la partie canadienne du banc de Georges dans la division 5Z de l'OPANO (tableau 2; figure 2). Entre 2022 et 2023, toutes les divisions de l'OPANO de l'aire du relevé d'été par navire de recherche ont été couvertes par la pêche comparative, mais certaines lacunes subsistent dans des secteurs près d'Halifax et de la côte est de la Nouvelle-Écosse, dans le sud du chenal Laurentien et dans les eaux plus profondes du rebord du plateau néo-écossais (tableau 1; figure 2).

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

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

1.2. MODÈLES D'ANALYSE DE LA PÊCHE COMPARATIVE

1.2.1. Modèles binomiaux

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

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

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

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

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

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

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 présumons un effet de la longueur lisse d'après une fonction de lissage additif généralisé :

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

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

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

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

l'ajustement des écarts aléatoires et peuvent être intégrés dans des modèles complexes à effets mixtes couramment utilisés en sciences halieutiques (Thorson et Minto 2015).

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

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

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

Voici un résumé du modèle mixte binomial ci-dessus :

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

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

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

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

1.2.2. Modèles bêta-binomiaux

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

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

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

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

où 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,

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

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

Voici un résumé du modèle mixte bêta-binomial :

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

La vraisemblance marginale est exprimée par

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

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

1.2.3. 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 la capturabilité relative pour les poids des prises avec regroupement par taille pour tous les taxons.

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

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

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), ν est l'effet fixe du navire, où $\exp(\nu) = \rho$, S_i est un effet aléatoire qui tient compte de la biomasse à la station i et $o_{i,\nu}$ est la variable. Contrairement au modèle des nombres de prises dans lequel la variable était le logarithme du rapport des efforts d'échantillonnage (distance de remorquage et fraction de l'échantillonnage des captures), la variable dans le modèle de Tweedie est le logarithme de l'effort d'échantillonnage à la station i pour le navire ν , 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 :

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

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

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

1.2.4. Ajustement, sélection et validation des modèles

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

Des analyses ont également été effectuées pour les nombres de prises avec regroupement par longueur, pour les taxons ou les cas où des facteurs de conversion avec regroupement par longueur sont nécessaires. Contrairement aux analyses décrites ci-dessus qui considèrent les prises d'un taxon à une station et dans une classe de longueur comme les données de base, ces analyses avec regroupement par longueur modélisent les nombres totaux de prises à chaque station. Dans un souci de simplicité, ces analyses ont été mises en œuvre à l'aide de la fonction *glmmTMB* du progiciel homonyme en R (Brooks *et al.* 2017). Les modèles BI0, BI1, BB0 et BB1 (tableaux 3 et 4) ont été ajustés en spécifiant *family* = *binomial*(*link* = "logit") ou *family* = *betabinomial*(*link* = "logit"), selon le cas. Il convient de noter que les estimations du facteur de conversion pour ces quatre modèles, obtenues à partir des analyses sans regroupement par longueur, diffèrent probablement de celles obtenues à partir des analyses avec regroupement par longueur lorsqu'il existe des effets dépendants de la longueur sous-jacents sur la capturabilité relative entre les deux navires.

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

Les modèles sans regroupement par longueur n'ont été ajustés que pour les taxons pour lesquels il existait des données pour : (1) au moins 10 paires de calées pertinentes (c'est-à-dire lorsque chaque navire de la paire avait au moins une prise); (2) au moins 30 prises par chaque navire; (3) une gamme de longueurs observée d'au moins 10 cm (ou mm selon l'unité de mesure utilisée dans le dossier). Des modèles avec regroupement par longueur ont été ajustés

pour les taxons pour lesquels on disposait de données pour (1) au moins 5 paires de calées pertinentes et (2) au moins 15 prises par chaque navire. Ces critères ont été utilisés comme exigences minimales pour établir une liste de taxons à analyser et un examen plus approfondi des résultats n'a pas débouché sur des recommandations scientifiques pour certains taxons. Il convient de noter que ces critères ont été mis à jour pour cette étude et sont donc légèrement différents des analyses dans d'autres régions (Benoît *et al.* 2024 pour la région du Québec dans le nord du golfe du Saint-Laurent, Benoît et Yin 2023 pour la région du Golfe dans le sud du golfe du Saint-Laurent et Trueman *et al.* 2023 pour la région de Terre-Neuve). Le tableau 5 énumère tous les taxons pris en compte pour les analyses fondées sur des modèles.

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

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

Dans chaque analyse sans regroupement par longueur, on a comparé les estimations de la fonction 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 à 95 % approximatif correspondant du meilleur modèle sont ensuite indiqués pour la gamme de longueurs contenue dans les données d'entrée. Les quantiles des résidus normalisés du modèle (Dunn et Smyth 1996) ont été produits et tracés à l'aide de diagrammes en boîte en fonction de la longueur et de la station de relevé afin d'évaluer visuellement l'adéquation de l'ajustement du modèle. Enfin, nous avons tracé les résidus du modèle en fonction de la profondeur et de l'heure à laquelle une station a été pêchée, deux facteurs connus pour influencer la capturabilité (p. ex. Benoît et Swain 2003), afin d'évaluer si ces effets pouvaient interagir avec l'effet du navire étudié.

L'ajustement des analyses avec regroupement des prises pour les nombres et les poids a été évaluée en traçant le facteur de conversion et l'intervalle de confiance à 95 % approximatif correspondant dans les diagrammes de double projection de la prise d'un navire par rapport à l'autre. En outre, nous avons examiné les quantiles des résidus mis à l'échelle obtenus à l'aide du progiciel DHARMA en R (Hartig 2021). Contrairement aux quantiles des résidus normalisés

utilisés dans les analyses sans regroupement par longueur ci-dessus, qui ont une distribution gaussienne attendue lorsque l'ajustement du modèle est adéquat, les quantiles des résidus dans DHARMA ont une distribution uniforme attendue. Ce choix a été dicté en partie par le fait qu'il était plus facile d'examiner les résidus à l'aide de diagrammes en boîte dans le premier cas, qui comporte davantage de valeurs résiduelles. Les résidus des analyses avec regroupement par prise ont été examinés pour vérifier l'uniformité et une éventuelle surdispersion, et ont été tracés en fonction des valeurs ajustées, de la profondeur de la station et de l'heure. L'évaluation des résidus dans les analyses avec regroupement par taille s'est limitée à une inspection visuelle.

1.2.5. Traitement des données avant l'analyse

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

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

1.2.6. Interprétation des résultats et application des facteurs de conversion

Bien que nous ayons recouru à la sélection automatique du modèle par le CIB dans les analyses, les résultats ont été examinés complètement et scrupuleusement. Pour un petit nombre de taxons, le meilleur modèle choisi par le CIB a été rejeté et les analyses ont été déclassées de modèles sans regroupement par longueur à des modèles avec regroupement par longueur (c'est-à-dire qu'on a recommencé les analyses à l'aide de modèles plus simples). Les données ou les résultats pour ces taxons n'étaient pas suffisants pour appuyer la dépendance à la longueur dans les facteurs de conversion, même s'il était possible d'ajuster les modèles. De même, pour un petit nombre de taxons dont les facteurs de conversion estimés sont irréalistes (moins de 0,05 ou plus de 20, c'est-à-dire une différence de plus de 20 fois entre les navires), les modèles sans regroupement par longueur ont été rejetés et aucun facteur de conversion n'a pu être estimé ou recommandé de manière fiable. Ces cas résultent généralement d'un manque de données efficaces pour les analyses, en particulier lorsqu'un navire a enregistré des prises principalement nulles par rapport à l'autre navire. Les taxons pour

lesquels les résultats des analyses ont été rejetés pour les raisons ci-dessus sont résumés dans le tableau 8. De plus, pour les deux analyses fondées sur des modèles, l'échec de la convergence du modèle ou de l'estimation des paramètres indique que les données sont insuffisantes et les résultats n'ont pas été inclus dans le présent document. Cependant, pour les taxons pour lesquels les facteurs de conversion estimés n'ont pas affiché de différence significative entre les navires jumelés (c'est-à-dire que l'intervalle de confiance à 95 % englobe un facteur de conversion de 1), les chiffres des résultats ont été inclus à titre de référence.

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

Comme indiqué ci-dessus, l'estimation des fonctions du facteur de conversion propre à la longueur peut être sensible à la rareté des données dans les queues des fréquences de longueur. Malgré l'élimination de certaines longueurs extrêmes, il restait des cas où les valeurs du facteur de conversion s'écartaient considérablement de la tendance générale dépendante de la longueur, les longueurs tendant vers les plus petites et les plus grandes. Nous avons donc adopté la procédure suivante. Nous avons d'abord déterminé les longueurs qui constituaient les 0,5^e et 99,5^e centiles de la distribution des fréquences de longueur totale propre au taxon pour l'expérience de 2022 et 2023 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 que ces valeurs étaient constantes pour les longueurs inférieures et supérieures à ces centiles, respectivement. Ces valeurs constantes ont été projetées respectivement sur les plus petites et les plus grandes longueurs propres au taxon observées depuis 1984 dans le relevé ([Relevés de l'écosystème par navire de recherche](#)). Il convient de noter que ces données proviennent du *Needler* et du *Teleost* pêchant avec des chaluts Western IIA et qu'elles peuvent ne pas concorder avec les données tirées de la pêche comparative en 2022 et 2023 menée avec de nouveaux navires et engins.

3. RÉSULTATS

1.3. VALIDATION DES CALÉES JUMELÉES

Toutes les calées réussies et jumelées durant l'expérience de pêche comparative de 2022 et 2023 (282 paires au total; tableau 2) ont été validées après le prétraitement pour nettoyer les données. Six paires (stations n° 249, 978, 123, 135, 254 et 6) avaient un décalage temporel supérieur à 60 minutes, mais inférieur à 90 minutes (figure 3). La différence de profondeur était supérieure à 20 mètres pour 10 paires mais, en pourcentage, toutes les différences de profondeur étaient inférieures à 15 % (figure 3; pourcentage calculé à partir des profondeurs

moyennes des deux navires et des emplacements de début et de fin); les différences de profondeur de début et de fin étaient toutes deux conformes au protocole (figure 4). La distance entre les navires pour toutes les calées jumelées était de moins de 3 NM (milles marins), ce qui indique une proximité étroite entre les traits d'une paire (figure 3). Le *Cartier* ou le *Cabot* pêchait à bâbord pour 141 paires et à tribord pour 141 paires (figure 4); la séquence des côtés a été vérifiée à l'aide d'un test de Wald-Wolfowitz et les résultats ont révélé un caractère aléatoire statistiquement significatif (valeur $p < 0,001$). La durée des traits des trois navires n'a pas dénoté d'écarts significatifs, même si un petit nombre de traits ont été plus courts de quelques minutes que la norme (figure 4; la norme du protocole est de 30 minutes pour le *Teleost* et de 20 minutes pour le *Cabot* et le *Cartier*). Dans l'ensemble, aucune préoccupation importante n'a été relevée et, par conséquent, toutes les calées ont été retenues pour les analyses.

1.4. SOMMAIRE DES RÉSULTATS

Les résultats des analyses ont été résumés dans les tableaux 6 à 9 et agrégés sur les figures 5 et 6, avec les détails expliqués et présentés dans le tableau 5 et sur les figures 7 à 109.

En tout, l'expérience de pêche comparative a enregistré 417 taxons rencontrés (bien que certains codes de taxons aient été attribués dans les situations où l'identification était difficile). Après le nettoyage des données et le regroupement des taxons (tableau 7), il restait 384 taxons, mais seuls 108 ont satisfait aux exigences minimales en matière de données (plus de 5 calées jumelées efficaces; section 2.2.4) pour les analyses. Le tableau 5 récapitule la disponibilité des données, la taille des échantillons et les conversions d'échantillons (calculées comme le ratio entre le nombre total des prises et la biomasse des prises) pour chaque taxon. En raison de préoccupations entourant la fiabilité des données ou la pertinence du modèle, les analyses de deux taxons (codes 64 et 4321) ont été rejetées et, de ce fait, aucune recommandation n'a été formulée.

Quarante-six taxons satisfaisaient aux exigences minimales en matière de données (section 2.2.4) pour les modèles sans regroupement par longueur (MSRL; voir plus de détails à la section 2.2). Les résultats des modèles sans regroupement par longueur pour quatre taxons (codes 204, 340, 610, 701) ont été rejetés en raison d'un manque de confiance dans l'estimation de la dépendance à la longueur et les analyses ont été déclassées. En tout, cinq taxons ont été retirés et la visualisation détaillée des données et la présentation des résultats de 40 taxons ont été incluses dans les figures 11 à 50. La sélection du modèle et les données probantes relatives fondées sur les valeurs du CIA et du CIB sont incluses dans le tableau 10. Le modèle BB7 n'a convergé pour aucun taxon et n'a donc pas été inclus. Pour la plupart des taxons, les critères de sélection ont privilégié les modèles avec des effets de la station aléatoires, probablement en raison des grandes variations entre les stations où les différents engins ont des rendements différents selon les conditions environnementales telles que le type de fond, etc., et les densités des populations des espèces. Les effets de la station étaient également indiqués par la divergence entre les proportions d'échantillons regroupées et moyennées dans les figures des données. Le tableau 5 fournit une référence aux figures obtenues pour ces taxons et la recommandation finale des facteurs de conversion à appliquer à l'étalonnage des navires. Le tableau 9 récapitule les recommandations de facteurs de conversion à appliquer en fonction des résultats des analyses.

Il y avait 106 taxons qui satisfaisaient aux exigences minimales en matière de données (section 2.2.4) pour les modèles avec regroupement par longueur (MRL). Les taxons pour lesquels les ajustements du modèle avaient réussi ont été examinés et cinq (codes 150, 1812, 6113, 6121, 6413) ont été rejetés en raison d'un manque d'information dans les données ou d'un manque de confiance dans les résultats. De plus, deux autres taxons dont les résultats sont irréalistes (codes 8367, 8600) ont été rejetés pour le MRL pour le nombre de prises, et

deux autres taxons avec des données insuffisantes (codes 2809, 2893) ont été rejetés pour le MRL pour la biomasse des prises (voir plus de détails sur les rejets dans le tableau 8). Les résultats pour le MRL pour le nombre et la biomasse des prises, de même que pour tous les taxons, sont présentés dans le tableau 11. À l'exclusion des 41 taxons pour lesquels les résultats des modèles sans regroupement par longueur ont été fournis et des cas rejetés, au total, 59 taxons pour lesquels les résultats sont acceptés et détaillés (modèle avec regroupement par longueur pour le nombre ou la biomasse des prises) sont présentés sur les figures 51 à 109 et le tableau 5 fournit une référence à ces figures pour chaque taxon. Le tableau 9 récapitule également les recommandations de facteurs de conversion à appliquer en fonction des résultats des analyses.

Dans l'ensemble, les conversions estimées ont indiqué une différence significative de capturabilité entre les anciens navires et les navires de remplacement appliquant des protocoles différents (figure 5). Pour la plupart des poissons de fond, le *Cartier* et le *Cabot* étaient plus efficaces que le *Teleost* une fois l'effort de pêche pris en compte. Pour les taxons codés dans les séries 2000, 4000 et 8000, la différence de capturabilité des navires était moins prononcée (les séries 2000 représentent principalement des crustacés, les séries 4000, principalement des mollusques, des bivalves et des céphalopodes, tandis que les séries 8000 sont principalement constituées d'éponges et de méduses). Pour les taxons codés dans les séries 6000 (échinodermes), le *Teleost* était plus efficace que les navires de remplacement. En outre, pour la plupart des taxons pour lesquels on disposait de données adéquates sur les mesures de longueur, nous avons relevé un changement important de sélectivité selon la taille résultant probablement de la différence entre le chalut NEST (utilisé par le *Cartier* et le *Cabot*) et le chalut Western IIA (utilisé par le *Teleost*; figure 6). Pour les taxons dont les gammes de tailles sont importantes (de moins de 20 cm à plus de 50 cm), le facteur de conversion dépendant de la longueur estimé affichait une tendance à la baisse pour les petites tailles et une tendance à la hausse pour les plus grandes; cette forme ressemble au ratio entre deux courbes de sélectivité logistique avec une L50 différente (50 % de la longueur de rétention). Pour certains crustacés (p. ex. les crabes) dont la gamme de tailles est inférieure à 20 cm, la forme ondulée des facteurs de conversion estimés rappelle le ratio entre deux courbes de sélectivité en forme de dôme. Parmi les divers taxons qui ont entraîné des conversions dépendantes de la longueur, les profils étaient uniformes et tels que prévus.

1.5. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS

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

Les tableaux et figures suivants présentent les sommaires des résultats des analyses.

- Le tableau 8 comprend un résumé des considérations particulières pour certains taxons, y compris les raisons de rejeter ou de déclasser les méthodes d'analyse.
- Le tableau 9 récapitule les résultats des analyses de la pêche comparative et donne un aperçu des approches recommandées pour les analyses.

-
- La figure 5 donne un aperçu des facteurs de conversion estimés à partir de modèles sans regroupement par longueur pour le nombre de prises et la biomasse des prises.
 - La figure 6 donne un aperçu des facteurs de conversion estimés à partir de modèles avec regroupement par longueur pour le nombre de prises.

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

- Le tableau 5 présente une liste des taxons qui satisfont aux exigences minimales d'analyse, un résumé des données disponibles, y compris la taille des échantillons (dont le nombre de stations où un taxon a été rencontré par l'un ou l'autre navire, le nombre de stations où un taxon a été rencontré par le *Teleost* et par le *Cartier* ou le *Cabot*, respectivement, le nombre de calées efficaces où les deux navires de la calée ont capturé au moins une prise, le nombre total de mesures de longueur) et les conversions d'échantillons (pour les nombres et la biomasse des prises) pour ces taxons, et enfin, une indexation des figures pour les références aux données détaillées et aux figures des résultats pour chaque taxon. Ce tableau met également en évidence la méthode recommandée pour le facteur de conversion pour chaque taxon.
- Le tableau 10 donne des détails sur la sélection du modèle (valeurs de ΔCIA et ΔCIB) pour les analyses sans regroupement par longueur.
- Le tableau 11 donne des détails sur la preuve et la sélection du modèle (valeurs du CIA et du CIB) pour les analyses des nombres de prises et de la biomasse des prises avec regroupement par longueur, ainsi que les facteurs de conversion estimés et les intervalles de confiance à 95 % pour les analyses des taxons qui satisfont aux exigences minimales en matière de données. Il convient de noter que l'approche recommandée pour ces taxons n'est pas nécessairement l'analyse avec regroupement par longueur.
- Les figures 7 à 9 fournissent une explication du contenu de chaque figure pour se référer aux données propres aux taxons et aux chiffres des résultats des figures 11 à 50. Les graphiques des résultats des analyses sans regroupement par longueur sont présentés dans plusieurs panneaux sur trois pages pour chaque taxon. En bref, la première page (étiquetée a.) présente un résumé des données d'un point de vue spatial, avec regroupement par taille et propre à la longueur (détails à la figure 7). Les résultats des analyses avec regroupement par taille sont présentés dans l'un des panneaux afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. La deuxième page (étiquetée b.) présente un graphique de l'ajustement de tous les modèles convergents et un graphique de la fonction du facteur de conversion sélectionné et de l'intervalle de confiance à 95 %, ainsi que les valeurs constantes projetées que nous proposons pour les plus petites et les plus grandes longueurs (détails à la figure 8). Enfin, la troisième page (étiquetée c.) fournit divers diagrammes en boîte pour les valeurs des quantiles des résidus normalisés pour le modèle sélectionné (détails à la figure 9).
- La figure 10 fournit une explication du contenu de chaque figure pour se référer aux données propres aux taxons et aux chiffres des résultats des figures 51 à 109. Les graphiques des résultats des analyses avec regroupement par longueur, y compris le modèle ajusté et les quantiles des résidus du modèle, sont présentés sur une seule page pour chaque taxon pour les analyses des nombres de prises (colonne de gauche) et des poids des prises (colonne de droite) pour les taxons mesurés, et les nombres ou les poids des prises uniquement (colonne unique) pour les taxons pour lesquels l'analyse de l'autre paramètre a échoué. Les figures ne sont présentées que pour les taxons qui n'ont pas fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur afin de réduire le nombre total de figures dans ce rapport. Néanmoins, les ajustements du modèle avec regroupement par longueur

sélectionné pour les captures des taxons restants sont présentés dans les graphiques des analyses sans regroupement par longueur et les valeurs estimées du facteur de conversion figurent dans le tableau 11.

1.6. RÉSULTATS ET INTERPRÉTATIONS PAR TAXON

1.6.1. *Gadus morhua*

Pour la morue franche (*Gadus morhua*), il y avait un fort effet de la station dans l'analyse sans regroupement par longueur à l'aide des modèles binomiaux et bêta-binomiaux, où les prises de gros poissons provenaient principalement de trois grands traits. Les modèles d'analyse ont permis de lisser cet effet et de produire un étalonnage « moyen » dans la zone de relevé et dans diverses conditions différentes pour l'appliquer aux prises historiques; cependant, une analyse plus détaillée est recommandée pour cette espèce afin d'améliorer la précision de l'estimation. De plus, l'analyse n'a pas pu fournir d'étalonnage raisonnable pour les grandes tailles en raison du manque de prises lors de l'expérience de pêche comparative, ce qui a entraîné de grands intervalles de confiance dans cette gamme de tailles. Par conséquent, il est recommandé de faire preuve de prudence pour appliquer le facteur de conversion aux grandes morues franches.

1.6.2. *Melanogrammus aeglefinus*

Comme pour la morue franche, il est recommandé de faire preuve de prudence pour appliquer le facteur de conversion aux aiglefin (*Melanogrammus aeglefinus*) de grande taille compte tenu de l'incertitude élevée du modèle dans cette gamme de tailles.

1.6.3. *Triglops murrayi*

La suffisance des données était préoccupante pour le faux-triangle armé (*Triglops murrayi*), car les prises provenaient principalement des nouveaux navires. De plus, l'applicabilité des facteurs de conversion a été remise en question lors de l'examen par les pairs, car c'est une espèce benthique qui occupe des habitats précis, ce qui se traduit par moins d'occurrences de prises pendant les relevés. Le facteur de conversion a été retenu, mais il est recommandé de faire preuve de prudence pour utiliser ce résultat.

1.6.4. *Homarus americanus*

Le meilleur modèle pour le homard d'Amérique (*Homarus americanus*) a été sélectionné manuellement (BB5). Les résultats des modèles sans regroupement par longueur ont indiqué que le modèle BB5 avait le CIA le plus faible, tandis que le modèle B11 avait le CIB le plus faible. Les résultats du modèle diffèrent en ce qui concerne la conversion pour les petits homards. Cette incertitude est principalement attribuable au fait que les petits individus se trouvent plus près de la côte néo-écossaise, au large de l'ouest de la Nouvelle-Écosse, et que le relevé n'a peut-être pas un bon accès à ces zones. Sur la recommandation de la réunion d'examen par les pairs, le modèle BB5 a été choisi comme le meilleur modèle; il est plus cohérent avec les autres expériences de pêche et relevés comparatifs utilisant des engins identiques ou similaires (Benoît 2024) et représente mieux les conversions pour la gamme des petites tailles.

1.6.5. *Alosa aestivalis*

Bien que l'expérience de pêche comparative n'ait pas permis de différencier l'aloise d'été (*Alosa aestivalis*) du hareng de l'Atlantique, cela pourrait être un problème dans les relevés et les

données historiques. Il est recommandé de faire preuve de prudence pour appliquer la conversion aux données historiques.

1.6.6. *Parathemisto* sp., *Nymphon* sp.

Les facteurs de conversion de la biomasse pour *Parathemisto* sp. et *Nymphon* sp. ne sont pas fiables en raison de la segmentation des animaux dans le relevé et le modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises a été rejeté pour les deux taxons.

1.6.7. *Pennatula aculeata*, *Porifera*

Les facteurs de conversion de l'abondance de *Pennatula aculeata* et de *Porifera* ont été rejetés en raison de résultats irréalistes (et probablement de données peu fiables), mais les modèles avec regroupement par longueur pour la biomasse capturée ont été conservés.

1.6.8. *Vazella pourtalesi*

Les analyses pour l'éponge siliceuse en forme de tonneau (*Vazella pourtalesi*) ont été effectuées séparément du groupe de taxons 8600 (tableau 7) sur recommandation de la réunion d'examen par les pairs.

4. DISCUSSION

Dans l'ensemble, l'expérience de pêche comparative entre le NGCC *Teleost* et le NGCC *John Cabot* ou le NGCC *Captain Jacques Cartier* en 2022 et 2023 pour le relevé d'été par navire de recherche dans la région des Maritimes a été couronnée de succès. Les données de l'expérience étaient suffisantes pour la plupart des taxons d'intérêt pour que l'on puisse estimer la différence concernant l'efficacité de capture relative entre l'ancien navire et les navires de remplacement. Les résultats ont été fournis pour 40 taxons à l'aide de l'analyse sans regroupement par longueur et pour 59 taxons à l'aide de l'analyse avec regroupement par longueur du nombre de prises. À la suite des analyses, des estimations et des recommandations de facteurs de conversion dépendants de la longueur ont été fournies pour 22 taxons, avec des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse sans regroupement par longueur recommandés pour 14 taxons, des facteurs de conversion indépendants de la longueur à l'aide d'une analyse avec regroupement par longueur recommandés pour 40 taxons, tandis que l'étalonnage a été jugé inutile pour 21 taxons. Des résultats ont également été présentés pour 59 taxons à l'aide d'une analyse avec regroupement par longueur de la biomasse des prises, avec des facteurs de conversion recommandés pour 42 taxons, tandis que l'étalonnage a été jugé inutile pour 15 taxons.

En pratique, pour appliquer correctement ces facteurs de conversion, les analystes devraient examiner attentivement les taxons qui les intéressent afin d'éviter les mauvaises interprétations. Par exemple, les facteurs de conversion de la morue franche et de l'aiglefin peuvent ne pas bien représenter les animaux de grande taille en raison de l'absence de ces individus ces dernières années et durant l'expérience de pêche comparative. Certaines strates en eaux profondes n'ont pas été adéquatement couvertes lors de l'expérience de pêche comparative de 2022 et 2023 et bien que les prises de la plupart des espèces couramment capturées à ces profondeurs aient été suffisantes dans d'autres zones pour permettre l'analyse des données, il est possible que l'efficacité de capture diffère à des profondeurs plus grandes. Une analyse plus approfondie est recommandée, s'il y a lieu pour les taxons d'intérêt, afin d'évaluer les situations mentionnées ci-dessus et d'explorer l'hétérogénéité spatiale potentielle qui pourrait expliquer davantage la variabilité de l'efficacité de capture relative et, ainsi, améliorer la précision des estimations. L'incertitude dans l'estimation du modèle a également été calculée dans cette

étude pour chaque facteur de conversion accepté, et les analystes sont encouragés à tenir compte de cette incertitude dans leurs analyses ultérieures.

5. REMERCIEMENTS

De nombreux membres du personnel des Sciences du MPO et de la GCC ont participé à la planification et à la mise en œuvre de la pêche comparative. Nous tenons à remercier Jordan Ouellette-Plante de nous avoir fourni le code Markdown en R pour compiler les nombreuses figures du document; Paul Regular et Andrea Perreault, qui ont relevé et corrigé une erreur dans le calcul des valeurs du CIA et du CIB dans des analyses antérieures; Jamie Emberley, Mike McMahon et Ryan Martin qui ont effectué le contrôle de la qualité et nous ont aidé à interpréter des données; et toutes les personnes qui ont participé et contribué aux discussions sur les analyses.

6. RÉFÉRENCES CITÉES

- Benoît, H.P., and Swain, D.P. 2003. Accounting for length and depth-dependent diel variation in catchability of fish and invertebrates in an annual bottom-trawl survey. *ICES J. Mar. Sci.* 60: 1297-1316.
- Benoît, H.P., Ouellette-Plante, J., Yin, Y., et Brassard, C. 2022. [Revue du cadre d'évaluation de la morue franche de la division OPANO 3Pn4RS : relevés indépendants de la pêche](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/049. xv + 135 p.
- Benoît, H.P., et Yin, Y. 2023. [Résultats des pêches comparatives entre le NGCC Teleost pêchant le chalut Western IIA et le NGCC Capt. Jacques Cartier pêchant le chalut NEST dans le sud du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/083. xiv + 187 p.
- Benoît, H.P., Yin, Y., et Bourdages, H. 2024. [Résultats de la pêche comparative entre le NGCC Teleost et le NGCC John Cabot dans l'estuaire et le nord du golfe du Saint-Laurent en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO, Doc. de rech. 2024/007. xix + 233 p.
- Brooks, M.E., Kristensen, K., van Benthem, K.J., Magnusson, A., Berg, C.W., Nielsen, A., Skaug, H.J., Mächler, M., Bolker, B.M. (2017). glmmTMB balances speed and flexibility among packages for zero-inflated generalized linear mixed modeling. *R Journal*, 9(2):378-400.
- Cadigan, N.G., Yin, Y., Benoît, H.P., and Walsh, S.J. 2022. A nonparametric-monotone regression model and robust estimation for paired-tow bottom-trawl survey comparative fishing data. *Fish. Res.* 254: 106422.
- Dunn, P.K. and Smyth, G.K. 1996. Randomized quantile residuals. *J. Comput. Graph. Stat* 5: 236-244.
- Dunn, P.K., and Smyth, G.K. 2005. Series evaluation of Tweedie exponential dispersion model densities. *Statis. Comput.* 15:267-280.
- Green, P.J., and Silverman, B.W. 1993. Nonparametric regression and generalized linear models. Chapman and Hall/CRC, 184 p.
- Hartig, F. 2021. DHARMs: Residual diagnostics for hierarchical (multi-level,mixed) regression models. R package version 0.4.1
- Hastie, T., Tibshirani, R. and Friedman, J., 2009. The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction. Springer Science and Business Media.

-
- Kristensen, K., Nielsen, A., Berg, C.W., Skaug, H., and Bell, B.M. 2016. TMB: Automatic differentiation and Laplace approximation. *J. Stat. Softw.* 70: 1-21.
- Miller, T.J. 2013. A comparison of hierarchical models for relative catch efficiency based on paired-gear data for US Northwest Atlantic fish stocks. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 70: 1306-1316.
- Miller, T.J., Das, C., Politis, P.J., Miller, A.S., Lucey, S.M., Legault, C.M., Brown, R.W., and Rago, P.J. 2010. Estimation of Albatross IV to Henry B. Bigelow calibration factors. *Fish. Sci. Cent. Ref. Doc.* 10-05; 233 p.
- R Core Team. 2021. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Ricard, D., Fishman, D., Rolland, N., Sylvain, F.-É., Turcotte, F. and Vergara, P. 2023. Validation of the paired sets from the comparative fishing experiments conducted between CCGS Teleost and CCGS Capt. Jacques Cartier in the southern Gulf of St. Lawrence, September 2021 and 2022. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3547: v + 274 p.
- Thorson, J.T. and Minto, C. 2015. Mixed effects: a unifying framework for statistical modelling in fisheries biology. *ICES J. Mar. Sci.* 72:1245-1256.
- Trueman, S., Wheeland, L., Benoît, H., Munro, H., Nguyen, T., Novaczek, E., Skanes, K. et Yin, Y. 2025. [Résultats de la pêche comparative du NGCC Teleost et du NGCC Alfred Needler par rapport au NGCC John Cabot et au NGCC Capt Jacques Cartier dans la région de Terre-Neuve-et-Labrador en 2021 et 2022](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2025/021. v + 241 p.
- Verbyla, A.P., Cullis, B.R., Kenward, M.G, and Welham, S.J. 1999. The analysis of designed experiments and longitudinal data by using smoothing splines. *J. Royal Stat. Soc. Ser. C* 48: 269-311.
- Wald, A. and Wolfowitz, J. 1940. On a test whether two samples are from the same population. *Ann. Math Statist.* 11:147-162.
- Wood, S.N. 2000. Modelling and smoothing parameter estimation with multiple quadratic penalties. *J. Royal Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol.* 62: 413–428.
- Wood, S.N. 2011. Fast stable restricted maximum likelihood and marginal likelihood estimation of semiparametric generalized linear models. *J. Royal Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol.* 73: 3– 36.
- Wood, S.N. 2017. Generalized additive models: An introduction with R, 2nd ed. Chapman and Hall/CRC Press, 496 p.
- Wu, X. and Zhao, B. 2013. Nonparametric Statistics (Fourth Edition ed). China Statistics Press. pp. 40-42.
- Yin, Y. et Benoît, H.P. 2022. [Réanalyse d'expériences de pêche comparative dans le golfe du Saint-Laurent et autres analyses visant à déterminer les indices de relevés au chalut de fond menés à l'échelle du stock de flétan du Groenland \(*Reinhardtius hippoglossoides*\) des divisions 4RST depuis 1971](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2022/002. viii + 48 p.
- Yin, Y. and Benoît, H.P. 2022b. A Comprehensive Simulation Study of A Class of Analysis Methods for Paired-Tow Comparative Fishing Experiments. *Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci.* 3466: vi + 99 p.
-

7. TABLEAUX

Tableau 1. Nombre de calées de pêche comparative en 2022 et 2023, par division de l'OPANO.

Année	4X	4W	4V	5Z	Total
2022	56	16	0	21	93
2023	45	73	70	1	189
Total	101	89	70	22	282

Tableau 2. Détails sur les paires de calées dans la pêche comparative en 2022 et 2023; les colonnes portant la mention « TEL » contiennent les valeurs pour le NGCC Teleost et celles portant la mention « CA » contiennent les valeurs pour le NGCC Captain Jacques Cartier et le NGCC John Cabot. La date est celle du début du trait par le NGCC Teleost, les heures de début du trait (Heure) sont exprimées en heures décimales, les profondeurs des traits (Profondeur) sont exprimées en mètres et ont été calculées comme la moyenne entre les profondeurs de début et de fin, les valeurs Distance représentent la distance de chalutage pour chaque navire en milles marins, les longitudes et les latitudes sont exprimées en degrés décimaux et ont été enregistrées par le Teleost dans chaque paire.

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2022-07-20	138	21:07	20:07	62,16	78,5	0,95	1,7	-64,76	43,46
2022-07-20	978	17:07	19:07	85,5	83,5	1,05	1,7	-64,68	43,33
2022-07-21	141	15:07	15:07	68	80,5	1,01	1,67	-64,81	42,96
2022-07-21	143	00:07	00:07	132,5	133,5	0,82	1,73	-65,22	43,35
2022-07-21	144	12:07	11:07	158,5	157,5	1,02	1,77	-65,32	42,96
2022-07-21	146	03:07	03:07	124,15	121	1,04	1,74	-65,31	43,22
2022-07-21	166	10:07	10:07	144,5	142	1,06	1,78	-65,38	42,9
2022-07-22	157	15:07	15:07	80	81	0,99	1,81	-65,96	42,82
2022-07-22	158	09:07	09:07	89	90,5	0,98	1,73	-65,45	42,62
2022-07-22	161	12:07	12:07	91,5	90,5	1,03	1,77	-65,75	42,69
2022-07-22	168	23:07	23:07	180,3	170	1,01	1,69	-66,69	42,76
2022-07-23	172	03:07	03:07	252,25	247,5	1,06	1,76	-66,85	42,54
2022-07-23	175	06:07	06:07	247	239,5	0,92	1,73	-67,18	42,68

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2022-07-23	179	09:07	09:07	217,5	225,5	0,87	1,76	-67,11	42,77
2022-07-23	181	12:07	12:07	237,5	238,5	1,02	1,73	-67,2	42,9
2022-07-23	182	21:07	21:07	204,65	207	0,98	1,5	-66,99	43,43
2022-07-23	186	15:07	15:07	180	187,5	1,02	1,58	-66,93	42,94
2022-07-23	189	18:07	18:07	120,35	123	0,99	1,75	-66,71	43,31
2022-07-24	190	09:07	09:07	159,5	164,5	1,02	1,76	-66,93	43,97
2022-07-24	194	19:07	19:07	77,33	78	0,98	1,75	-66,46	44,25
2022-07-24	199	16:07	16:07	178	181,5	0,88	1,79	-66,7	44,23
2022-07-25	195	07:07	07:07	93	91	1,02	1,71	-65,89	44,75
2022-07-25	196	05:07	05:07	97	97	0,83	1,72	-66,09	44,67
2022-07-25	197	11:07	10:07	106,5	98,5	0,97	1,79	-66	44,84
2022-07-25	198	02:07	02:07	167,1	157,5	1,03	1,7	-66,37	44,63
2022-07-25	209	18:07	18:07	48,55	58,5	0,97	1,75	-65,43	45,25
2022-07-25	210	21:07	21:07	53,05	56	1,03	1,43	-65,1	45,32
2022-07-25	211	15:07	15:07	81	81,5	1	1,77	-65,73	45,08
2022-07-25	601	00:07	23:07	49,53	49	0,87	1,36	-65,18	45,39
2022-07-26	208	02:07	02:07	50,16	51	0,83	1,53	-65,33	45,32
2022-07-27	205	20:07	20:07	92,12	95	0,84	1,73	-65,92	45,05
2022-07-27	214	15:07	15:07	73,5	74	1	1,81	-65,62	44,91
2022-07-27	215	13:07	13:07	77,5	78	0,84	1,84	-65,55	45,04
2022-07-28	201	13:07	13:07	179	179,5	0,96	1,73	-66,86	44,31
2022-07-28	1003	16:07	16:07	87	91	0,99	1,76	-66,57	44,14
2022-07-29	176	20:07	19:07	355,6	354,5	1,02	1,76	-66,96	42,43
2022-07-29	177	22:07	22:07	341,5	339,5	0,96	1,82	-66,75	42,4
2022-07-29	178	17:07	17:07	319,75	319,5	1,01	1,75	-67,22	42,53

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2022-07-29	180	11:07	11:07	221,5	224,5	1,02	1,74	-67,56	42,9
2022-07-29	183	03:07	03:07	224,85	219,5	0,85	1,29	-67,07	43,44
2022-07-29	184	13:07	13:07	231,5	222,5	1,01	1,76	-67,47	42,84
2022-07-29	191	08:07	08:07	161	161,5	1,02	1,75	-67,32	43,11
2022-07-30	230	05:07	05:07	170,5	134	1,1	1,7	-66,83	42,16
2022-07-30	235	09:07	09:07	64,5	64,5	1,03	1,69	-66,89	42,09
2022-07-30	237	15:07	15:07	73,5	78,5	0,96	1,71	-66,52	41,92
2022-07-30	238	13:07	13:07	68	70	1,07	1,81	-66,71	41,94
2022-07-30	240	23:07	23:07	84,53	87,5	1,02	1,73	-66,25	41,65
2022-07-30	242	17:07	17:07	67,27	67	0,91	1,77	-66,62	41,77
2022-07-30	243	21:07	21:07	80,42	80,5	1,02	1,77	-66,42	41,69
2022-07-30	244	19:07	19:07	70,5	74	0,98	1,77	-66,51	41,77
2022-07-30	247	02:07	02:07	272,65	263	1,04	1,69	-67,16	42,28
2022-07-31	229	19:07	19:07	94,74	97	1,04	1,74	-66,01	41,85
2022-07-31	232	10:07	10:07	105	116,5	0,85	1,55	-66,32	41,21
2022-07-31	233	13:07	13:07	124,5	127	1,04	1,8	-66,12	41,43
2022-07-31	234	16:07	16:07	133,7	140	1,08	1,77	-65,78	41,76
2022-07-31	241	06:07	06:07	91	90,5	1,04	1,76	-66,46	41,38
2022-07-31	625	03:07	03:07	76	77,5	1,07	1,63	-66,63	41,6
2022-08-01	228	04:08	04:08	176	167	1,08	1,78	-65,88	41,98
2022-08-01	231	01:08	01:08	94,11	93,5	0,91	1,77	-66,09	41,98
2022-08-01	245	18:08	18:08	231,5	232,5	1,02	1,78	-66,22	42,34
2022-08-01	248	08:08	08:08	230	234,5	1,07	1,72	-66,04	42,21
2022-08-01	249	10:08	12:08	203,5	206	1,06	1,79	-66,22	42,2
2022-08-01	623	13:08	13:08	87	91,5	1,02	1,73	-66,37	42,11

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2022-08-02	154	19:08	19:08	88,54	88,5	1,04	1,76	-65,7	42,52
2022-08-02	156	11:08	11:08	62	64	1,11	1,81	-66,21	42,62
2022-08-02	160	17:08	17:08	91,11	92	1,04	1,8	-65,57	42,57
2022-08-02	170	22:08	22:08	108,5	109,5	1,07	1,73	-65,66	42,28
2022-08-02	174	09:08	09:08	200,5	197	0,84	1,29	-66,35	42,56
2022-08-03	149	07:08	07:08	145	141	1,07	1,69	-65,03	42,37
2022-08-03	169	01:08	01:08	116,5	119,5	1,05	1,26	-65,55	42,15
2022-08-03	171	04:08	04:08	116,95	116,5	1,04	1,76	-65,46	42,21
2022-08-03	569	23:08	23:08	150,9	156	0,88	1,82	-63,48	43,31
2022-08-03	570	17:08	17:08	81,74	83,5	1,04	1,76	-64,22	43,1
2022-08-03	575	14:08	14:08	98	99	1,01	1,77	-64,58	42,87
2022-08-03	576	12:08	12:08	126,5	129	1,01	1,76	-64,59	42,63
2022-08-03	976	19:08	19:08	88,95	89,5	1,04	1,8	-64,03	43,19
2022-08-03	985	09:08	09:08	138,5	140,5	1,04	1,77	-64,85	42,47
2022-08-04	101	08:08	08:08	204	214,5	1,03	1,72	-63,1	43,54
2022-08-04	120	05:08	05:08	116	118	0,93	1,79	-63,08	43,27
2022-08-04	121	21:08	21:08	268,2	283,5	1,05	1,76	-61,74	42,99
2022-08-04	122	16:08	16:08	121,5	119	1,02	1,75	-62,29	43,03
2022-08-04	123	19:08	19:08	197,85	196,5	1,04	1,75	-61,95	42,98
2022-08-04	560	02:08	02:08	143,6	146	1,05	1,78	-63,22	43,15
2022-08-04	965	14:08	14:08	101,5	103	1,02	1,73	-62,41	43,11
2022-08-04	967	11:08	11:08	96,5	97	1,03	1,6	-62,6	43,45
2022-08-05	99	20:08	20:08	203,1	203	1,05	1,75	-62,71	43,86
2022-08-05	106	17:08	17:08	132,35	132,5	1,05	1,77	-62,26	43,81
2022-08-05	115	00:08	00:08	106,75	105,5	1,04	1,82	-61,79	43,07

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2022-08-05	117	14:08	14:08	90,5	91,5	1,04	1,78	-62,08	43,64
2022-08-05	118	03:08	03:08	95,27	95,5	1,08	1,83	-62,01	43,24
2022-08-05	124	12:08	12:08	96,5	100	1,04	1,81	-62,34	43,59
2022-08-05	960	10:08	10:08	80,5	81	1,1	1,51	-62,49	43,52
2022-08-05	961	07:08	07:08	86	93	1,04	1,74	-62,34	43,33
2023-06-29	565	16:06	15:06	165,51	157,28	1,02	1,77	-63,52	44,12
2023-06-29	135	20:06	19:06	195,68	196,6	1	1,76	-63,45	43,85
2023-06-30	150	16:06	16:06	152,7	154,53	1,03	1,78	-65,11	43,1
2023-06-30	154	03:06	03:06	149,96	148,13	0,99	1,74	-64,61	43,61
2023-06-30	145	07:06	07:06	70,41	67,67	1,07	1,78	-64,65	43,43
2023-06-30	978	10:06	09:06	90,53	87,78	1,03	1,78	-64,65	43,32
2023-06-30	151	14:06	14:06	160,93	160,02	1,01	1,8	-64,98	43,09
2023-06-30	152	18:06	18:06	141,73	143,56	1,06	1,82	-65,24	43,18
2023-06-30	153	20:06	20:06	156,36	158,19	1,01	1,77	-65,23	43,06
2023-06-30	175	23:06	23:06	134,42	131,67	1,03	1,75	-65,48	42,91
2023-07-01	167	09:07	09:07	93,27	92,35	1,01	1,77	-65,77	42,59
2023-07-01	168	18:07	18:07	54,86	52,12	1,08	1,24	-66,21	42,78
2023-07-01	166	14:07	14:07	85,95	86,87	1,09	1,8	-65,9	42,73
2023-07-01	165	16:07	16:07	71,32	69,49	1,04	1,82	-66,08	42,73
2023-07-01	176	21:07	21:07	160,02	161,85	1,03	1,55	-66,16	42,87
2023-07-02	188	09:07	09:07	236,83	235,92	1,01	1,81	-67,23	43,04
2023-07-02	199	11:07	11:07	179,22	180,14	0,95	1,78	-66,99	43,19
2023-07-02	187	14:07	14:07	216,71	207,57	1,02	1,8	-67,09	43,25
2023-07-02	194	17:07	16:07	149,05	149,05	1,07	1,82	-66,78	43,31
2023-07-02	198	20:07	19:07	169,16	162,76	1,01	1,8	-66,89	43,56

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-07-03	200	02:07	02:07	143,56	142,65	0,92	1,41	-66,68	43,68
2023-07-03	196	13:07	13:07	107,9	106,98	1	1,33	-66,51	44,17
2023-07-05	212	12:07	12:07	139,9	135,33	1,03	1,77	-67,03	44,33
2023-07-05	206	16:07	15:07	170,99	169,16	0,91	1,74	-66,93	44,03
2023-07-05	195	18:07	18:07	168,25	162,76	0,98	1,79	-67,16	43,81
2023-07-05	186	22:07	21:07	223,11	219,46	0,99	1,79	-67,36	43,59
2023-07-06	190	02:07	01:07	204,83	202,08	0,98	1,71	-67,47	43,25
2023-07-06	191	06:07	05:07	194,77	189,28	1,02	1,76	-67,58	43,02
2023-07-06	179	10:07	10:07	206,65	205,74	0,98	1,75	-67,48	42,68
2023-07-06	184	22:07	22:07	307,24	314,55	0,92	1,75	-67,08	42,54
2023-07-07	182	01:07	01:07	258,78	246,89	0,96	1,8	-66,92	42,64
2023-07-08	254	05:07	07:07	235	227,69	0,9	1,42	-66	42,21
2023-07-08	170	13:07	13:07	126,19	119,79	0,99	1,83	-65,48	42,18
2023-07-08	986	16:07	16:07	200,25	203	0,98	1,77	-65,29	42,26
2023-07-08	583	19:07	19:07	113,39	111,56	0,99	1,8	-65,29	42,43
2023-07-08	172	21:07	21:07	97,84	96,01	1,01	1,79	-65,32	42,6
2023-07-09	575	05:07	05:07	106,07	100,58	0,97	1,76	-65,01	42,74
2023-07-09	572	09:07	09:07	82,3	79,55	1,03	1,76	-64,79	42,99
2023-07-09	147	11:07	11:07	91,44	88,7	1	1,8	-64,69	42,99
2023-07-09	155	14:07	14:07	130,76	126,19	0,99	1,78	-64,4	42,96
2023-07-14	144	17:07	16:07	85,95	85,95	1,02	1,76	-64,16	43,11
2023-07-14	158	21:07	20:07	107,9	104,24	1,01	1,78	-64,51	42,87
2023-07-15	157	00:07	00:07	124,36	120,7	1,01	1,83	-64,26	42,79
2023-07-15	142	02:07	02:07	101,5	98,76	1,01	1,8	-64,13	42,93
2023-07-15	141	07:07	07:07	160,93	155,45	1,03	1,84	-63,44	43

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-07-15	569	13:07	13:07	162,76	155,45	0,99	1,74	-63,39	42,93
2023-07-15	560	15:07	15:07	158,19	153,62	1,01	1,73	-63,18	43,01
2023-07-15	121	18:07	18:07	134,42	131,67	0,83	1,78	-62,96	42,91
2023-07-15	129	22:07	21:07	239,57	235,92	1,02	1,74	-62,63	42,86
2023-07-16	128	02:07	01:07	235	231,34	1,01	1,84	-62,26	42,95
2023-07-16	124	07:07	07:07	105,16	103,33	1,03	1,82	-62,57	43,16
2023-07-16	119	10:07	10:07	116,13	116,13	1,01	1,8	-62,87	43,12
2023-07-16	122	13:07	13:07	141,73	138,07	1,02	1,75	-63,11	43,2
2023-07-16	125	15:07	15:07	118,87	119,79	1,08	1,82	-63,06	43,33
2023-07-16	120	17:07	17:07	117,96	114,3	1,03	1,74	-62,79	43,56
2023-07-16	112	19:07	19:07	84,12	81,38	1,01	1,77	-62,52	43,6
2023-07-16	111	22:07	21:07	81,38	79,55	0,98	1,73	-62,36	43,47
2023-07-17	123	01:07	00:07	100,58	98,76	1	1,8	-62,2	43,39
2023-07-17	114	07:07	07:07	96,01	95,1	1	1,8	-62,05	43,56
2023-07-17	115	10:07	10:07	81,38	79,55	1,02	1,83	-61,82	43,57
2023-07-18	104	03:07	03:07	136,25	136,25	1,01	1,76	-62,56	44,07
2023-07-18	105	07:07	07:07	160,02	158,19	1,02	1,79	-62,29	44,11
2023-07-18	106	11:07	11:07	175,56	168,25	1,03	1,81	-61,87	44,2
2023-07-18	107	14:07	13:07	93,27	89,61	0,98	1,75	-61,7	44,18
2023-07-18	110	16:07	16:07	128,02	117,04	1,01	1,73	-61,44	44,02
2023-07-18	113	18:07	18:07	53,95	55,78	1,03	1,79	-61,47	43,94
2023-07-18	73	21:07	21:07	44,81	45,72	1,01	1,75	-60,92	43,9
2023-07-19	75	01:07	01:07	56,69	58,52	0,99	1,81	-60,49	43,76
2023-07-19	72	03:07	03:07	64,92	63,09	1,02	1,78	-60,37	43,63
2023-07-19	71	06:07	06:07	63,09	60,35	1,01	1,85	-60,66	43,66

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-07-19	70	07:07	07:07	60,35	59,44	1,02	1,81	-60,79	43,63
2023-07-19	74	10:07	09:07	65,84	66,75	1,01	1,76	-60,8	43,54
2023-07-19	535	12:07	12:07	109,73	116,13	1,01	1,81	-60,6	43,43
2023-07-19	934	17:07	16:07	195,68	219,46	1,08	1,74	-60,27	43,43
2023-07-19	63	20:07	20:07	218,54	194,77	1,02	1,73	-59,92	43,56
2023-07-19	66	23:07	23:07	108,81	123,44	1,01	1,76	-60,05	43,59
2023-07-20	67	02:07	02:07	58,52	56,69	0,96	1,82	-60,23	43,69
2023-07-20	68	04:07	04:07	58,52	56,69	1,01	1,78	-60,15	43,78
2023-07-20	69	07:07	07:07	44,81	45,72	0,97	1,8	-59,95	43,84
2023-07-20	65	12:07	12:07	96,01	94,18	1,05	1,77	-59,19	43,81
2023-07-20	58	16:07	16:07	228,6	202,08	1,01	1,78	-58,82	43,92
2023-07-20	59	20:07	20:07	234,09	204,83	1	1,76	-58,51	44,05
2023-07-20	56	23:07	23:07	101,5	102,41	1,01	1,73	-58,31	44,23
2023-07-21	52	02:07	02:07	59,44	60,35	1,01	1,79	-58,52	44,29
2023-07-21	48	06:07	05:07	74,98	81,38	1,02	1,79	-58,56	44,2
2023-07-21	49	07:07	07:07	65,84	62,18	1,01	1,84	-58,7	44,27
2023-07-21	55	11:07	11:07	100,58	95,1	1,02	1,78	-58,75	44,11
2023-07-21	62	15:07	14:07	279,81	291,69	1,02	1,76	-59,09	44,16
2023-07-21	60	16:07	16:07	261,52	211,23	1,02	1,38	-59,24	44,17
2023-07-21	61	19:07	19:07	205,74	211,23	1,07	1,79	-59,17	44,32
2023-07-21	57	22:07	22:07	100,58	96,93	1,01	1,75	-59,25	44,32
2023-07-22	531	01:07	01:07	234,09	228,6	1,02	1,8	-59,4	44,28
2023-07-22	533	04:07	04:07	224,03	215,8	1,01	1,75	-59,54	44,23
2023-07-22	540	08:07	08:07	60,35	60,35	0,99	1,83	-59,82	44,08
2023-07-22	77	09:07	09:07	66,75	68,58	1	1,76	-59,94	44,09

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-07-22	541	13:07	12:07	71,32	70,41	1,04	1,75	-60,18	44,12
2023-07-22	539	15:07	15:07	71,32	70,41	1,06	1,8	-60,46	44,15
2023-07-22	81	18:07	18:07	160,02	155,45	1,05	1,77	-60,27	44,28
2023-07-22	524	22:07	22:07	58,52	56,69	1,01	1,75	-59,82	44,46
2023-07-23	85	03:07	03:07	62,18	64,01	1,01	1,8	-60,28	44,46
2023-07-23	83	05:07	05:07	32,92	32,92	0,99	1,78	-60,48	44,41
2023-07-23	84	09:07	08:07	33,83	33,83	1	1,76	-60,46	44,51
2023-07-23	546	11:07	11:07	74,07	69,49	1,02	1,77	-60,45	44,73
2023-07-23	82	13:07	13:07	41,15	41,15	0,99	1,71	-60,59	44,71
2023-07-23	86	17:07	17:07	72,24	67,67	1,01	1,75	-60,83	44,47
2023-07-23	80	20:07	20:07	122,53	105,16	1,01	1,74	-60,59	44,36
2023-07-23	76	23:07	22:07	27,43	26,52	1,01	1,77	-60,79	44,21
2023-07-24	78	03:07	02:07	55,78	54,86	1,01	1,82	-60,99	44,12
2023-07-24	543	04:07	04:07	64,92	65,84	1	1,77	-61,11	44,1
2023-07-24	536	08:07	08:07	51,21	50,29	0,98	1,85	-60,99	43,85
2023-07-24	961	11:07	11:07	49,38	47,55	0,94	1,79	-61,43	43,85
2023-07-24	117	13:07	13:07	72,24	69,49	1,02	1,81	-61,67	43,88
2023-07-24	553	16:07	16:07	137,16	134,42	1,01	1,78	-62,04	43,97
2023-07-24	957	19:07	19:07	95,1	90,53	1,02	1,76	-62,38	43,98
2023-07-24	552	23:07	23:07	268,83	259,69	1	1,76	-62,95	43,77
2023-07-27	91	08:07	08:07	178,31	174,65	0,99	1,78	-61,21	44,91
2023-07-27	89	12:07	12:07	155,45	149,96	1,02	1,76	-60,75	45,11
2023-07-27	92	15:07	15:07	168,25	160,93	1,02	1,75	-60,62	45,21
2023-07-27	87	18:07	18:07	70,41	71,32	1,01	1,76	-60,4	45,05
2023-07-27	90	20:07	20:07	78,64	72,24	1,02	1,68	-60,3	45,1

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-07-28	29	01:07	01:07	129,84	122,53	1,01	1,3	-59,78	45,09
2023-07-28	911	06:07	06:07	76,81	79,55	0,97	1,74	-59,63	45,29
2023-07-28	30	11:07	11:07	151,79	142,65	1	1,69	-59,32	45,52
2023-07-28	25	15:07	15:07	139,9	136,25	1,05	1,79	-59,66	45,75
2023-07-28	12	18:07	18:07	57,61	53,95	1,1	1,33	-59,71	45,97
2023-07-28	26	22:07	21:07	122,53	123,44	1,09	1,78	-59,52	45,76
2023-07-29	914	00:07	00:07	130,76	133,5	0,99	1,75	-59,35	45,8
2023-07-29	31	04:07	04:07	179,22	166,42	1,03	1,76	-58,99	45,87
2023-07-29	8	15:07	14:07	122,53	116,13	1,02	1,76	-59,36	46,3
2023-07-29	6	18:07	17:07	102,41	103,33	1,01	1,75	-59,49	46,27
2023-07-29	15	22:07	22:07	67,67	64,01	1,02	1,82	-59,78	46,36
2023-07-30	5	02:07	02:07	98,76	98,76	1,01	1,75	-60,12	46,48
2023-07-30	11	06:07	05:07	91,44	84,12	0,99	1,77	-60,31	46,47
2023-07-30	16	09:07	08:07	67,67	74,07	1	1,4	-60,3	46,66
2023-07-30	512	12:07	13:07	80,47	86,87	1,01	1,79	-59,99	46,57
2023-07-30	14	15:07	15:07	67,67	66,75	1	1,8	-59,74	46,59
2023-07-30	7	18:07	18:07	133,5	128,93	1,02	1,77	-59,89	46,77
2023-07-30	10	21:07	21:07	149,05	147,22	1,02	1,77	-60,08	46,77
2023-07-31	4	01:07	01:07	231,34	217,63	1,01	1,79	-60,1	47,05
2023-07-31	231	07:07	07:07	420,62	417,88	1,01	1,8	-59,88	47,18
2023-07-31	233	11:07	11:07	465,43	454,46	1,01	1,75	-59,63	47,16
2023-07-31	503	15:07	15:07	363,02	343,81	1,02	1,76	-59,68	46,85
2023-07-31	232	19:07	19:07	437,08	420,62	1,01	1,78	-59,36	46,8
2023-08-01	2	00:08	00:08	343,81	326,44	1,01	1,79	-59,12	46,47
2023-08-01	501	02:08	02:08	374,9	372,16	1,01	1,78	-58,96	46,47

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-08-01	505	06:08	06:08	149,05	141,73	1,01	1,75	-58,9	46,14
2023-08-01	3	10:08	10:08	347,47	337,41	1	1,75	-58,57	46,16
2023-08-01	1	13:08	13:08	290,78	272,49	1,04	1,76	-58,52	46,03
2023-08-01	33	17:08	16:08	275,23	270,66	1,04	1,78	-58,71	45,78
2023-08-01	517	20:08	20:08	237,74	242,32	1	1,76	-58,78	45,69
2023-08-02	27	03:08	03:08	168,25	152,7	1,02	1,62	-58,29	45,86
2023-08-02	36	06:08	06:08	306,32	318,21	1,01	1,76	-58,23	45,92
2023-08-02	235	11:08	11:08	468,17	454,46	1,03	1,75	-57,77	45,72
2023-08-02	22	18:08	17:08	160,02	170,99	0,84	1,38	-58,04	45,65
2023-08-02	1101	21:08	20:08	177,39	156,36	1,03	1,76	-57,99	45,56
2023-08-02	38	23:08	23:08	330,1	305,41	1	1,75	-57,87	45,53
2023-08-03	21	03:08	03:08	84,12	85,95	1,02	1,85	-58,25	45,41
2023-08-03	20	08:08	07:08	70,41	69,49	1,01	1,8	-58,86	45,44
2023-08-03	19	11:08	11:08	96,01	87,78	1,04	1,76	-59,1	45,3
2023-08-03	915	15:08	14:08	149,96	149,96	1,05	1,78	-59,36	45,08
2023-08-03	17	18:08	18:08	79,55	77,72	1,02	1,77	-59,11	45,09
2023-08-03	18	21:08	21:08	77,72	76,81	1,03	1,74	-58,72	45,13
2023-08-04	917	03:08	03:08	261,52	257,86	1,03	1,76	-58,86	44,8
2023-08-04	46	06:08	06:08	72,24	70,41	1,02	1,82	-58,89	44,65
2023-08-04	51	08:08	08:08	58,52	60,35	1	1,75	-59,05	44,59
2023-08-04	525	11:08	11:08	63,09	62,18	1,03	1,79	-58,84	44,54
2023-08-04	50	13:08	13:08	74,98	70,41	1,02	1,74	-58,59	44,64
2023-08-04	39	16:08	16:08	63,09	63,09	1,02	1,79	-58,19	44,75
2023-08-04	40	19:08	19:08	45,72	44,81	1,05	1,77	-57,85	44,76
2023-08-05	521	04:08	04:08	62,18	61,26	1,01	1,75	-57,36	44,66

Date	Station	Heure CA	Heure TEL	Profondeur CA	Profondeur TEL	Distance CA	Distance TEL	Longitude	Latitude
2023-08-05	44	06:08	06:08	57,61	56,69	1	1,75	-57,54	44,6
2023-08-05	41	08:08	08:08	68,58	68,58	0,96	1,74	-57,31	44,57
2023-08-05	54	11:08	11:08	100,58	104,24	1,02	1,78	-57,33	44,44
2023-08-05	527	15:08	15:08	101,5	105,16	1	1,75	-57,89	44,38
2023-08-05	53	17:08	17:08	125,27	105,16	1,03	1,75	-58,05	44,3
2023-08-05	930	21:08	21:08	122,53	141,73	0,97	1,77	-58,57	44,05
2023-08-06	937	02:08	02:08	109,73	104,24	1,01	1,84	-59,28	43,76
2023-08-06	538	05:08	05:08	63,09	64,92	1	1,8	-59,63	43,77
2023-08-06	939	07:08	06:08	56,69	53,95	1,01	1,81	-59,82	43,77
2023-08-06	936	11:08	11:08	129,84	138,07	1,03	1,8	-60,16	43,51
2023-08-06	64	15:08	14:08	203	218,54	1,03	1,75	-60,48	43,41
2023-08-06	941	18:08	18:08	67,67	65,84	1,02	1,77	-60,72	43,56
2023-08-06	537	20:08	20:08	82,3	75,9	1,05	1,81	-60,98	43,44
2023-08-06	534	23:08	23:08	211,23	189,28	1	1,78	-61,04	43,27
2023-08-07	962	04:08	04:08	73,15	74,07	1	1,77	-61,55	43,49
2023-08-07	558	05:08	05:08	71,32	72,24	1,01	1,79	-61,65	43,58
2023-08-07	963	09:08	09:08	96,93	94,18	0,82	1,81	-62,07	43,35
2023-08-07	959	13:08	13:08	98,76	96,01	0,94	1,78	-62,56	43,35
2023-08-07	964	17:08	17:08	125,27	123,44	1,02	1,77	-63,02	43,2

Tableau 3. Ensemble de modèles binomiaux avec diverses hypothèses pour l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative. Un effet de 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	Constante	Non pris en compte
BI1	$\beta_0 + \delta_{0,i}$	Constante	Ordonnée à l'origine
BI2	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	Lissage	Non pris en compte
BI3	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	Lissage	Ordonnée à l'origine

Modèle	$\log(\rho)$	Effet de la longueur	Effet de la station
BI4	$X_f^T(\beta_f + \delta_i) + X_r^T(b + \epsilon_i)$	Lissage	Ordonnée à l'origine, lissage

Tableau 4. Ensemble de modèles bêta-binomiaux avec diverses hypothèses sur l'effet de la longueur et l'effet de la station dans l'efficacité de capture relative, et l'effet de la longueur sur le paramètre de variance. Un effet de 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	$\log(\rho)$	$\log(\phi)$	Effet de la longueur	Effet de la station
BB0	β_0	γ_0	Constante/Constante	Non pris en compte
BB1	$\beta_0 + \delta_{0,i}$	γ_0	Constante/Constante	Ordonnée à l'origine
BB2	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	γ_0	Lissage/Constante	Non pris en compte
BB3	$X_f^T \beta_f + X_r^T b$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Non pris en compte
BB4	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	γ_0	Lissage/Constante	Ordonnée à l'origine
BB5	$X_f^T \beta_f + X_r^T b + \delta_{0,i}$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Ordonnée à l'origine
BB6	$X_f^T(\beta_f + \delta_i) + X_r^T(b + \epsilon_i)$	γ_0	Lissage/Constante	Ordonnée à l'origine, lissage
BB7	$X_f^T(\beta_f + \delta_i) + X_r^T(b + \epsilon_i)$	$X_f^T \gamma + X_r^T g$	Lissage/Lissage	Ordonnée à l'origine, lissage

Tableau 5. Détails des données et des résultats des analyses de la pêche comparative pour les taxons pris en compte dans cette étude. Les taxons non inclus dans le tableau ne font l'objet d'aucune recommandation en raison du manque de données pour les analyses. Les noms scientifiques et communs sont indiqués pour les taxons après le regroupement (voir plus de détails sur le regroupement dans le tableau 5). Le sommaire des données comprend le nombre de stations où un taxon a été rencontré (Nbre Stn), le nombre de stations où un taxon a été rencontré par le Teleost (Nbre TEL) et par le Cartier ou le Cabot (Nbre CA), respectivement, le nombre de calées efficaces où les deux navires de la paire de calées ont eu au moins une prise (Nbre Paire) et le nombre total de mesures de longueur (Nbre Long.). La conversion de l'échantillon (ratio d'échantillons) a été calculée comme le ratio entre les prises totales (normalisé par les distances de remorquage) et a été fournie à la fois pour les nombres de prises (N) et la biomasse des prises (B) à titre de référence. La conversion de l'échantillon n'est pas recommandée pour appliquer l'étalonnage. Les résultats des analyses pour le modèle sans regroupement par longueur (MSRL) et les modèles avec regroupement par longueur (MRL) ont été présentés pour chaque taxon sur les figures où le numéro de la figure (N° fig.) fournit une référence à la figure. Les ombrages des cellules de résultat indiquent la recommandation finale pour chaque taxon, où le vert signifie qu'aucun étalonnage n'est nécessaire pour les nombres de prises, l'orange signifie qu'un modèle sans regroupement par longueur est recommandé pour appliquer l'étalonnage des nombres de prises ($\rho(L)$ indique qu'une conversion dépendante de la longueur est recommandée et $\rho \neq 1$ indique qu'une conversion indépendante de la longueur qui n'est pas égale à 1 est recommandée), le jaune signifie qu'un modèle avec regroupement par longueur est recommandé et l'absence d'ombrage dans le tableau indique qu'aucune recommandation n'est formulée en raison de l'information insuffisante pour les analyses. Les résultats de l'étalonnage de la biomasse des prises à l'aide du modèle avec regroupement par longueur figurent dans le tableau 11. Un tiret (—) indique un taxon pour lequel il n'y avait pas de figures correspondantes ou de recommandations de conversion.

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre CA	Sommaire des données Nbre Paire	Sommaire des données Nbre Long	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
10	<i>Gadus morhua</i>	Morue franche	133	81	117	65	2971	0,18	0,22	11	—	MSRL, $\rho(L)$
11	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	Aiglefin	193	172	177	156	24729	0,52	0,71	12	—	MSRL, $\rho(L)$
12	<i>Urophycis tenuis</i>	Merluche blanche	100	76	83	59	1136	0,37	0,48	13	—	MSRL, $\rho \neq 1$
13	<i>Urophycis chuss</i>	Merluche rouge	172	142	162	132	6968	0,37	0,41	14	—	MSRL, $\rho \neq 1$
14	<i>Merluccius bilinearis</i>	Merlu argenté	255	226	246	217	46415	0,63	0,9	15	—	MSRL, $\rho(L)$
16	<i>Pollachius virens</i>	Goberge	108	74	75	41	1265	1,92	1,66	16	—	$\rho = 1$
23	<i>Sebastes</i> sp.	Sébaste, non séparé	167	136	146	115	21064	0,36	0,44	17	—	MSRL, $\rho(L)$
30	<i>Hippoglossus hippoglossus</i>	Flétan atlantique	87	72	56	41	338	0,95	1,42	18	—	$\rho = 1$
31	<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	Flétan noir, flétan du Groenland	24	23	16	15	275	0,97	0,94	19	—	$\rho = 1$
40	<i>Hippoglossoides platessoides</i>	Plie canadienne	135	94	121	80	7074	0,24	0,53	20	—	MSRL, $\rho(L)$
41	<i>Glyptocephalus cynoglossus</i>	Plie grise	147	118	129	100	4400	0,67	0,69	21	—	MSRL, $\rho(L)$
42	<i>Limanda ferruginea</i>	Limande à queue jaune	102	84	99	81	7251	0,38	0,48	22	—	MSRL, $\rho(L)$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre CA	Sommaire des données Nbre Paire	Sommaire des données Nbre Long	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
43	<i>Pseudopleuronectes americanus</i>	Plie rouge	72	57	63	48	2377	0,67	0,61	23	—	MSRL, $\rho \neq 1$
44	<i>Citharichthys arctifrons</i>	Plie du Gulf Stream	74	41	69	36	1740	0,08	0,05	24	—	MSRL, $\rho(L)$
60	<i>Clupea harengus</i>	Hareng de l'Atlantique	132	112	115	95	8450	0,37	0,37	25	—	MSRL, $\rho(L)$
61	<i>Alosa sapidissima</i>	Alose savoureuse	40	32	23	15	198	1,37	2,17	26	—	MSRL, $\rho(L)$
62	<i>Alosa pseudoharengus</i>	Gaspereau	43	37	39	33	1293	0,45	0,43	27	—	MSRL, $\rho \neq 1$
112	<i>Urophycis chesteri</i>	Merluce à longues nageoires	33	20	31	18	526	0,22	0,17	28	—	MSRL, $\rho \neq 1$
122	<i>Tautoglabrus adspersus</i>	Tanche-tautogue	27	19	22	14	255	0,17	0,3	29	—	MSRL, $\rho \neq 1$
123	<i>Helicolenus dactylopterus</i>	Chèvre impériale	64	36	61	33	3131	0,32	0,49	30	—	MSRL, $\rho(L)$
142	<i>Hippoglossina oblonga</i>	Cardeau à quatre ocelles	39	19	32	12	154	0,27	0,27	31	—	MSRL, $\rho \neq 1$
160	<i>Argentina silus</i>	Argentine	58	26	52	20	458	0,29	0,82	32	—	MSRL, $\rho(L)$
200	<i>Dipturus laevis</i>	Grande raie	67	35	52	20	506	0,27	0,35	33	—	MSRL, $\rho(L)$
201	<i>Amblyraja radiata</i>	Raie épineuse	71	44	62	35	581	0,33	0,27	34	—	MSRL, $\rho \neq 1$
202	<i>Malacoraja senta</i>	Raie à queue de velours	82	49	64	31	368	0,36	0,33	35	—	MSRL, $\rho \neq 1$
203	<i>Leucoraja erinacea</i>	Raie hérisson	74	53	65	44	1020	0,4	0,36	36	—	MSRL, $\rho \neq 1$
220	<i>Squalus acanthias</i>	Aiguillat commun	118	100	100	82	5564	0,81	0,88	37	—	MSRL, $\rho(L)$
300	<i>Myoxocephalus octodecemspinosus</i>	Chaboisseau à dix-huit épines	138	99	123	84	4783	0,34	0,35	38	—	MSRL, $\rho(L)$
304	<i>Triglops murrayi</i>	Faux-tringle armé	36	15	35	14	998	0,14	0,14	39	—	MSRL, $\rho \neq 1$
320	<i>Hemitripterus americanus</i>	Hémitriptère atlantique	82	48	69	35	736	0,41	0,4	40	—	MSRL, $\rho \neq 1$
400	<i>Lophius americanus</i>	Baudroie	129	61	111	43	531	0,27	0,19	41	—	MSRL, $\rho(L)$
712	<i>Notolepis rissoi</i>	Lussion blanc	36	22	29	16	223	0,28	0,26	42	—	MSRL, $\rho \neq 1$
1191	<i>Leucoraja</i> sp.	Raie; hérisson ou tachetée; non précisé	83	50	68	35	1191	0,39	0,4	43	—	MSRL, $\rho(L)$
2511	<i>Cancer borealis</i>	Crabe nordique	144	134	56	48	1316	3,28	3,8	44	—	MSRL, $\rho(L)$
2513	<i>Cancer irroratus</i>	Crabe commun	85	70	63	48	1316	2,8	3,07	45	—	MSRL, $\rho(L)$
2520	<i>Hyas</i> sp.	Crabe-araignée, non identifié	115	98	62	46	1194	1,81	3,07	46	—	MSRL, $\rho \neq 1$
2526	<i>Chionoecetes opilio</i>	Crabe des neiges	78	73	65	60	4283	2,1	1,58	47	—	MSRL, $\rho(L)$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre CA	Sommaire des données Nbre Paire	Sommaire des données Nbre Long	Ratio d'échantillons N	Ratio d'échantillons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
2550	<i>Homarus americanus</i>	Homard d'Amérique	157	145	138	126	4205	0,79	0,67	48	—	MSRL, $\rho(L)$
4511	<i>Illex illecebrosus</i>	Encornet nordique	203	157	147	101	2879	1,79	1,89	49	—	MSRL, $\rho(L)$
4512	<i>Loligo pealeii</i>	Calmar totam	37	33	22	18	1135	1,14	1,06	50	—	$\rho = 1$
50	<i>Anarhichas lupus</i>	Loup atlantique	32	22	21	11	86	0,4	1,18	—	51	MRL, $\rho \neq 1$
114	<i>Enchelyopus cimbrius</i>	Motelle à quatre barbillons	48	22	40	14	220	0,15	0,12	—	52	MRL, $\rho \neq 1$
143	<i>Scophthalmus aquosus</i>	Turbot de sable	13	10	10	7	102	0,23	0,24	—	53	MRL, $\rho \neq 1$
165	<i>Alosa aestivalis</i>	Alose d'été	18	12	12	6	51	0,79	0,58	—	54	$\rho = 1$
204	<i>Leucoraja ocellata</i>	Raie tachetée	48	34	33	19	1479	0,25	0,32	—	55	MRL, $\rho \neq 1$
241	<i>Myxine glutinosa</i>	Myxine du nord	53	35	33	15	183	0,6	0,48	—	56	$\rho = 1$
280	Scorpénidés	Scorpènes	10	6	9	5	90	0,16	0,25	—	57	MRL, $\rho \neq 1$
323	<i>Arteidiellus sp.</i>	Hameçon neigeux	19	9	15	5	122	0,39	0,31	—	58	MRL, $\rho \neq 1$
340	<i>Aspidophoroides monopterygius</i>	Poisson-alligator	69	24	64	19	379	0,27	0,21	—	59	MRL, $\rho \neq 1$
410	<i>Nezumia bairdii</i>	Grenadier du Grand Banc	36	15	32	11	274	0,1	0,12	—	60	MRL, $\rho \neq 1$
610	<i>Ammodytes dubius</i>	Lançon du nord	122	83	92	56	6428	0,54	3,61	—	61	MRL, $\rho \neq 1$
640	<i>Zoarces americanus</i>	Loquette d'Amérique	76	41	58	23	289	0,17	0,27	—	62	MRL, $\rho \neq 1$
701	<i>Peprilus triacanthus</i>	Stromaté	91	70	73	52	1971	1,2	1,22	—	63	MRL, $\rho \neq 1$
1810	<i>Tunicata</i>	Tuniciers	44	31	20	8	0	1,34	0,64	—	64	$\rho = 1$
2211	<i>Pandalus borealis</i>	Crevette nordique	35	30	30	25	0	0,57	0,47	—	65	$\rho = 1$
2212	<i>Pandalus montagui</i>	Crevette ésope	101	74	86	59	0	0,33	0,26	—	66	MRL, $\rho \neq 1$
2213	<i>Atlantopandalus propinquus</i>	Atlantopandalus propinquus	42	30	28	17	0	0,62	0,52	—	67	$\rho = 1$
2214	<i>Dichelopandalus leptocerus</i>	Dichelopandalus leptocerus	175	138	149	113	0	0,8	0,47	—	68	MRL, $\rho \neq 1$
2221	<i>Pasiphaea multidentata</i>	Pasiphaea multidentata	38	27	31	20	0	0,4	0,4	—	69	MRL, $\rho \neq 1$
2312	<i>Lebbeus polaris</i>	Lebbeus polaris	44	29	24	10	0	1,54	0,93	—	70	$\rho = 1$
2316	<i>Spirontocaris spinus</i>	Spirontocaris spinus	23	11	18	6	0	0,9	0,74	—	71	MRL, $\rho \neq 1$
2332	<i>Eualus fabricii</i>	Eualus fabricii	21	13	15	7	0	1,17	0,95	—	72	$\rho = 1$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre CA	Sommaire des données Nbre Paire	Sommaire des données Nbre Long	Ratio d'écha ntillons N	Ratio d'échant illons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
2411	<i>Argis dentata</i>	Argis dentata	38	36	30	28	0	0,46	0,36	—	73	MRL, $\rho \neq 1$
2415	<i>Pontophilus norvegicus</i>	Pontophilus norvegicus	52	37	35	21	0	0,41	0,3	—	74	MRL, $\rho \neq 1$
2417	<i>Crangon septemspinosa</i>	Crangon septemspinosa	51	30	34	13	0	0,48	0,45	—	75	MRL, $\rho \neq 1$
2523	<i>Lithodes maja</i>	Crabe épineux	29	23	20	14	107	0,89	0,47	—	76	$\rho = 1$
2555	<i>Munida iris</i>	Munida iris	23	12	14	5	0	0,13	0,09	—	77	MRL, $\rho \neq 1$
2600	Euphausiacés	Krill, crevette	159	122	130	93	0	0,82	0,71	—	78	MRL, $\rho \neq 1$
2809	<i>Parathemisto</i> sp.	Parathemisto sp.	57	25	44	13	0	0,47	0,5	—	79	MRL, $\rho \neq 1$
2893	<i>Nymphon</i> sp.	Nymphon sp.	33	24	14	7	0	0,92	1,28	—	80	$\rho = 1$
3000	Annélides	Vers annelés	95	78	39	23	0	2,26	1,5	—	81	MRL, $\rho \neq 1$
4210	<i>Buccinum</i> sp.	Buccins	43	43	15	15	0	5,85	5,57	—	82	MRL, $\rho \neq 1$
4400	Nudibranches	Limaces de mer	104	86	65	47	0	1,09	0,85	—	83	$\rho = 1$
4508	<i>Bathypolypus</i> sp.	Bathypolypus	72	61	46	36	1	1,05	1,03	—	84	$\rho = 1$
4536	Sepiolodae	Sépiole	64	35	40	15	1	0,58	0,28	—	85	MRL, $\rho \neq 1$
6102	<i>Porania pulvillus</i>	Porania pulvillus	35	27	16	8	0	2,68	2,6	—	86	MRL, $\rho \neq 1$
6106	<i>Sclerasterias tanneri</i>	Sclerasterias tanneri	44	40	21	18	0	2,6	3,82	—	87	MRL, $\rho \neq 1$
6111	<i>Asterias rubens</i>	Asterias rubens	139	123	77	64	0	2,71	2,94	—	88	MRL, $\rho \neq 1$
6114	<i>Leptasterias</i> sp.	Leptasterias sp.	65	52	26	13	0	1,76	0,25	—	89	$\rho = 1$
6115	<i>Ctenodiscus crispatus</i>	Étoile de vase	39	33	28	22	0	2,67	1,98	—	90	MRL, $\rho \neq 1$
6117	<i>Hippasteria phrygiana</i>	Hippasteria phrygiana	60	55	24	21	0	1,79	1,35	—	91	MRL, $\rho \neq 1$
6118	<i>Henricia</i> sp.	Petite étoile rouge-sang (genre)	136	122	81	68	0	2,25	1,6	—	92	MRL, $\rho \neq 1$
6123	<i>Crossaster papposus</i>	Crachat d'amiral	62	55	32	26	0	3,87	6,92	—	93	MRL, $\rho \neq 1$
6126	<i>Pteraster pulvillus</i>	Pteraster pulvillus	54	46	21	14	0	4,15	3,85	—	94	MRL, $\rho \neq 1$
6136	<i>Astropecten americanus</i>	Astropecten americanus	49	40	33	24	0	3,29	3,7	—	95	$\rho = 1$
6200	Ophiuroidea	Ophiures	136	121	68	54	0	17,82	2,32	—	96	MRL, $\rho \neq 1$
6300	Gorgonocephalidae, Ast eronychidae	Ophiures	25	22	14	12	0	3,52	2,64	—	97	MRL, $\rho \neq 1$

Code du taxon	Nom scientifique	Nom commun	Sommaire des données Nbre Stn	Sommaire des données Nbre TEL	Sommaire des données Nbre CA	Sommaire des données Nbre Paire	Sommaire des données Nbre Long	Ratio d'écha ntillons N	Ratio d'échant illons B	N° fig. MSRL	N° fig. MRL	Résultat
6400	<i>Strongylocentrotus</i> sp.	Oursins	60	55	39	34	0	3,38	4	—	98	MRL, $\rho \neq 1$
6511	<i>Echinarachnius parma</i>	Echinarachnius parma	67	46	36	15	0	13,24	2,91	—	99	$\rho = 1$
6600	Holothuroidea	Holothuroidea c.	68	61	40	34	0	2,25	2,42	—	100	MRL, $\rho \neq 1$
8100	<i>Ctenophora</i>	Groseilles de mer	95	42	82	29	0	0,18	0,14	—	101	MRL, $\rho \neq 1$
8216	<i>Actinostola</i> spp.	Actinostola spp.	20	16	9	5	0	1,39	1,43	—	102	$\rho = 1$
8316	<i>Hormathia</i> sp.	Hormathia sp.	25	20	13	8	0	1,12	1,62	—	103	$\rho = 1$
8347	<i>Psilaster andromeda</i>	Psilaster andromeda	25	23	14	14	0	2,05	1,98	—	104	MRL, $\rho \neq 1$
8367	<i>Pennatula aculeata</i>	<i>Pennatula aculeata</i>	55	42	23	12	0	9,54	4,47	—	105	—
8500	Scyphozoa	Scyphozoaires	134	67	72	32	0	0,33	0,28	—	106	MRL, $\rho \neq 1$
8600	Porifères	Éponges	152	58	49	22	0	0,26	0,88	—	107	—
8601	<i>Vazella pourtalesi</i>	Éponges siliceuses en forme de tonneau	24	17	11	8	365	2,28	1,05	—	108	MRL, $\rho \neq 1$
8613	<i>Suberites ficus</i>	Éponge figuier	25	13	9	5	0	1,26	0,8	—	109	$\rho = 1$
15	<i>Brosme brosme</i>	Brosme	20	12	13	5	39	0,29	0,4	—	—	—
64	<i>Mallotus villosus</i>	Capelan	25	11	19	5	1140	0,11	0,2	—	—	—
150	<i>Myctophidae</i>	Poisson-lanterne (non spécifié)	34	20	26	12	259	0,44	0,4	—	—	—
622	<i>Lumpenus lumpretaeformis</i>	Lompénie- serpent	9	7	7	5	115	0,88	0,61	—	—	—
1812	<i>Boltenia ovifera</i>	Boltenia ovifera	36	29	11	5	0	1,97	1,82	—	—	—
4321	<i>Placopecten magellanicus</i>	Pétoncle géant	114	97	79	62	6117	0,38	0,76	—	—	—
6113	<i>Leptasterias polaris</i>	Leptasterias polaris	38	36	11	9	0	6,85	9,88	—	—	—
6121	<i>Solaster endeca</i>	Soleil de mer pourpre	50	46	10	6	0	5,52	3,81	—	—	—
6413	<i>Brisaster fragilis</i>	Spatangue	12	10	9	7	0	8	6,43	—	—	—

Tableau 6. Sommaire des données sur la pêche comparative, c'est-à-dire la taille de l'échantillon pour les analyses. Les taxons ont été comptabilisés en fonction du nombre de stations où ils ont été rencontrés (c'est-à-dire la répartition spatiale) et du nombre total de prises (c'est-à-dire le niveau de la population). Chaque colonne correspond à une gamme de nombres de calées efficaces (par exemple, 103 avaient un nombre de prises compris entre 0 et 1 ET entre 1 et 5 calées efficaces). La plupart des taxons n'ont été rencontrés que sporadiquement dans l'expérience de pêche comparative et il n'y avait pas suffisamment de données pour l'analyse; quelques espèces étaient à la fois abondantes et largement réparties.

Nombre total de prises	1 à 5 calées efficaces	5 à 50 calées efficaces	50 à 100 calées efficaces	Plus de 100 calées efficaces
0 ou 1	103	119	22	7
1 à 10	52	7	1	0
10 à 100	7	34	1	0
100 à 1 000	1	22	10	1
Plus de 1 000	0	4	8	18

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

Taxon	Code du taxon	Codes dans le groupe
<i>Merluccius bilinearis</i>	14	14, 19
<i>Artediellus</i> sp.	323	323, 306, 880
<i>Liparidae</i>	500	500, 505, 512, 520, 868
<i>Hyas</i> sp.	2520	2520, 2521, 2527
<i>Pagurus</i> sp.	2560	2560, 2561, 2562
Euphausiacés	2600	2600, 2611
Polychètes	3000	3000 - 3104
<i>Aphrodita hastata</i>	3200	3200, 3210
<i>Buccinum</i> sp.	4210	4209, 4210, 4211, 4212
<i>Nudibranches</i>	4400	4400, 4410
<i>Bathypolypus</i> spp.	4508	4508, 4521
<i>Pycnogonida</i>	5100	5100, 5101, 5102
Ophiuroidea	6200	6200, 6211, 6213
<i>Euryalida</i>	6300	6300, 6310
<i>Strongylocentrotus</i> sp.	6400	6400, 6411
Holothuroidea	6600	6600, 6601, 6611
Scyphozoa	8500	8500, 8511
Porifères	8600	8600, 8602-8612, 8614, 8617-8623, 8628-8632, 8637-8699

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

Taxons	Code du taxon	Considérations spéciales
<i>Urophycis tenuis</i>	12	Les petites tailles (<20 cm) ont été exclues en raison du risque de code erroné
<i>Squalus acanthias</i>	220	Les petites tailles (<30 cm) ont été exclues en raison de la rareté des données

Taxons	Code du taxon	Considérations spéciales
<i>Leucoraja</i> sp.	1191	Les grandes tailles (>40 cm) ont été exclues en raison du manque de confiance dans les données
<i>Placopecten magellanicus</i>	4321	Les petites tailles (<15 mm) ont été exclues en raison de la rareté des données
<i>Meganyctiphanes norvegica</i>	2611	Une valeur aberrante (la station 87 en 2023) a été exclue de l'analyse
<i>Euphausiacea</i> , <i>Meganyctiphanes norvegica</i> (krill)	2600, 2611	Regroupés en raison de préoccupations concernant l'identification des espèces pendant le relevé
<i>Bathypolypus</i> spp., <i>Octopoda</i> (pieuvre et calmars)	4508, 4521	Regroupés en raison de préoccupations concernant l'identification des espèces pendant le relevé
<i>Hyas</i> sp., <i>Hyas coarctatus</i> , <i>Hyas araneus</i> (crabes-araignées)	2520, 2521, 2527	Regroupés en raison de préoccupations concernant l'identification des espèces pendant le relevé
<i>Vazella pourtalesi</i>	8601	L'éponge siliceuse en forme de tonneau a été analysée séparément du groupe de taxons 8600
<i>Homarus americanus</i>	2550	Sélection manuelle du modèle pour le homard (le modèle BB5 a été choisi conformément à la recommandation formulée lors de la réunion d'examen par les pairs)
<i>Mallotus villosus</i> , <i>Placopecten magellanicus</i>	64, 4321	Les modèles avec et sans regroupement par longueur ont été rejetés en raison de préoccupations entourant les données et la pertinence des modèles; aucune recommandation n'a donc été formulée
<i>Leucoraja ocellata</i> , <i>Aspidophoroides monopterygius</i> , <i>Ammodytes dubius</i> , <i>Peprilus triacanthus</i>	204, 340, 610, 701	Les modèles sans regroupement par longueur ont été rejetés en raison du large intervalle de confiance indiquant une incertitude dans l'estimation et l'analyse a été rétrogradée à un modèle avec regroupement par longueur
<i>Pollachius virens</i> , <i>Hippoglossus hippoglossus</i> , <i>Reinhardtius hippoglossoides</i> , <i>Loligo pealeii</i>	16, 30, 31, 4512	Le modèle sans regroupement par longueur a donné un intervalle de confiance chevauchant 1, ce qui indique qu'il n'y a pas de différence significative entre les navires

Taxons	Code du taxon	Considérations spéciales
<i>Urophycis tenuis</i> , <i>Urophycis chuss</i> , <i>Pseudopleuronectes americanus</i> , <i>Alosa pseudoharengus</i> , <i>Urophycis chesteri</i> , <i>Tautoglabrus adspersus</i> , <i>Hippoglossina oblonga</i> , <i>Amblyraja radiata</i> , <i>Malacoraja senta</i> , <i>Leucoraja erinacea</i> , <i>Triglops murrayi</i> , <i>Hemitripterus americanus</i> , <i>Notolepis rissoi</i> , <i>Hyas</i> sp.	12, 13, 43, 62, 112, 122, 142, 201, 202, 203, 304, 320, 712, 2520	Le modèle sans regroupement par longueur a produit des facteurs de conversion indépendants de la longueur
<i>Myctophidae</i> , <i>Boltenia ovifera</i> , <i>Leptasterias polaris</i> , <i>Solaster endeca</i> , <i>Brisaster fragilis</i>	150, 1812, 6113, 6121, 6413	Les résultats du modèle avec regroupement par longueur ont été rejetés en raison d'un manque d'information dans les données ou d'un manque de confiance dans les résultats; aucune conversion n'a donc pu être estimée
<i>Pennatula aculeata</i> , <i>Porifera</i>	8367, 8600	Le modèle avec regroupement par longueur pour le nombre de prises a été rejeté, mais le modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises a été conservé
<i>Alosa aestivalis</i> , <i>Myxine glutinosa</i> , <i>Tunicata</i> , <i>Pandalus borealis</i> , <i>Atlantopandalus propinquus</i> , <i>Lebbeus polaris</i> , <i>Eualus fabricii</i> , <i>Lithodes maja</i> , <i>Nymphon</i> sp., <i>Nudibranchia</i> , <i>Bathypolypus</i> spp., <i>Leptasterias</i> sp., <i>Astropecten americanus</i> , <i>Echinarachnius parma</i> , <i>Actinostola</i> spp., <i>Hormathia</i> sp., <i>Suberites ficus</i>	165, 241, 1810, 2211, 2213, 2312, 2332, 2523, 2893, 4400, 4508, 6114, 6136, 6511, 8216, 8316, 8613	Le modèle avec regroupement par longueur pour le nombre de prises a donné des intervalles de confiance chevauchant 1, ce qui indique qu'il n'y a pas de différence significative entre les navires
<i>Parathemisto</i> sp., <i>Nymphon</i> sp.	2809, 2893	Le modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises n'est pas disponible en raison de données insuffisantes, mais le modèle avec regroupement par longueur pour le nombre de prises a été conservé
<i>Anarhichas lupus</i> , <i>Alosa aestivalis</i> , <i>Ammodytes dubius</i> , <i>Tunicata</i> sp., <i>Lebbeus polaris</i> , <i>Spirontocaris spinus</i> , <i>Eualus fabricii</i> , <i>Nudibranchia</i> , <i>Bathypolypus</i> spp., <i>Leptasterias</i> sp., <i>Actinostola</i> spp., <i>Porifera</i> , <i>Vazella pourtalesi</i> , <i>Suberites ficus</i>	50, 165, 610, 1810, 2312, 2316, 2332, 4400, 4508, 6114, 8216, 8600, 8601, 8613	Le modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises a donné des intervalles de confiance chevauchant 1, ce qui indique qu'il n'y a pas de différence significative entre les navires

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

Type d'analyse	Nombre de taxons	Détails et commentaires
Sans regroupement par longueur pour le nombre de prises	Les résultats pour 40 taxons ont été présentés en figures	Dans 4 cas, on n'a relevé aucune différence significative de capturabilité Dans 22 cas, des recommandations dépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle sans regroupement par longueur Dans 14 cas, des recommandations indépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle sans regroupement par longueur
Avec regroupement par longueur pour le nombre de prises	Les résultats pour 59 taxons ont été présentés en figures	Dans 17 cas, on n'a relevé aucune différence significative de capturabilité Dans 40 cas, des recommandations indépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle avec regroupement par longueur L'analyse du modèle avec regroupement par longueur pour le nombre de prises a été rejetée dans 2 cas
Avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises	Les résultats pour 59 taxons ont été présentés en chiffres	Dans 15 cas, on n'a relevé aucune différence significative de capturabilité Dans 42 cas, des recommandations indépendantes de la longueur ont été formulées d'après le modèle avec regroupement par longueur L'analyse du modèle avec regroupement par longueur pour la biomasse des prises a été rejetée dans 2 cas
Aucune recommandation pour la conversion du nombre de prises	285	Données insuffisantes pour l'analyse
Nombre total de taxons dans les analyses (après regroupement)	384	Voir le regroupement des taxons dans le tableau 5
Nombre total de taxons rencontrés	417	Nombre total d'espèces rencontrées dans les traits de pêche comparative

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

Code du taxon	ΔCIA BI0	ΔCIA BI1	ΔCIA BI2	ΔCIA BI3	ΔCIA BI4	ΔCIA BB0	ΔCIA BB1	ΔCIA BB2	ΔCIA BB3	ΔCIA BB4	ΔCIA BB5	ΔCIA BB6	ΔCIB BI0	ΔCIB BI1	ΔCIB BI2	ΔCIB BI3	ΔCIB BI4	ΔCIB BB0	ΔCIB BB1	ΔCIB BB2	ΔCIB BB3	ΔCIB BB4	ΔCIB BB5	ΔCIB BB6
10	686	85	581	8	—	305	67	266	268	0	4	—	666	70	571	3	—	290	57	261	273	0	14	—
11	4198	994	3161	416	—	1266	363	940	938	42	0	—	4161	964	3137	398	—	1236	338	922	932	30	0	—
12	34	9	29	0	—	29	10	22	20	2	—	—	21	0	25	0	—	21	6	23	30	7	—	—
13	1090	29	1078	16	—	454	7	457	460	0	4	—	1072	16	1071	15	—	441	0	455	469	4	19	—
14	8266	562	7640	322	—	1625	189	1483	1476	42	0	—	8228	531	7615	303	—	1594	164	1465	1470	29	0	—
16	478	2	468	2	—	245	0	241	243	0	4	—	471	0	470	9	—	243	3	248	259	12	25	—
23	6594	1123	5622	475	—	1022	298	855	840	44	0	—	6562	1096	5600	459	—	995	276	839	835	33	0	—
30	6	8	0	2	—	5	7	0	—	2	—	—	0	6	2	8	—	3	9	5	—	11	—	—
31	0	2	4	6	—	0	2	4	—	6	—	—	0	5	10	15	—	3	8	13	—	18	—	—
40	1217	313	723	63	—	462	196	295	273	20	0	—	1186	286	702	48	—	436	175	280	267	10	0	—
41	527	53	432	11	200	204	31	185	188	0	2	—	507	38	422	6	210	189	21	180	193	0	13	—
42	799	331	472	0	—	554	293	328	331	0	—	—	784	321	467	0	—	544	288	328	341	5	—	—
43	378	10	319	8	—	210	1	192	193	0	4	—	368	5	318	12	—	205	0	196	206	8	21	—
44	174	26	70	0	—	58	21	35	37	1	—	—	162	18	66	0	—	50	17	35	44	5	—	—
60	3405	232	3248	135	—	1677	71	1621	1622	0	3	—	3382	214	3236	129	—	1660	59	1615	1628	0	15	—
61	13	6	0	0	—	15	—	2	6	2	6	—	7	3	0	3	—	12	—	5	15	8	18	—
62	105	4	75	0	—	56	—	45	45	—	—	—	98	0	75	3	—	52	—	48	56	—	—	—
64	1910	77	1655	46	—	76	2	73	76	0	3	32	1903	73	1653	46	—	72	0	72	81	2	9	40
112	61	4	50	6	—	23	0	19	23	2	—	—	54	0	50	10	—	20	0	23	33	9	—	—
122	51	1	32	0	—	44	—	30	33	—	—	—	47	0	34	5	—	43	—	35	44	—	—	—
123	823	91	445	40	—	204	50	132	134	0	0	—	806	78	436	35	—	191	42	128	138	0	9	—
142	10	0	13	4	21	—	—	—	—	—	—	—	7	0	16	9	35	—	—	—	—	—	—	—
160	215	7	60	0	—	55	8	36	24	—	—	—	205	0	57	0	—	49	5	36	30	—	—	—
200	75	25	46	0	51	59	22	44	48	1	—	—	64	17	42	0	63	51	19	44	55	5	—	—

Code du taxon	ΔCIA BI0	ΔCIA BI1	ΔCIA BI2	ΔCIA BI3	ΔCIA BI4	ΔCIA BB0	ΔCIA BB1	ΔCIA BB2	ΔCIA BB3	ΔCIA BB4	ΔCIA BB5	ΔCIA BB6	ΔCIB BI0	ΔCIB BI1	ΔCIB BI2	ΔCIB BI3	ΔCIB BI4	ΔCIB BB0	ΔCIB BB1	ΔCIB BB2	ΔCIB BB3	ΔCIB BB4	ΔCIB BB5	ΔCIB BB6
201	20	5	18	1	—	14	0	14	16	0	4	—	12	1	18	5	—	10	0	18	28	8	19	—
202	41	0	44	4	—	37	—	40	43	—	9	—	38	0	48	11	—	37	—	48	58	—	28	—
203	150	4	149	0	—	90	5	88	88	2	—	—	142	0	149	4	—	86	6	92	100	10	—	—
204	397	56	281	2	—	202	37	171	174	0	—	—	383	47	275	0	—	192	31	169	181	3	—	—
220	685	114	577	55	—	336	24	322	—	6	0	—	658	92	560	44	—	314	7	311	—	0	4	—
300	770	72	738	18	—	299	37	298	—	0	—	—	750	57	728	13	—	284	27	293	—	0	—	—
304	254	4	256	3	—	54	0	57	59	1	—	—	248	1	256	6	—	51	0	60	68	7	—	—
320	70	0	71	4	—	66	—	70	74	—	—	—	66	0	75	12	—	66	—	78	90	—	—	—
340	93	7	77	0	—	38	8	33	36	2	5	—	84	1	74	0	—	31	5	33	42	5	15	—
400	30	23	6	1	—	26	20	4	—	0	4	12	17	14	1	0	—	17	16	4	—	3	15	28
610	6845	2173	3493	407	112	422	227	249	234	0	—	—	6827	2160	3484	402	121	409	218	244	239	0	—	—
701	703	88	703	47	—	141	12	132	136	0	3	—	688	77	695	43	—	129	4	128	140	0	11	—
712	14	4	15	0	—	7	3	8	6	0	2	—	7	0	13	1	—	3	1	10	13	4	12	—
1191	207	29	176	8	—	116	12	106	110	0	4	—	190	16	168	4	—	104	3	101	114	0	12	—
2511	187	24	160	0	—	173	23	152	154	2	—	—	173	14	155	0	—	163	18	152	164	6	—	—
2513	120	34	92	0	—	104	35	82	—	—	—	—	106	25	87	0	—	94	30	82	—	—	—	—
2520	175	9	172	1	—	105	8	98	101	0	—	—	161	0	167	0	—	96	4	98	109	4	—	—
2526	551	287	254	53	—	231	174	67	62	0	2	—	529	271	243	47	—	214	163	61	68	0	13	—
2550	241	7	226	9	—	172	5	167	157	7	0	—	229	0	225	14	—	165	4	172	173	18	22	—
4321	2541	665	1788	343	—	1089	241	724	719	19	0	—	2508	637	1765	327	—	1061	219	707	714	8	0	—
4511	2083	121	1729	74	—	212	20	204	154	2	0	—	2063	105	1718	68	—	196	9	197	157	0	7	—
4512	69	1	72	0	—	28	2	32	34	2	—	—	65	0	73	5	—	27	4	37	45	10	—	—

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

Code du taxon	CIA BI0	CIA BI1	CIA BB0	CIA BB1	CIB BI0	CIB BI1	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
10	1104	489	484	486	1107	495	490	495	0,23 (0,18; 0,3)	1293	1780	0,25 (0,2; 0,33)
11	7856	1438	1433	1435	7859	1445	1440	1445	0,47 (0,41; 0,54)	2698	3473	0,59 (0,53; 0,66)
12	377	348	348	350	379	354	353	358	0,35 (0,29; 0,43)	974	1314	0,46 (0,39; 0,54)
13	2412	899	892	893	2415	905	898	903	0,26 (0,22; 0,3)	1151	1824	0,26 (0,23; 0,3)
14	54 702	2117	2110	2112	54 705	2124	2117	2123	0,37 (0,33; 0,42)	2857	3950	0,41 (0,37; 0,46)
16	952	350	344	346	954	356	350	354	0,69 (0,51; 0,93)	1146	1521	0,97 (0,73; 1,28)
23	24 055	1213	1201	1203	24 058	1219	1207	1212	0,41 (0,34; 0,5)	1678	2326	0,41 (0,35; 0,48)
30	204	206	206	208	207	211	211	216	0,95 (0,76; 1,18)	991	1275	1,37 (0,98; 1,91)
31	73	75	75	77	74	77	77	80	0,96 (0,76; 1,23)	165	216	0,97 (0,67; 1,41)
40	1844	617	619	621	1847	623	625	630	0,18 (0,14; 0,23)	714	1211	0,32 (0,27; 0,39)
41	1216	648	646	648	1219	654	652	657	0,48 (0,41; 0,57)	894	1447	0,57 (0,5; 0,66)
42	1107	622	620	622	1110	628	625	630	0,36 (0,29; 0,43)	781	1129	0,46 (0,4; 0,53)
43	762	362	360	362	764	367	365	369	0,48 (0,37; 0,62)	703	926	0,58 (0,46; 0,72)
44	394	245	249	247	396	250	254	254	0,05 (0,03; 0,07)	-104	126	0,05 (0,04; 0,07)
50	74	74	74	76	76	77	77	80	0,4 (0,26; 0,61)	247	322	0,99 (0,5; 1,93)
60	5242	832	819	820	5245	838	825	829	0,46 (0,37; 0,57)	1222	1705	0,4 (0,33; 0,5)
61	116	109	109	111	118	112	112	116	1,33 (0,83; 2,12)	238	340	2,07 (1,41; 3,04)
62	325	223	222	224	326	227	226	230	0,5 (0,38; 0,65)	272	385	0,45 (0,37; 0,56)
64	10 810	103	104	106	10 811	106	106	110	0 (0; 0,09)	33	87	0,24 (0,12; 0,46)
112	179	122	122	124	181	125	125	129	0,14 (0,08; 0,26)	55	134	0,15 (0,1; 0,23)
114	120	108	109	111	122	112	113	117	0,12 (0,06; 0,25)	-13	118	0,13 (0,09; 0,2)
122	148	98	99	101	150	101	101	105	0,21 (0,08; 0,51)	156	216	0,3 (0,2; 0,45)

Code du taxon	CIA B10	CIA B11	CIA BB0	CIA BB1	CIB B10	CIB B11	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
123	1096	310	309	311	1099	314	313	317	0,18 (0,13; 0,26)	348	539	0,27 (0,2; 0,36)
142	102	92	92	94	104	96	96	99	0,24 (0,14; 0,4)	209	308	0,24 (0,15; 0,37)
143	55	47	47	49	55	48	48	50	0,25 (0,08; 0,76)	62	82	0,32 (0,13; 0,82)
150	221	109	106	108	222	112	109	113	0,48 (0,27; 0,84)	-206	-124	0,46 (0,26; 0,79)
160	360	149	151	153	362	153	155	159	0,1 (0,05; 0,21)	80	248	0,21 (0,12; 0,36)
165	51	48	48	50	52	50	49	52	0,65 (0,31; 1,37)	27	60	0,56 (0,31; 1,01)
200	221	171	170	172	224	175	174	179	0,27 (0,18; 0,4)	845	1048	0,28 (0,2; 0,4)
201	232	217	216	218	235	222	221	225	0,29 (0,21; 0,39)	540	759	0,27 (0,2; 0,37)
202	267	225	222	224	270	230	227	232	0,35 (0,25; 0,48)	495	758	0,31 (0,22; 0,43)
203	428	282	282	284	431	287	286	291	0,34 (0,25; 0,44)	677	908	0,35 (0,29; 0,43)
204	912	203	202	204	914	207	205	209	0,46 (0,3; 0,71)	637	768	0,31 (0,23; 0,43)
220	1374	623	619	621	1377	629	624	629	0,62 (0,51; 0,74)	1688	2107	0,75 (0,66; 0,85)
241	182	137	134	136	184	141	138	142	0,69 (0,44; 1,08)	57	207	0,52 (0,36; 0,74)
280	35	35	35	37	36	36	35	38	0,2 (0,08; 0,53)	-15	-2	0,27 (0,16; 0,44)
300	1346	618	616	618	1349	624	622	626	0,29 (0,24; 0,35)	837	1348	0,31 (0,27; 0,36)
304	360	110	109	111	362	113	112	116	0,09 (0,05; 0,17)	-77	12	0,09 (0,06; 0,15)
320	313	243	242	244	316	248	247	251	0,37 (0,28; 0,5)	653	917	0,37 (0,27; 0,5)
323	53	50	49	51	54	51	51	54	0,26 (0,12; 0,54)	-132	-96	0,26 (0,16; 0,41)
340	243	158	155	157	246	162	160	164	0,15 (0,1; 0,24)	-526	-315	0,16 (0,11; 0,22)
400	295	287	286	288	297	293	291	296	0,24 (0,18; 0,31)	1257	1726	0,17 (0,13; 0,22)
410	112	96	96	98	114	99	99	103	0,05 (0,02; 0,14)	27	115	0,1 (0,06; 0,17)
610	16 261	682	674	676	16 264	688	679	684	0,59 (0,44; 0,78)	-286	137	1,29 (0,92; 1,8)
640	220	187	184	186	223	192	188	193	0,27 (0,18; 0,4)	253	492	0,25 (0,18; 0,37)
701	1087	382	372	373	1089	387	377	380	0,63 (0,48; 0,85)	282	584	0,92 (0,7; 1,19)
712	114	104	103	105	116	107	106	109	0,3 (0,18; 0,47)	-150	-65	0,25 (0,17; 0,35)
1191	489	301	299	301	491	306	304	309	0,39 (0,29; 0,54)	394	662	0,41 (0,31; 0,54)

Code du taxon	CIA B10	CIA B11	CIA BB0	CIA BB1	CIB B10	CIB B11	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
1810	249	119	116	118	251	122	120	124	1,05 (0,6; 1,85)	-91	22	1,48 (0,75; 2,89)
1812	123	73	77	79	125	76	81	84	2032,06 (25,04; 164 918,29)	29	114	2,59 (1,32; 5,08)
2211	8987	335	330	332	8988	338	334	337	0,86 (0,55; 1,35)	128	214	0,51 (0,39; 0,67)
2212	10 203	668	659	661	10 206	673	664	669	0,48 (0,36; 0,64)	-289	55	0,41 (0,32; 0,52)
2213	1099	226	222	224	1100	229	225	229	0,68 (0,41; 1,12)	-140	-34	0,56 (0,39; 0,8)
2214	8984	1209	1194	1196	8987	1216	1201	1205	0,56 (0,46; 0,69)	-684	-2	0,56 (0,47; 0,68)
2221	2373	280	272	272	2374	284	276	277	0,39 (0,24; 0,63)	-46	50	0,39 (0,27; 0,56)
2312	270	137	132	134	272	140	135	139	0,85 (0,5; 1,46)	-324	-211	0,94 (0,62; 1,41)
2316	82	76	75	77	83	79	77	80	0,47 (0,22; 0,99)	-185	-137	0,68 (0,44; 1,07)
2332	104	75	74	76	105	77	76	79	0,64 (0,31; 1,3)	-192	-150	0,88 (0,53; 1,45)
2411	483	248	247	249	485	251	250	254	0,63 (0,45; 0,88)	-197	-102	0,38 (0,32; 0,45)
2415	497	212	207	209	499	216	211	215	0,54 (0,35; 0,85)	-398	-256	0,32 (0,23; 0,45)
2417	434	176	169	171	436	180	172	176	0,49 (0,31; 0,8)	-393	-252	0,46 (0,3; 0,7)
2511	533	362	359	360	536	368	365	369	2,8 (2,09; 3,75)	410	939	3,94 (3,02; 5,13)
2513	406	320	320	322	408	325	325	329	1,71 (1,27; 2,3)	130	406	2,52 (1,96; 3,23)
2520	532	348	345	347	535	353	350	355	1,24 (0,94; 1,65)	-639	-238	2,72 (2,01; 3,68)
2523	75	77	76	78	77	79	79	82	0,9 (0,61; 1,32)	125	191	0,49 (0,31; 0,78)
2526	758	441	441	443	760	445	446	450	2,2 (1,75; 2,77)	253	500	1,78 (1,5; 2,11)
2550	1326	678	677	679	1329	684	683	688	0,76 (0,66; 0,86)	1929	2529	0,77 (0,68; 0,87)
2555	79	56	55	57	80	58	57	60	0,38 (0,17; 0,83)	-96	-54	0,15 (0,07; 0,3)
2600	10 211	1024	1009	1011	10 215	1030	1015	1020	0,55 (0,44; 0,7)	-1281	-672	0,64 (0,51; 0,8)
2809	238	147	144	146	240	151	148	152	0,32 (0,2; 0,51)	—	—	—
2893	104	77	76	78	105	80	79	82	1,19 (0,63; 2,25)	—	—	—
3000	252	204	201	203	255	209	206	210	1,62 (1,11; 2,38)	-905	-592	1,54 (1,15; 2,05)
4210	136	110	108	110	137	114	112	115	7,78 (4,89; 12,36)	10	123	6,69 (5,04; 8,87)
4321	4531	612	605	607	4534	618	610	615	0,56 (0,43; 0,74)	454	855	0,68 (0,51; 0,91)

Code du taxon	CIA B10	CIA B11	CIA BB0	CIA BB1	CIB B10	CIB B11	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
4400	632	358	354	356	635	363	359	364	0,93 (0,69; 1,25)	-908	-551	0,99 (0,78; 1,27)
4508	272	227	227	229	274	232	231	235	0,93 (0,69; 1,27)	-266	-47	1,01 (0,8; 1,27)
4511	6613	786	766	767	6616	793	773	777	0,69 (0,57; 0,85)	577	1402	1 (0,83; 1,21)
4512	216	148	148	150	218	151	151	155	0,91 (0,63; 1,3)	44	137	1 (0,83; 1,2)
4536	122	123	123	125	124	128	127	132	0,59 (0,42; 0,82)	-396	-221	0,37 (0,25; 0,53)
6102	78	77	77	79	80	80	80	83	2,65 (1,69; 4,15)	23	109	2,08 (1,23; 3,53)
6106	146	119	118	120	147	122	122	126	2,42 (1,52; 3,84)	-227	-114	3,26 (2,18; 4,87)
6111	1290	536	533	535	1293	542	539	544	1,72 (1,3; 2,28)	-251	250	2,53 (1,95; 3,28)
6113	111	71	77	79	113	75	80	84	50,67 (4,02; 638,17)	87	182	12,39 (7,62; 20,15)
6114	284	160	159	161	286	165	164	168	1,57 (0,97; 2,54)	-433	-238	1,42 (0,78; 2,58)
6115	690	223	224	226	691	226	227	230	1,73 (1,07; 2,81)	-50	49	1,83 (1,43; 2,33)
6117	129	119	119	121	131	123	123	127	2,03 (1,34; 3,08)	78	246	1,67 (1,2; 2,32)
6118	606	467	463	465	609	473	469	474	1,88 (1,48; 2,4)	-1166	-670	1,83 (1,47; 2,3)
6121	107	70	79	—	109	73	82	—	3501,78 (79,67; 153 914,38)	72	210	7,11 (3,48; 14,53)
6123	192	163	165	167	194	167	169	173	3,42 (2,13; 5,49)	-42	138	6,17 (4,23; 9)
6126	176	123	123	125	178	127	127	131	2,21 (1,29; 3,77)	-391	-241	3,44 (2,28; 5,17)
6136	746	219	219	221	748	223	223	226	1,13 (0,72; 1,79)	-176	-41	2,14 (1,45; 3,16)
6200	5617	520	521	523	5620	526	527	531	10,47 (5,61; 19,54)	-1036	-539	6,02 (4,58; 7,9)
6300	72	74	74	76	73	76	76	79	3,51 (2,79; 4,41)	85	135	2,82 (2,07; 3,85)
6400	763	297	298	300	765	301	302	306	3,57 (2,51; 5,06)	150	326	3,83 (2,99; 4,9)
6413	89	54	55	57	89	55	56	59	2,59 (0,81; 8,25)	-54	-36	4,39 (2,38; 8,08)
6511	853	228	220	222	855	233	224	228	0,98 (0,62; 1,54)	117	320	2,23 (1,38; 3,6)
6600	819	278	280	282	821	283	284	288	3,58 (2,27; 5,65)	544	747	2,76 (2,12; 3,59)
8100	1449	333	332	334	1451	338	338	342	0,15 (0,1; 0,22)	-422	-104	0,1 (0,08; 0,14)
8216	66	55	54	56	67	57	56	59	1,3 (0,58; 2,89)	62	101	1,42 (0,82; 2,45)
8316	268	104	104	106	270	106	106	109	1,19 (0,64; 2,19)	-20	34	1,81 (1,28; 2,57)

Code du taxon	CIA BI0	CIA BI1	CIA BB0	CIA BB1	CIB BI0	CIB BI1	CIB BB0	CIB BB1	Conversion du modèle des nombres	CIA	CIB	Conversion du modèle de la biomasse
8347	124	95	95	97	125	97	97	100	1,94 (1,16; 3,24)	-20	27	2,19 (1,53; 3,13)
8367	738	184	184	186	740	188	188	192	923,58 (9,26; 92 134,64)	-196	-47	4,97 (3,3; 7,49)
8500	387	304	298	300	390	310	304	308	0,42 (0,31; 0,58)	-8	362	0,27 (0,2; 0,37)
8600	1864	305	296	298	1867	310	301	305	0,68 (0,47; 0,99)	26	302	1,2 (0,85; 1,7)
8601	146	87	84	85	147	89	86	88	2,06 (1; 4,24)	87	126	1,31 (0,95; 1,8)
8613	201	72	71	73	202	74	73	76	0,98 (0,42; 2,27)	96	127	1,28 (0,67; 2,44)

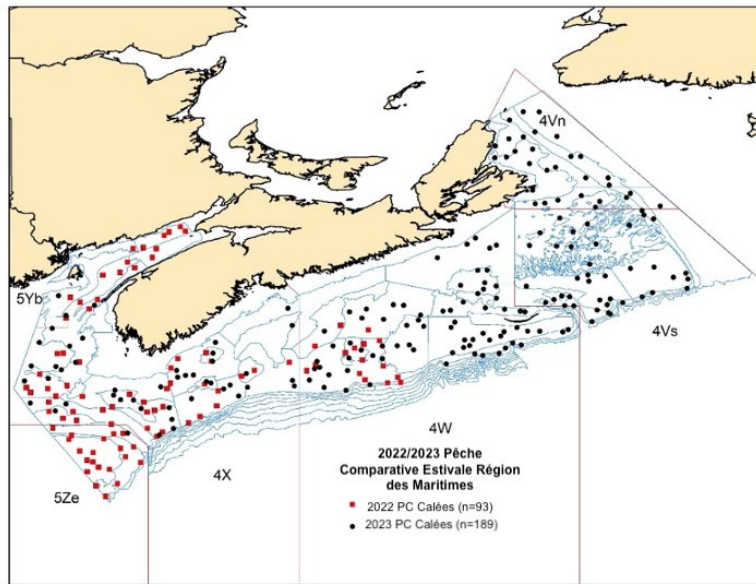


Figure 2. Emplacements des calées de pêche comparative de 2022 (rouge) et de 2023 (noir) (calées de PC; n = nombre de calées de pêche) de l'expérience de pêche comparative estivale de la Région des Maritimes. Les lignes bleues et rouges représentent les limites des strates de relevé et les subdivisions de l'OPANO dans la Région des Maritimes, respectivement.

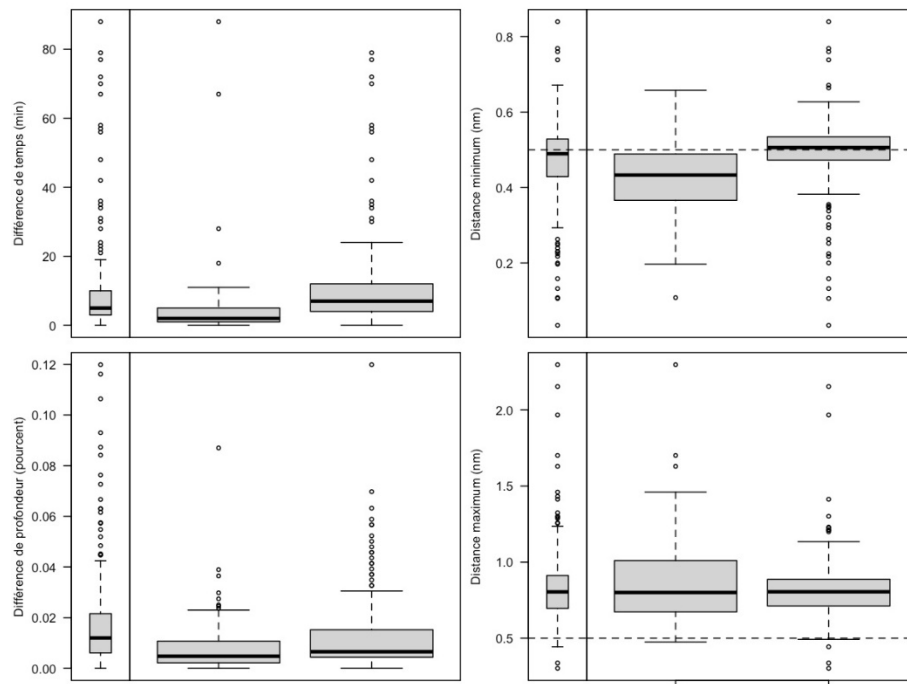


Figure 3. Diagramme de quartiles montrant le temps en minutes entre le début de la pêche entre les navires, la différence de profondeur en mètres entre les navires et les distances minimales et maximales entre les navires, en milles marins (nm). Les deux années où la pêche comparative a eu lieu sont présentées ensemble dans la colonne de gauche et séparément dans la colonne de droite.

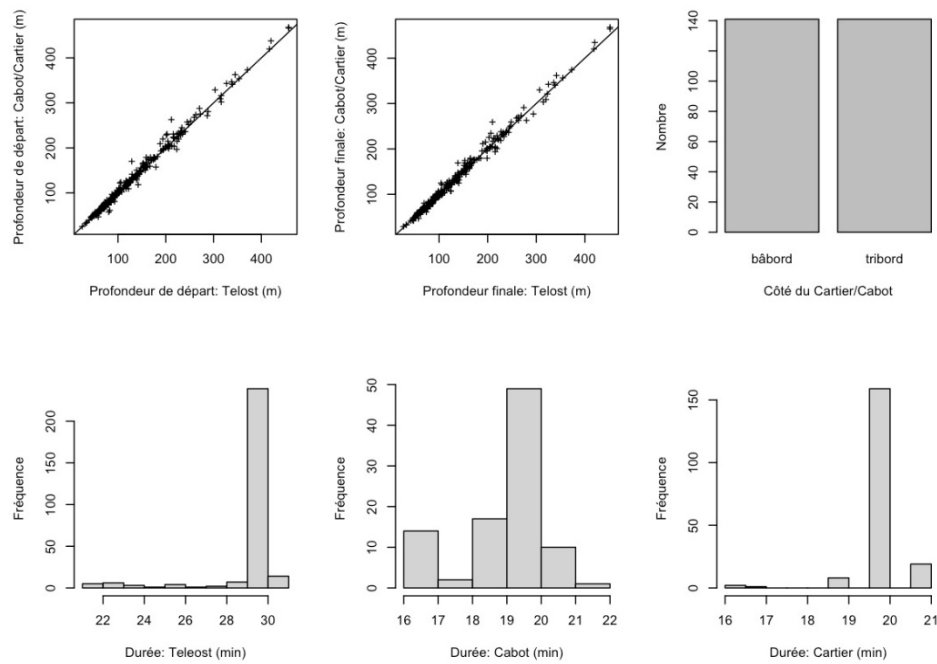


Figure 4. Les deux graphiques du haut à gauche indiquent la profondeur des lieux de départ et d'arrivée de chaque paire de traits, en mètres (m). Le graphique supérieur droit indique le nombre de paires où les Navires de la Garde Côtière Canadienne Cartier/Cabot ont pêché de chaque côté. Les trois graphiques du bas résument la durée des traits, en minutes, pour tous les traits des trois navires, respectivement.

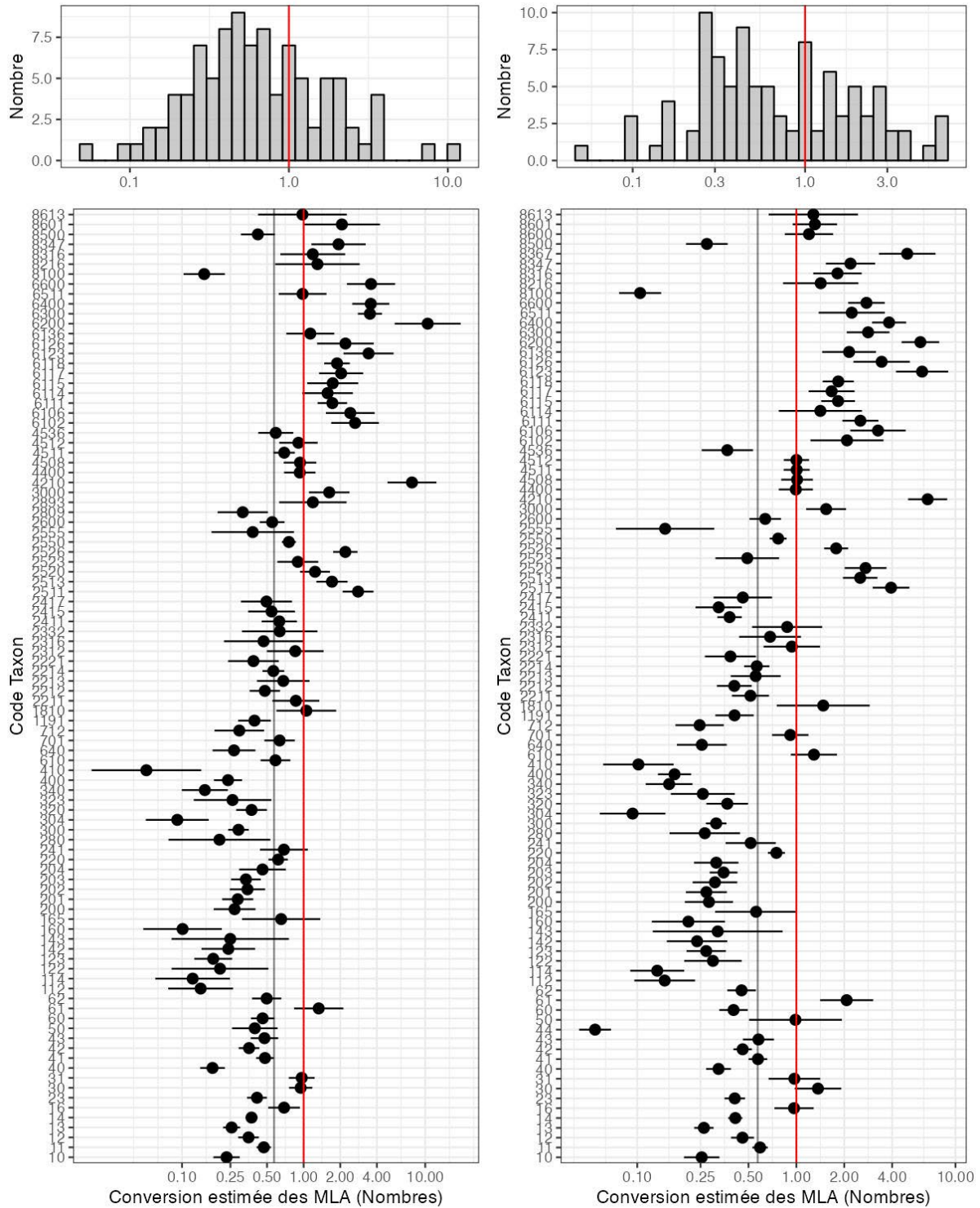


Figure 5. Facteurs de conversion estimés et intervalle de confiance à 95 % pour le nombre de prises et la biomasse des taxons (voir le tableau 5 pour les codes) utilisant les modèles avec regroupement par longueur (MRL, voir la section 2.2 pour plus de détails) et résumés des histogrammes pour les facteurs de conversion estimés. Les lignes verticales rouges et grises indiquent une conversion égale à 1 et 1/1,75 (rapport entre les distances de trait du protocole).

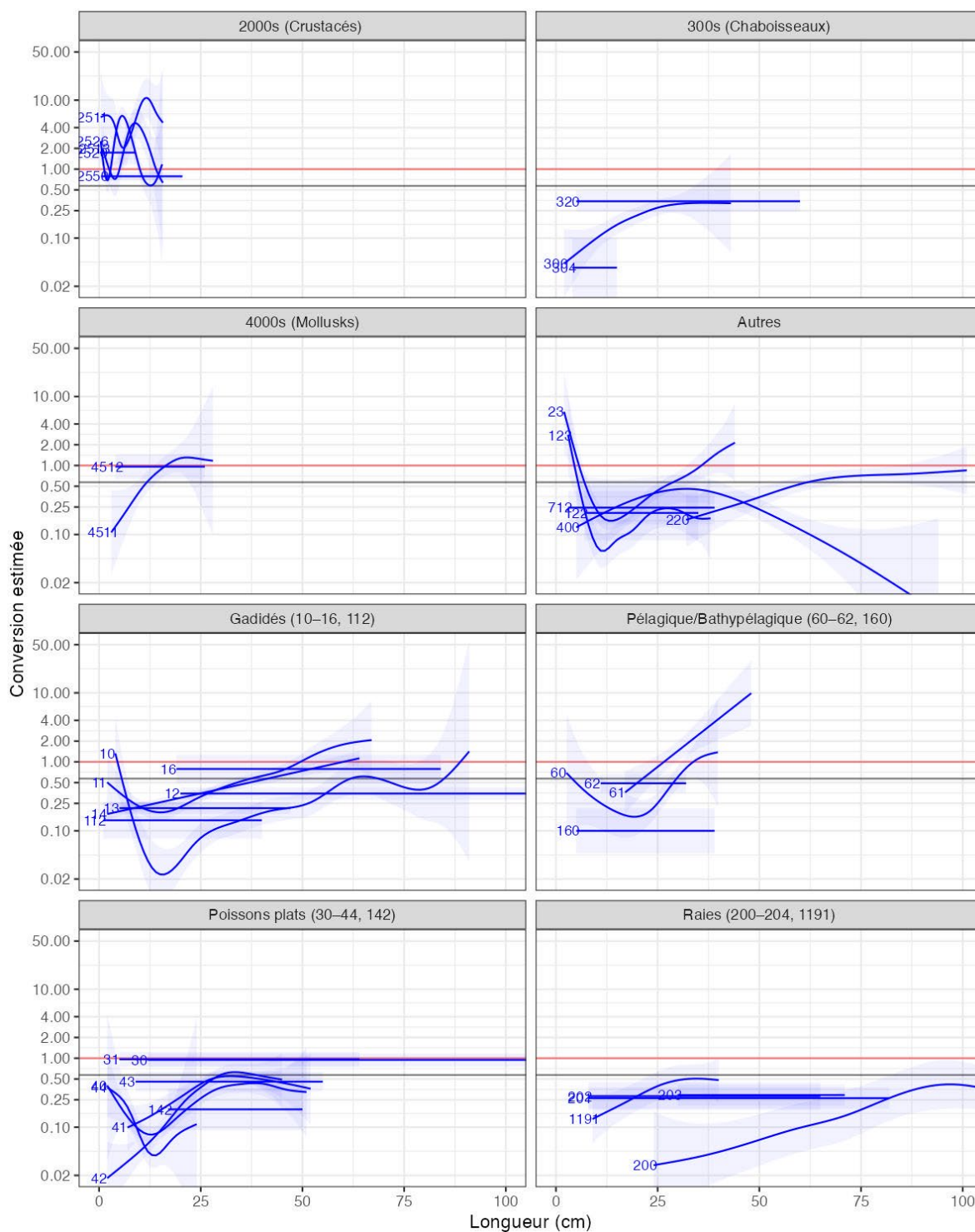


Figure 6. Facteurs de conversion estimés et intervalle de confiance à 95 % pour le nombre de prises et la biomasse des taxons (voir le tableau 5 pour les codes) utilisant les modèles sans regroupement par longueur (MSRL, voir la section 2.2 pour plus de détails). Les lignes horizontales rouges indiquent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

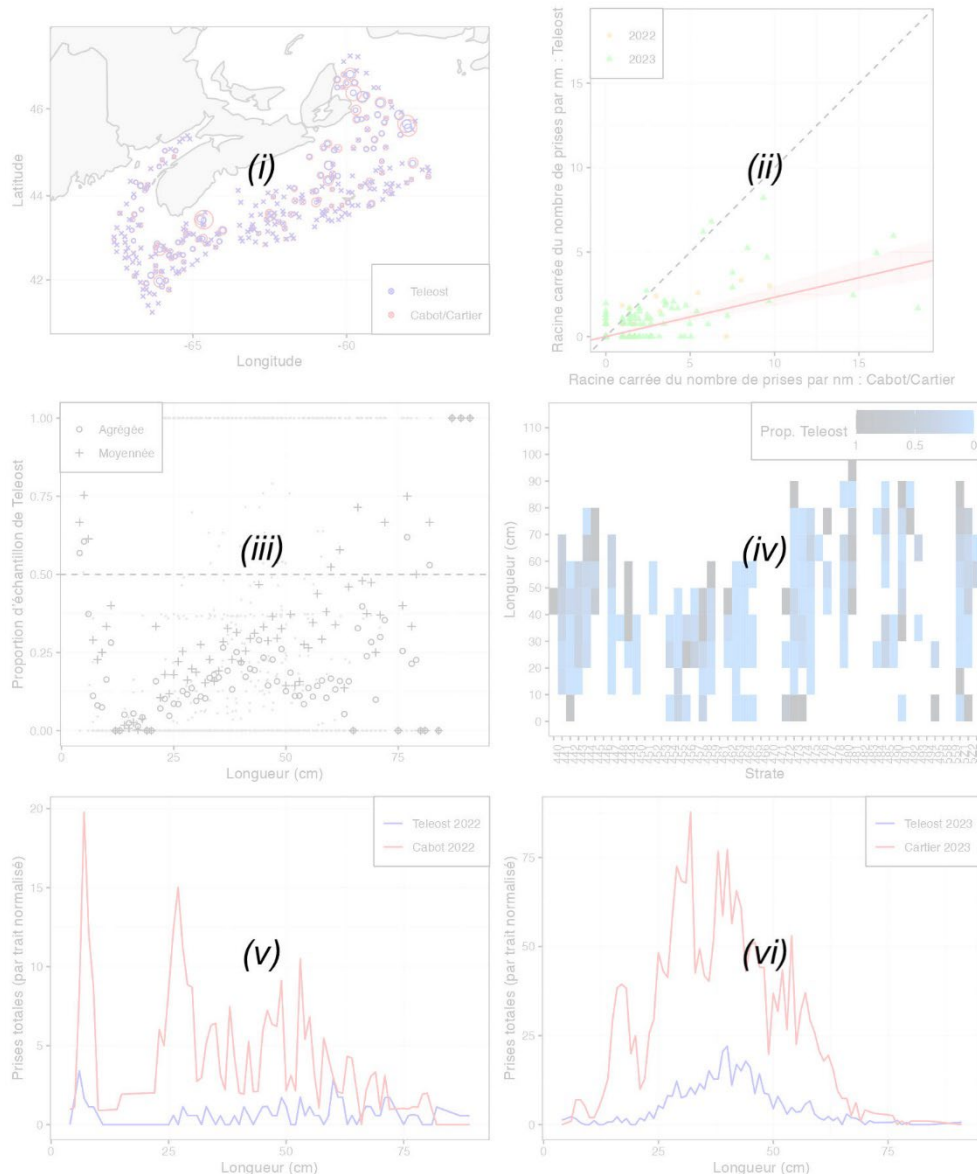


Figure 7. Interprétation du premier des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (i) Présente une carte des prises par le Navire de la Garde Côtière Canadienne (NGCC) Teleost (cercles rouges) et par les NGCC Jacques Cartier et John Cabot (cercles bleus) en calées de pêche comparative, où la taille du cercle est proportionnelle au nombre de prises et où les prises nulles sont indiquées par x. (ii) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises du Teleost par rapport à la racine carrée du nombre de prises des NGCC Cartier et Cabot (orange pour les calées de 2022 et vert pour celles de 2023), où la ligne rouge et l'intervalle ombré indiquent la conversion estimée et l'intervalle de confiance à 95 % approximatif selon le meilleur modèle avec regroupement par longueur. (iii) Graphique des proportions empiriques de prises en paire effectuée par le Teleost en fonction de la longueur pour chaque paire de calées (points gris) et en moyenne pour les paires de calées dans chaque tranche de longueur (croix) et regroupés par paires de calées (cercles). (iv) Compositions des proportions de prises par le Teleost, où les longueurs ont été regroupées par intervalles de 10 cm (ou mm) et les stations ont été regroupées par strates. (v) Fréquences de longueur totale pour les prises effectuées par le Teleost (ligne bleue) et par les NGCC Cartier/Cabot (ligne rouge) en 2022. (vi) Identique à (v) mais pour 2023.

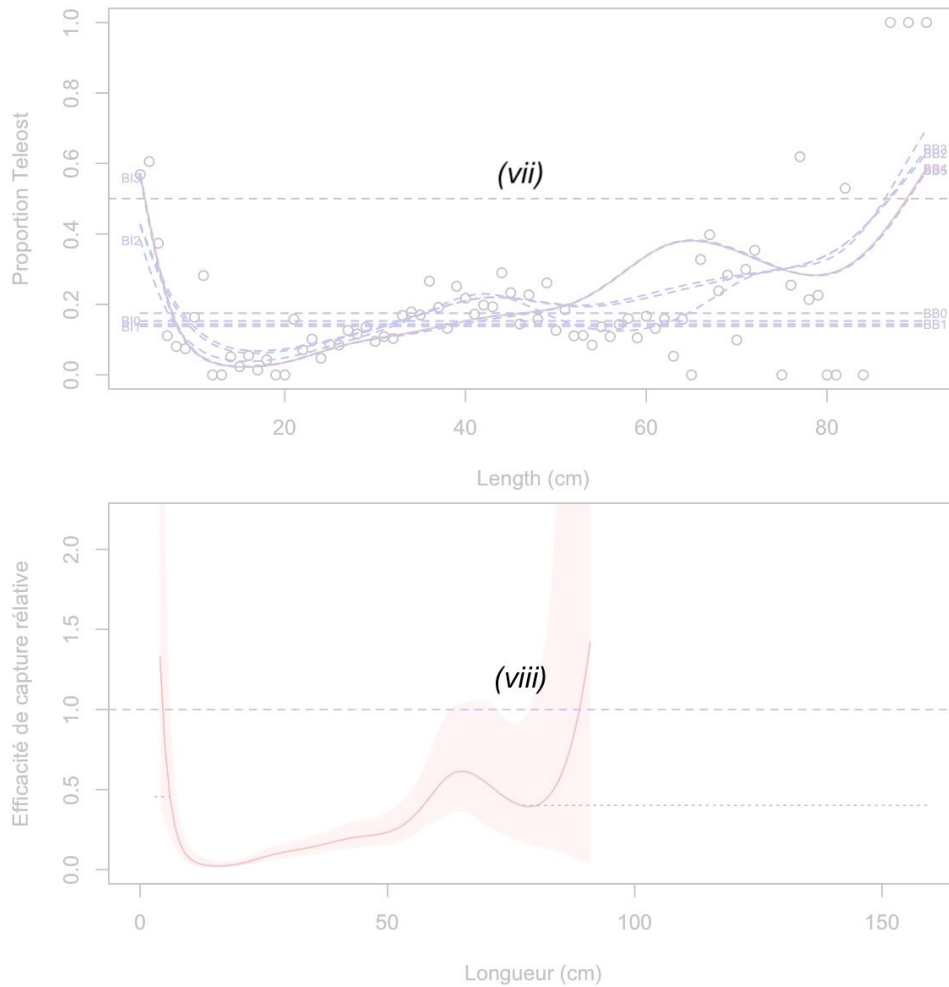


Figure 8. Interprétation du deuxième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. (vii) Estimation des fonctions de proportion des prises selon la longueur, $\text{logit}(p_{Ai}(l))$, pour chaque modèle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

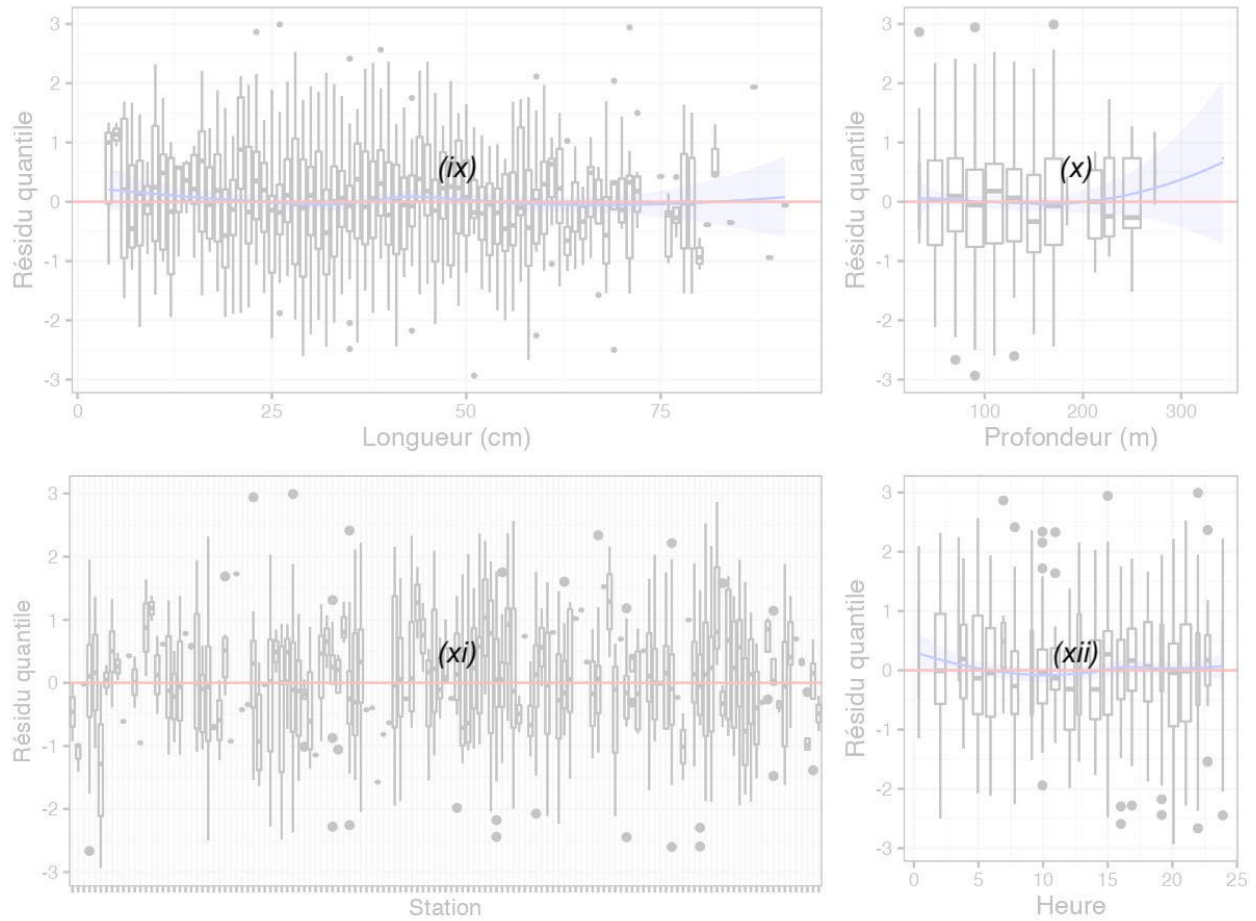


Figure 9. Interprétation du troisième des trois ensembles de figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses sans regroupement par longueur. Diagramme en boîte des quantiles des résidus normalisés en tant que fonction de : (ix) la longueur, (x) la classe de profondeur, (xi) la station, et (xii) l'heure.

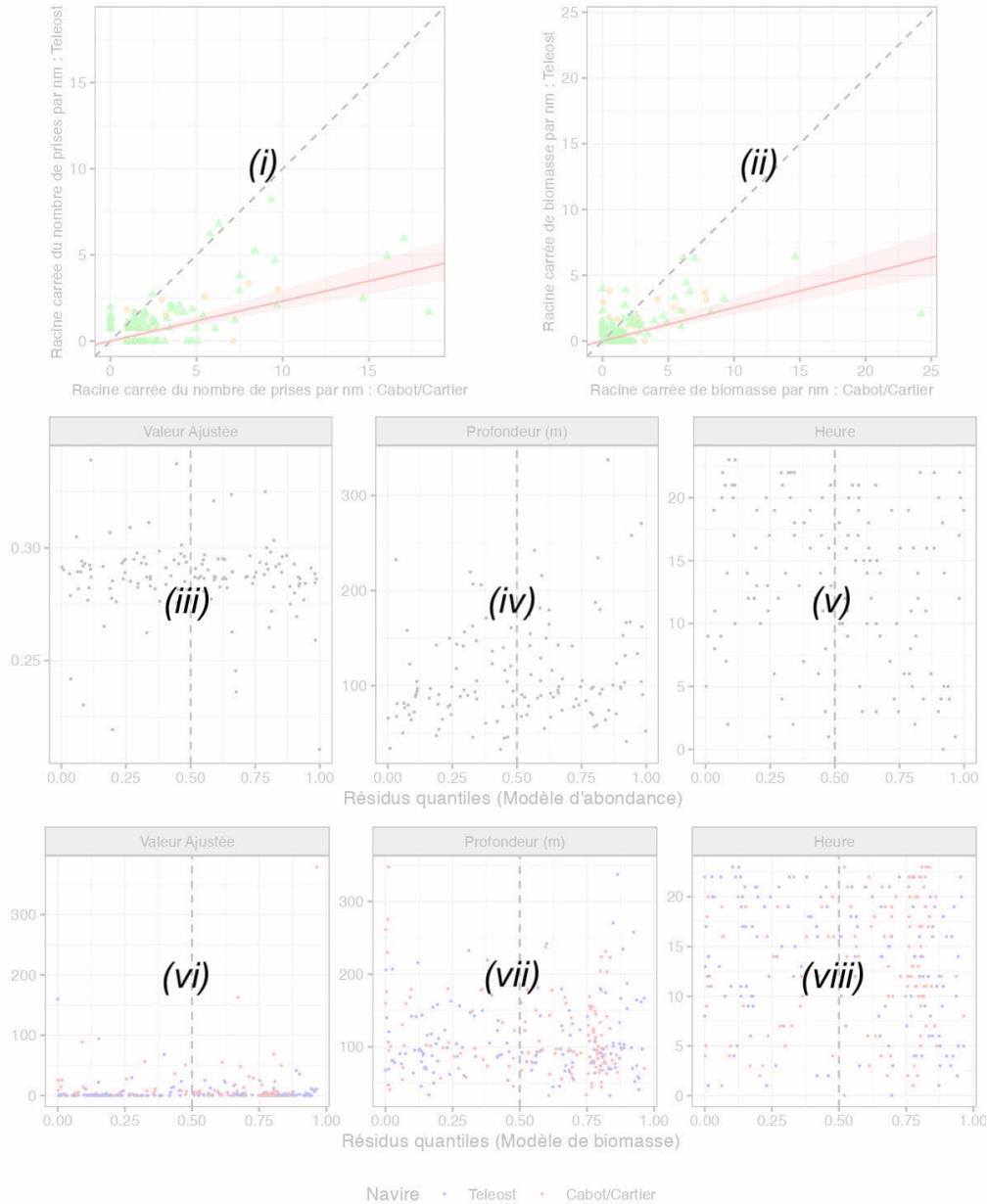


Figure 10. Interprétation des figures présentant les données et les résultats pour les taxons ayant fait l'objet d'analyses avec regroupement par taille. (i) Diagramme de double projection de la racine carrée du nombre de prises par les Navires de la Garde Côtière Canadienne (NGCC) Jacques Cartier et Cabot 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'intervalle de confiance à 95 % approximatif du meilleur modèle avec regroupement par taille, et les paires réalisées en 2022 et 2023 sont représentées par des couleurs différentes (orange pour 2022 et vert pour 2023). (ii) Comme en (i), sauf pour les poids des prises. Les quantiles des résidus de l'analyse des nombres de prises sont représentés en tant que fonction (iii) des valeurs ajustées, (v) de l'heure et (vii) de la profondeur de la calée jumelée (i). De même, les quantiles des résidus provenant de l'analyse des poids des prises représentés en tant que fonction (iv) des valeurs ajustées, avec les valeurs pour le Teleost indiquées avec des cercles bleus et celles pour le Cartier et le Cabot en rouge, et (vi) du temps et (viii) de la profondeur de la calée jumelée. Il convient de faire remarquer que pour les taxons qui ne sont pas mesurés et qui dépendent de la conversion du modèle, seuls les graphiques (ii), (iv), (vi) et (viii) sont présentés.

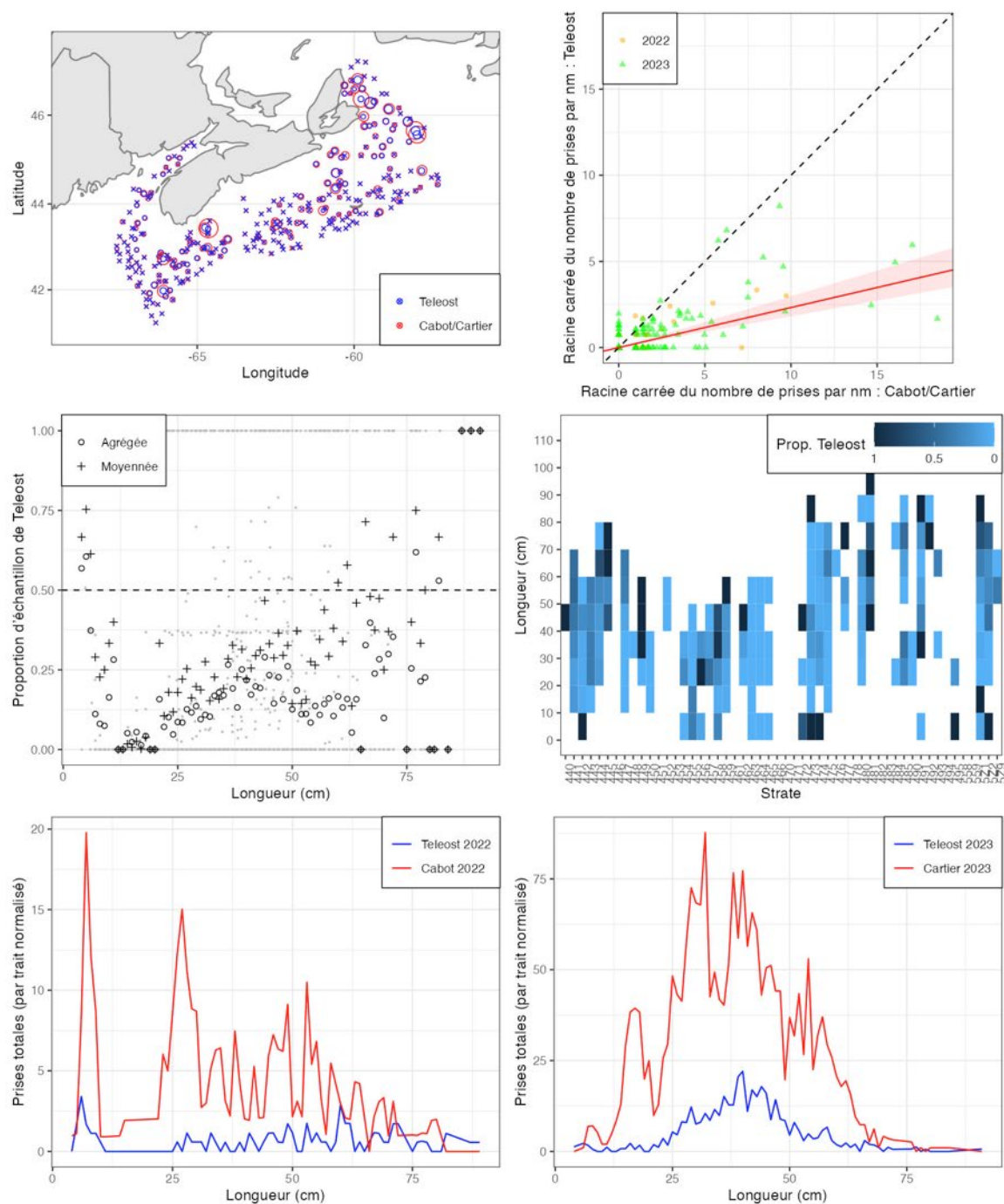


Figure 11a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Gadus morhua* (10).

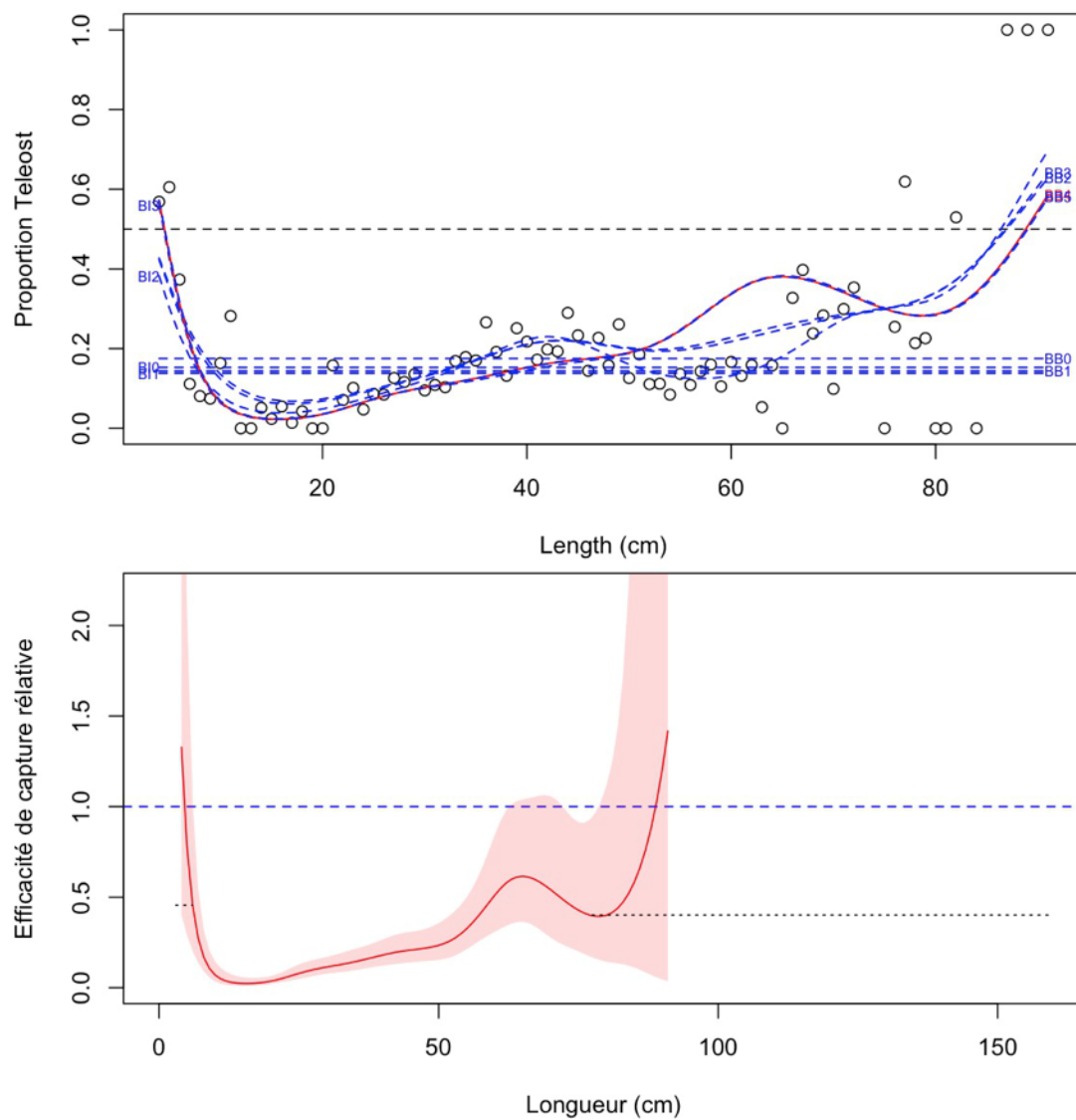


Figure 11b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Gadus morhua* (10).

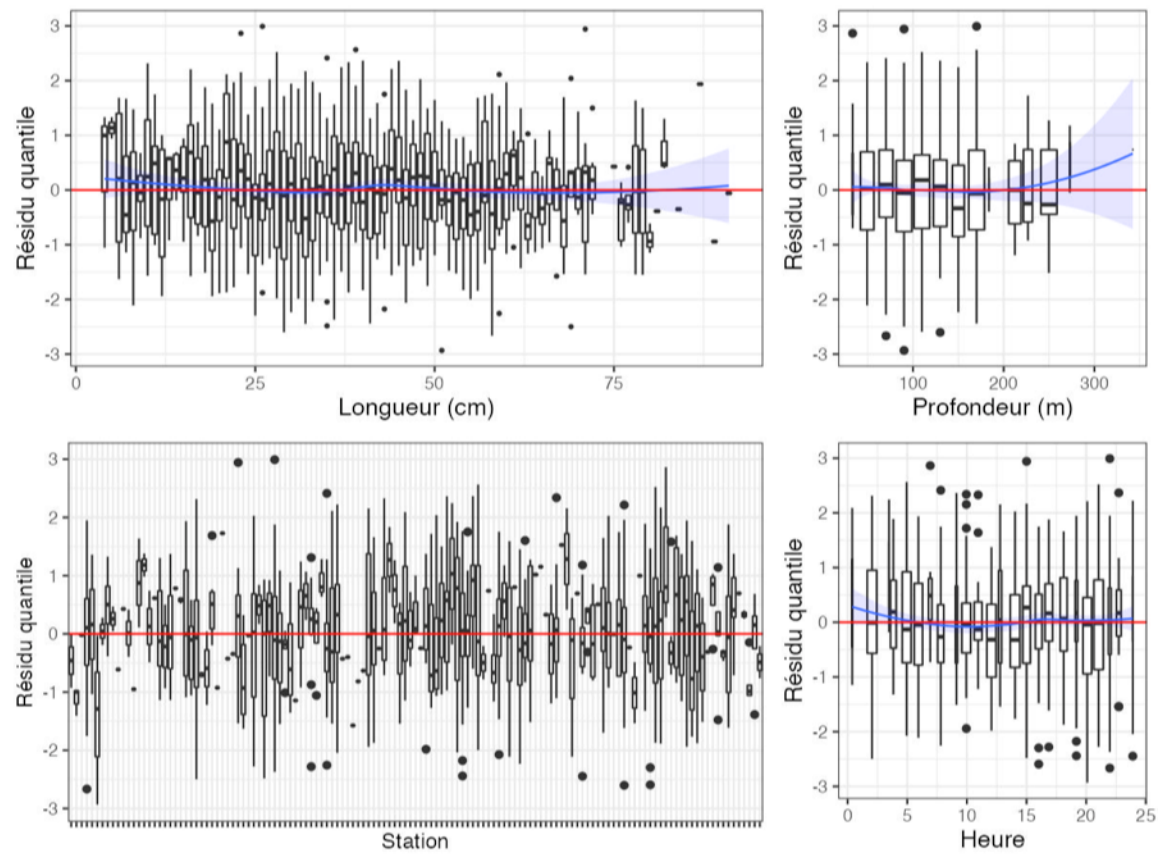


Figure 11c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Gadus morhua* (10).

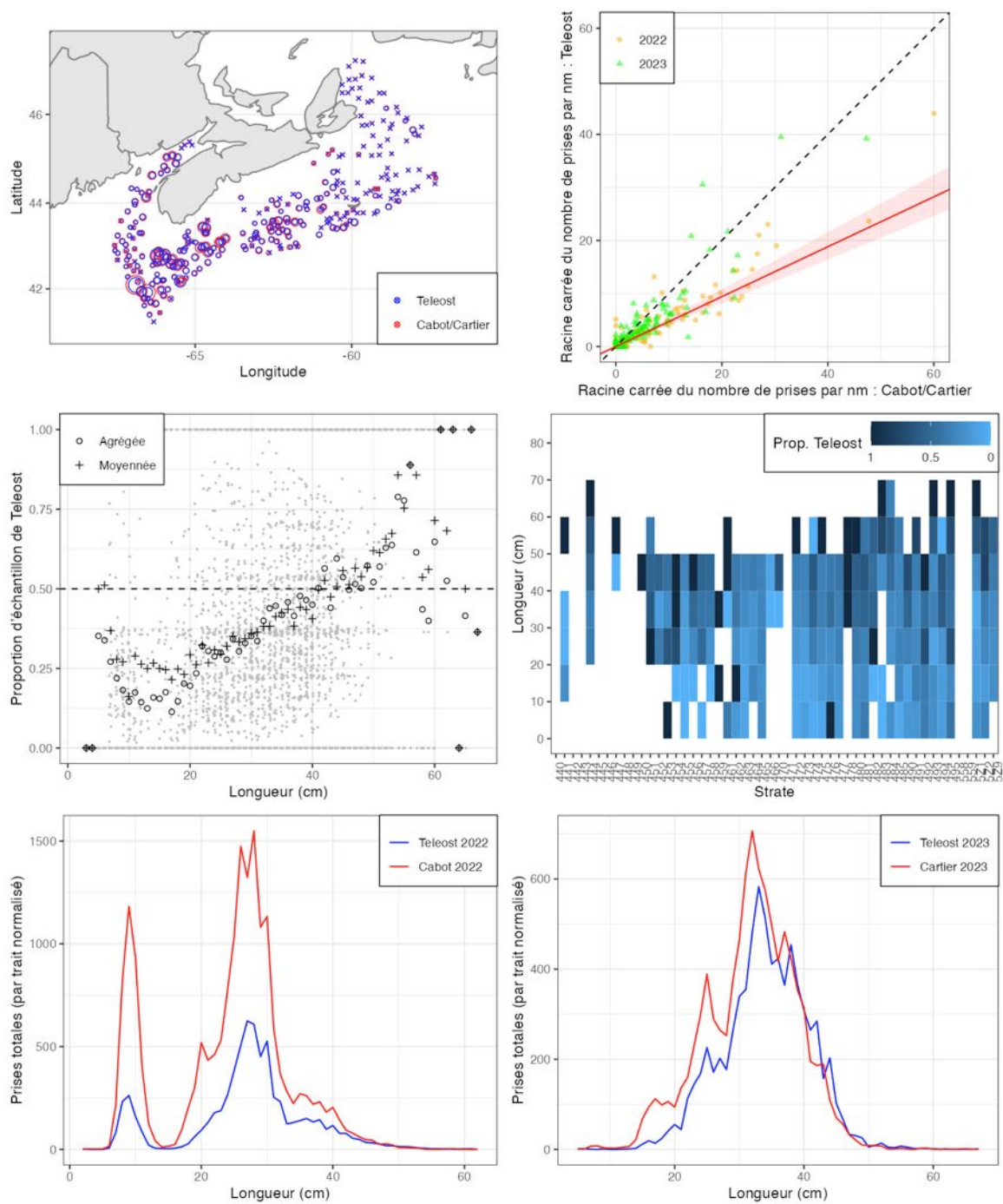


Figure 12a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

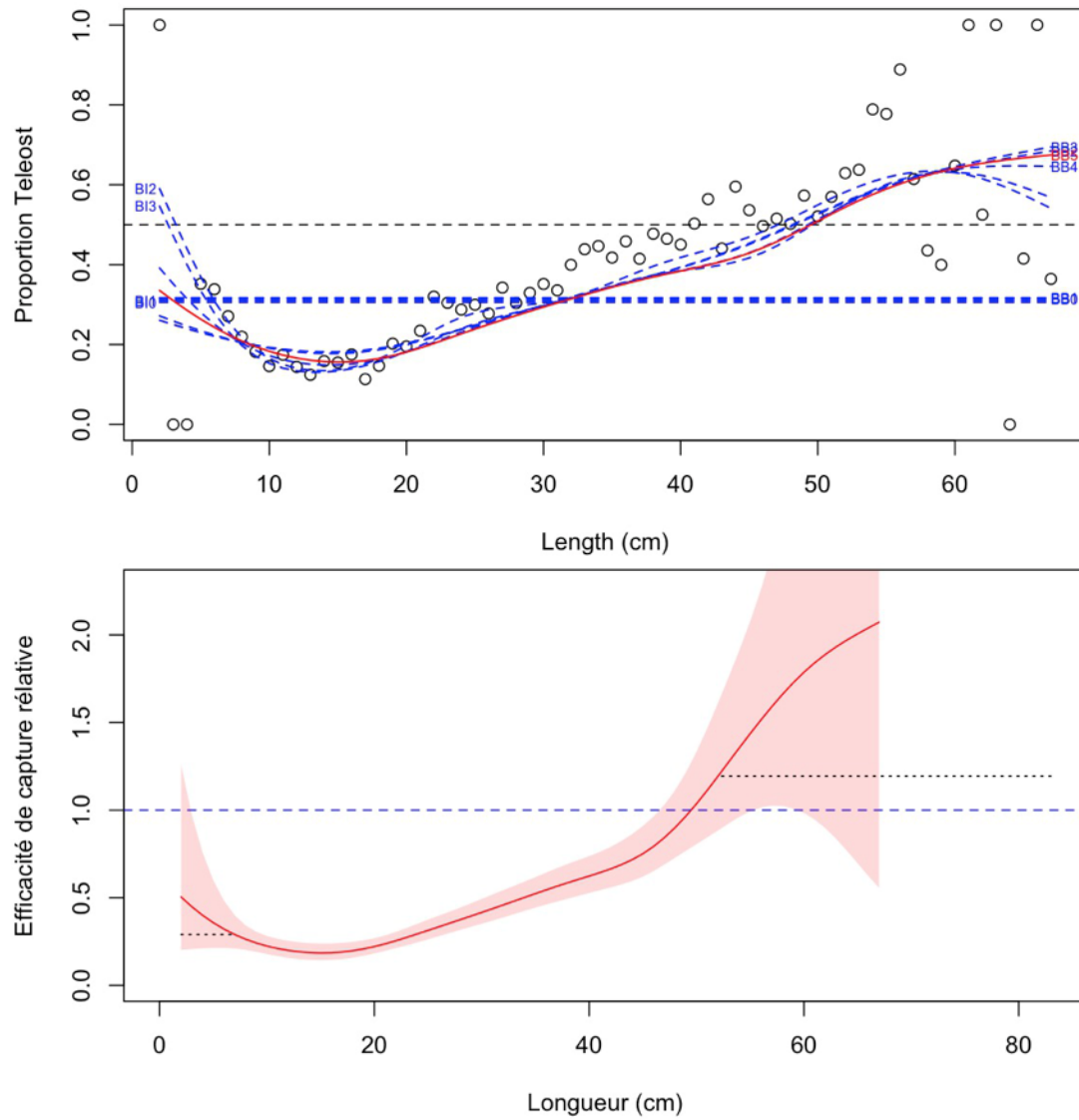


Figure 12b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

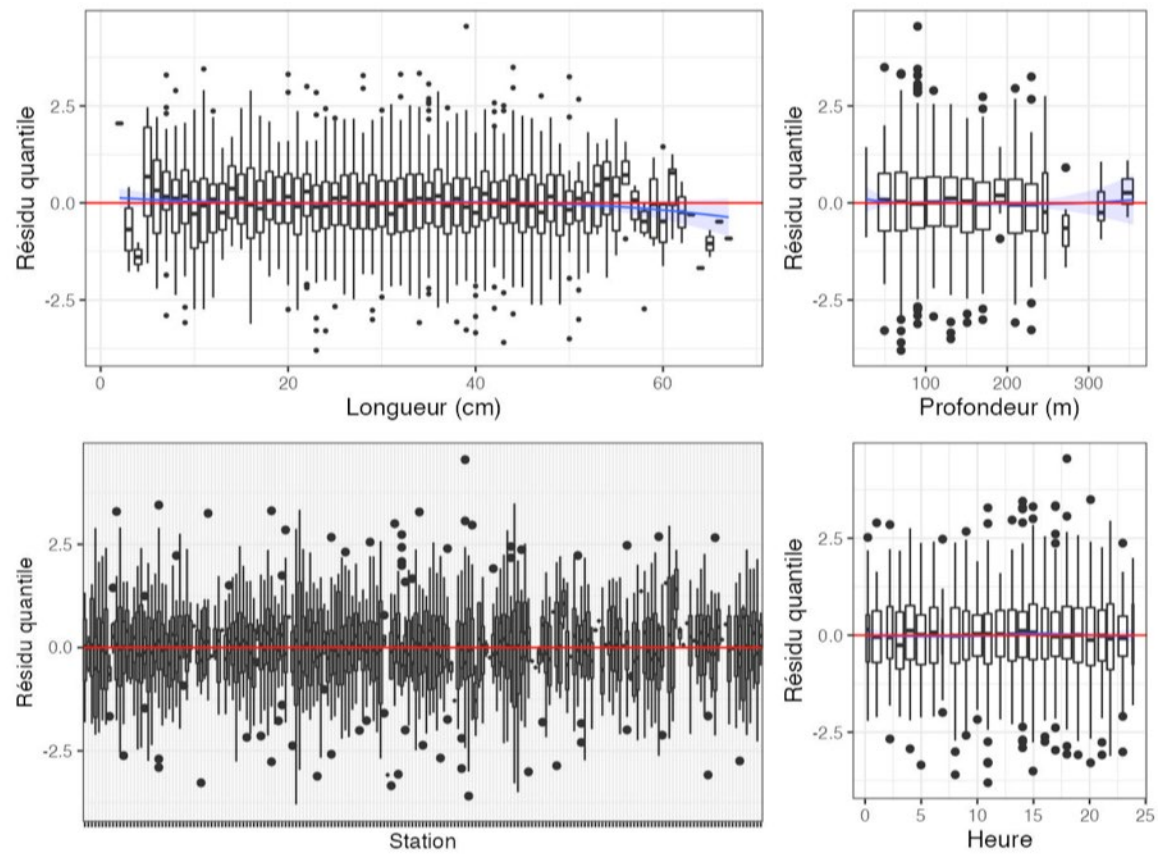


Figure 12c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Melanogrammus aeglefinus* (11).

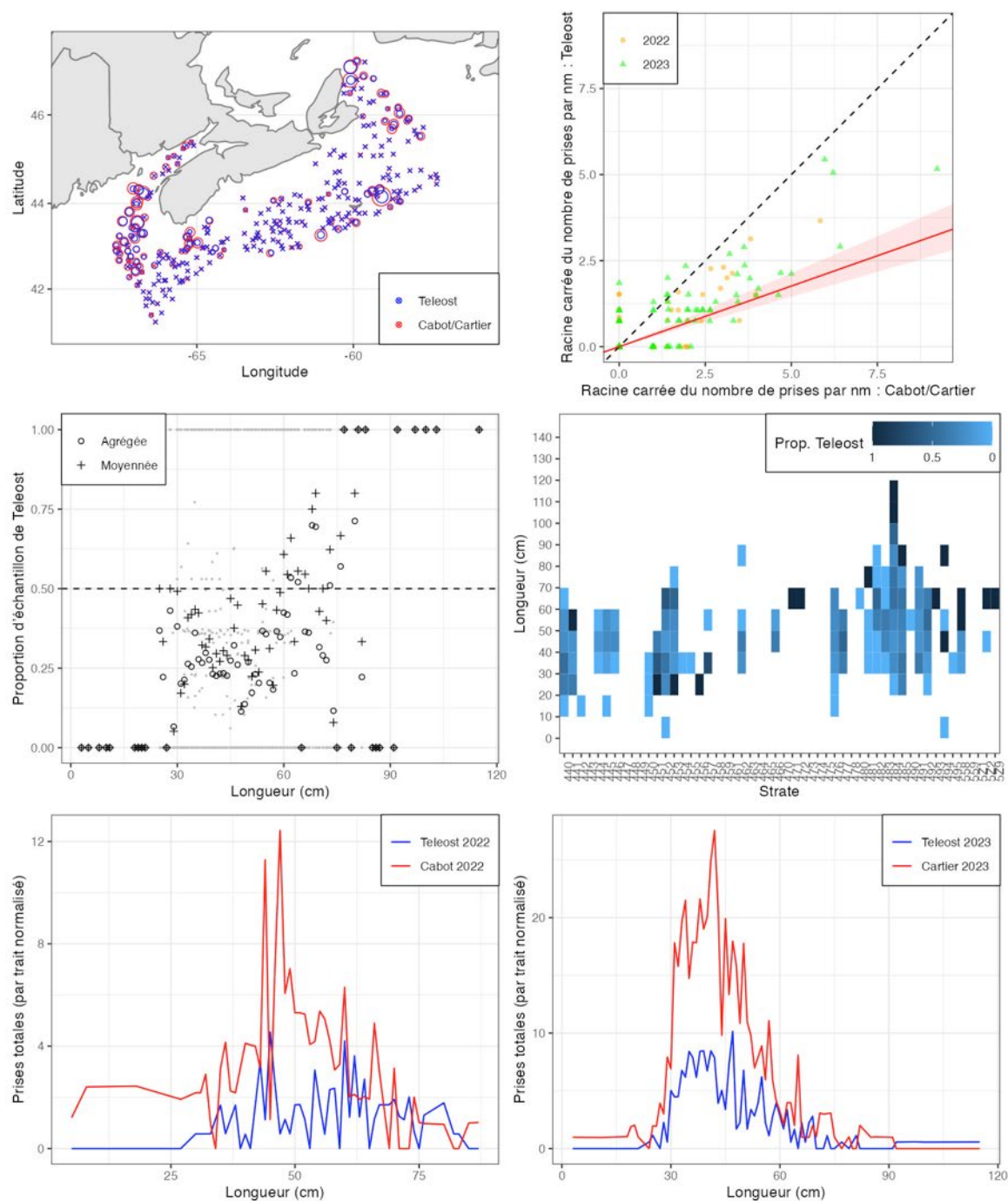


Figure 13a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis tenuis* (12).

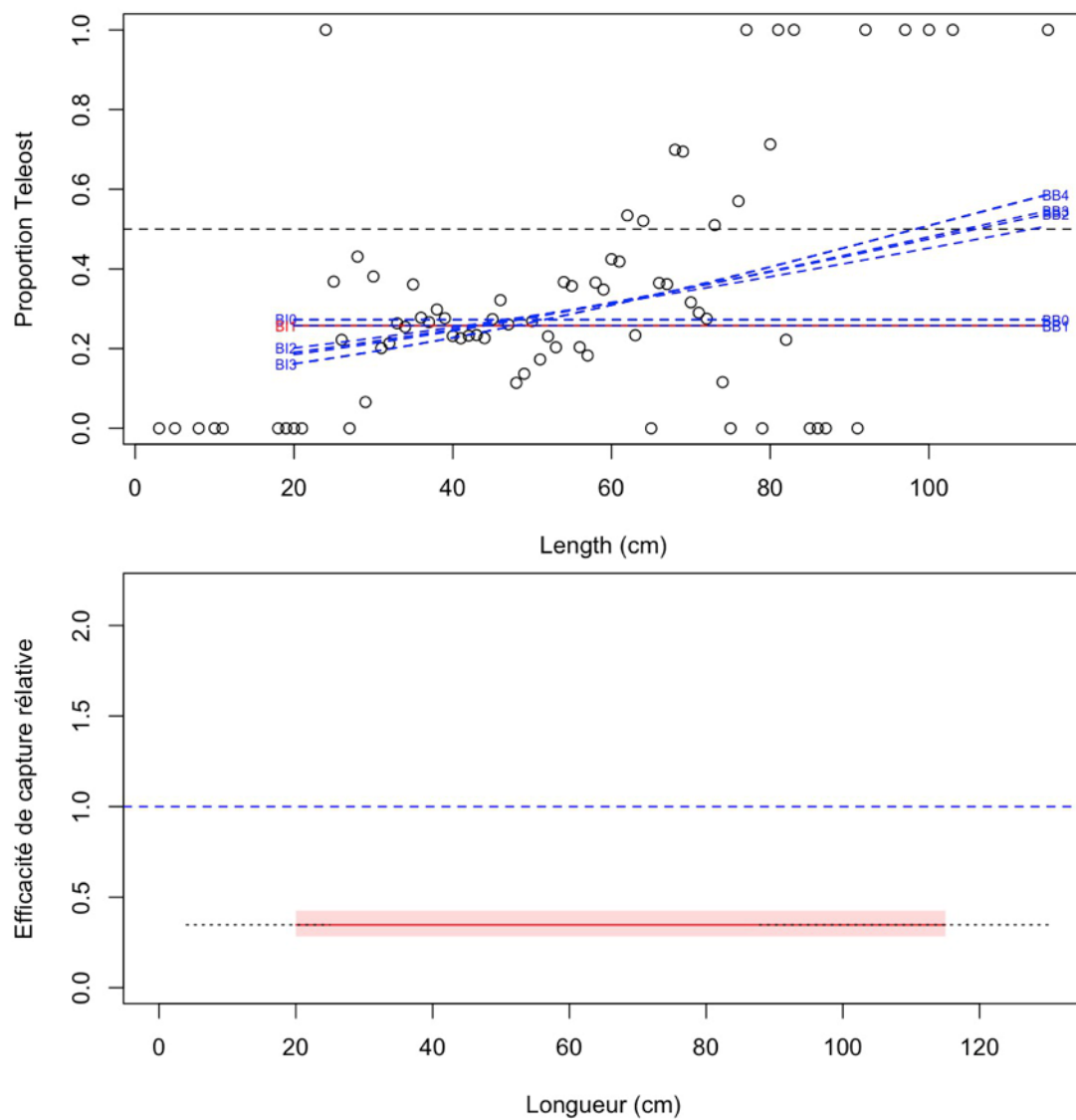


Figure 13b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis tenuis* (12).

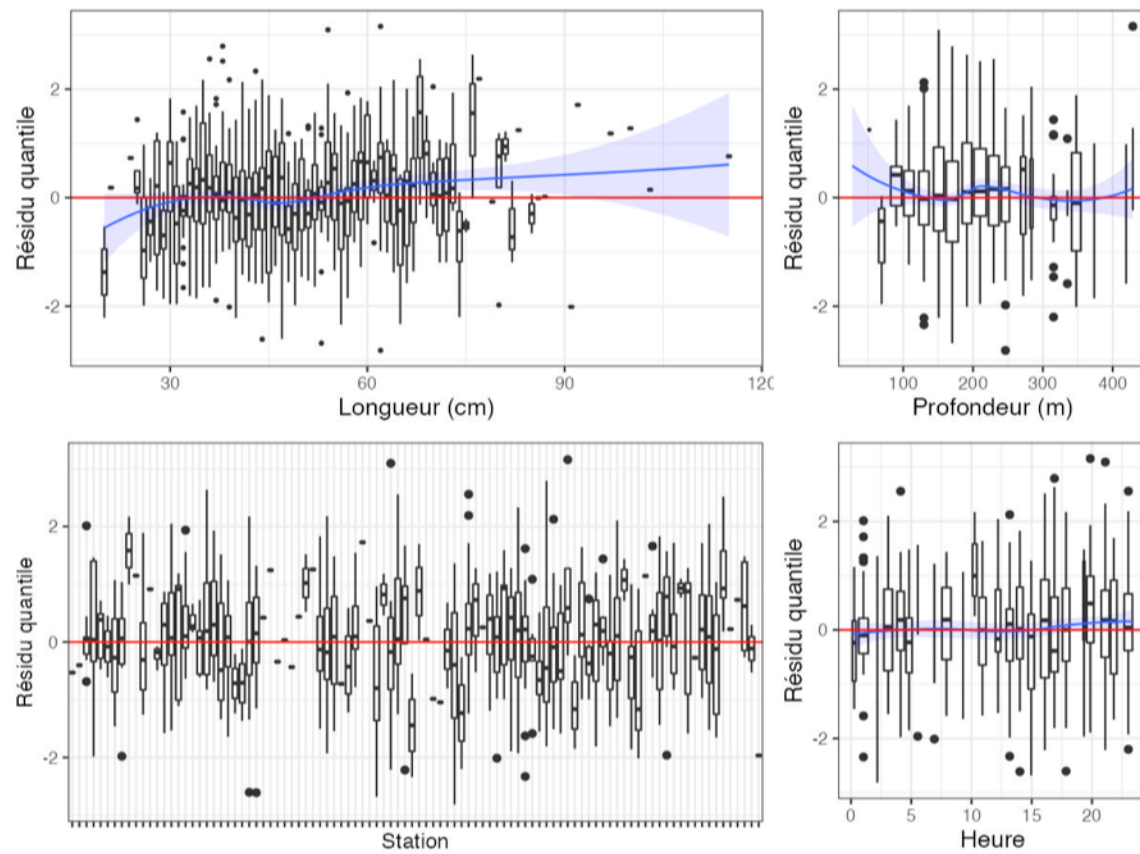


Figure 13c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis tenuis* (12).

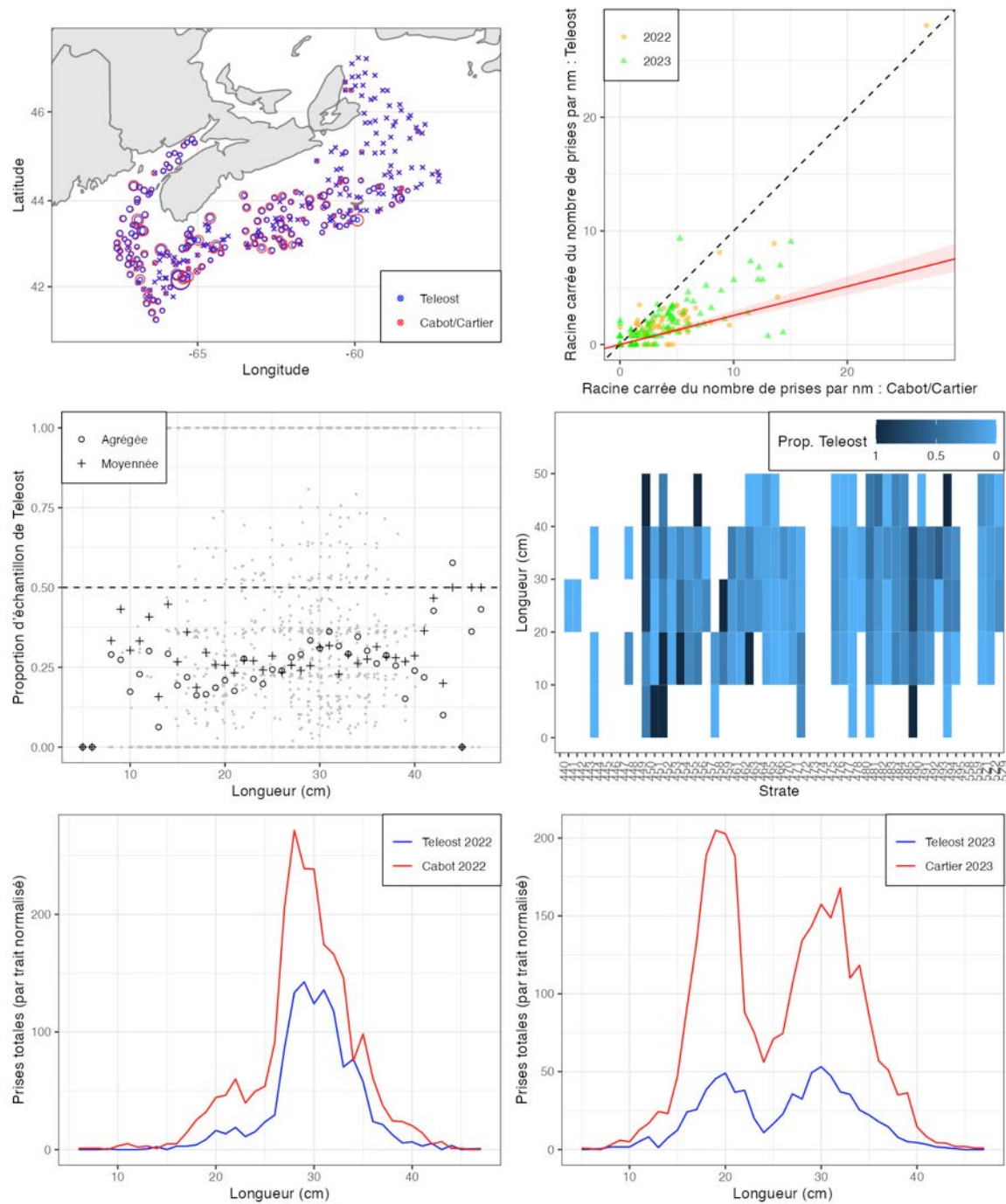


Figure 14a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis chuss* (13).

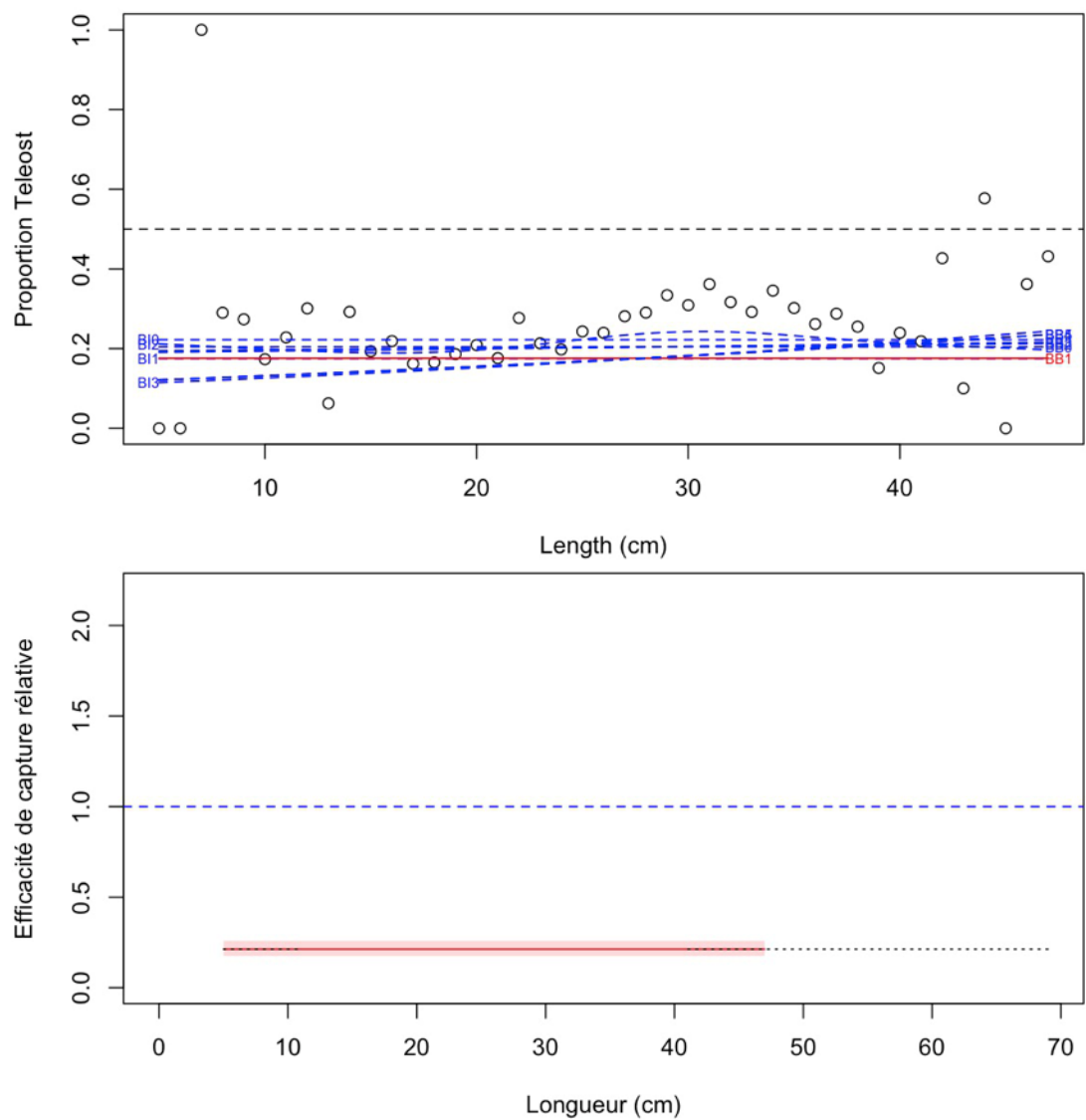


Figure 14b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis chuss* (13).

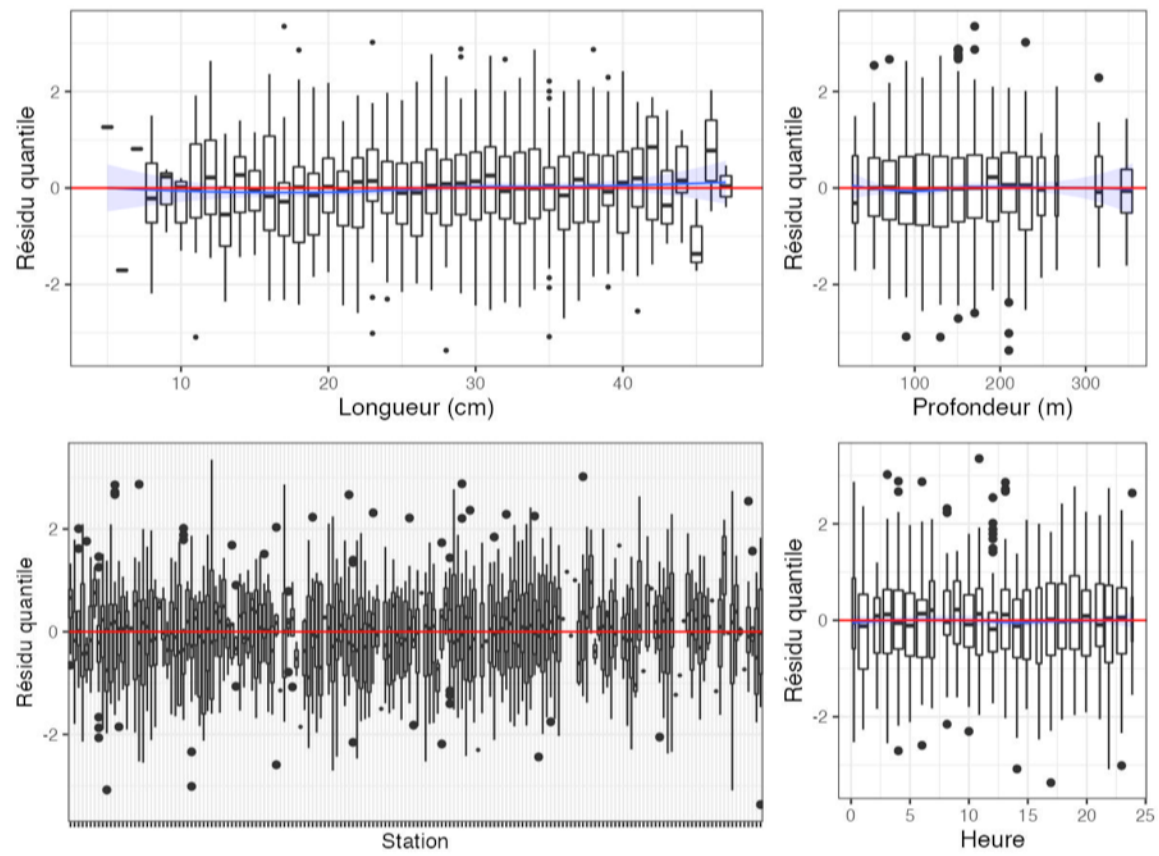


Figure 14c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis chuss* (13).

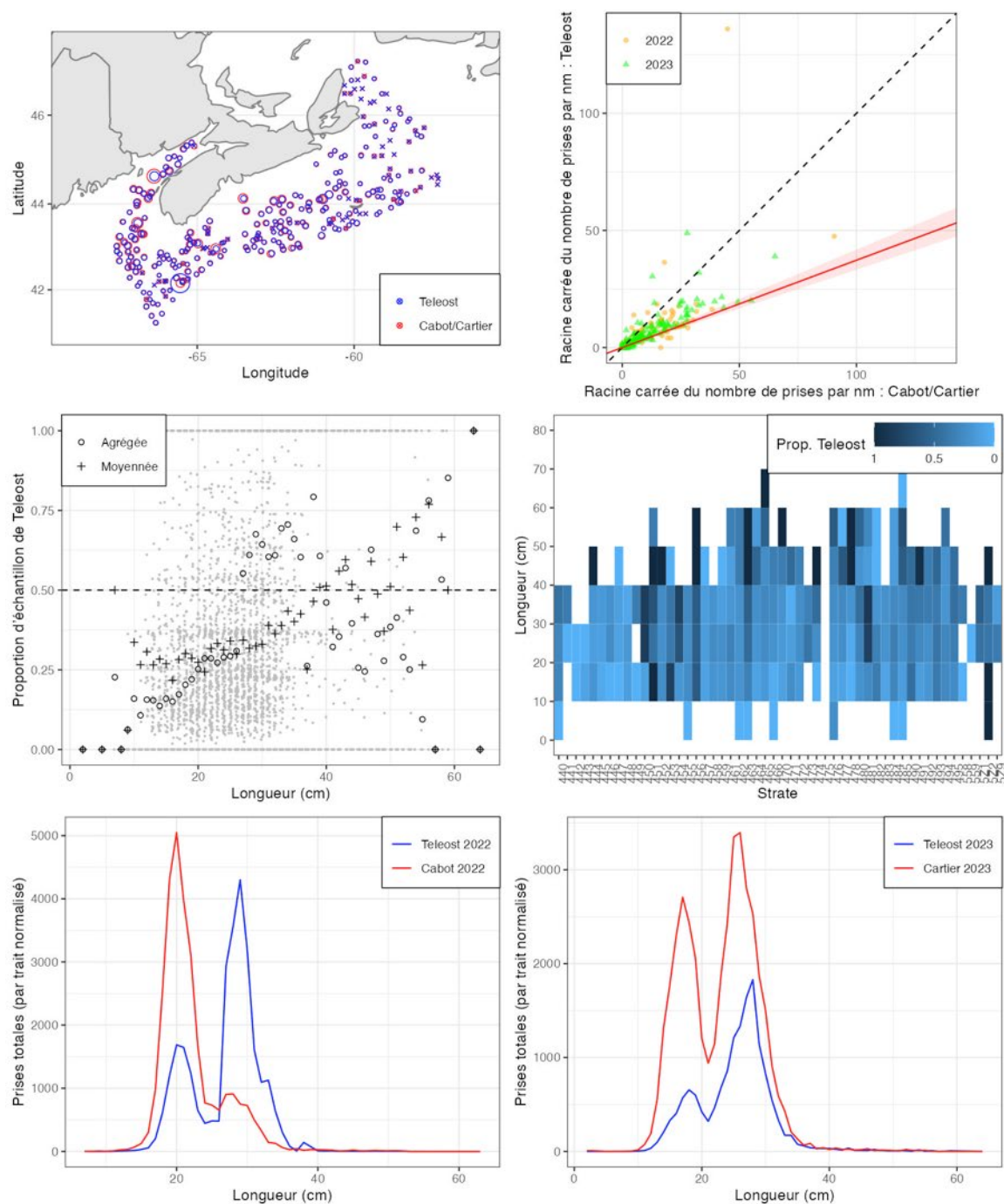


Figure 15a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Merluccius bilinearis* (14).

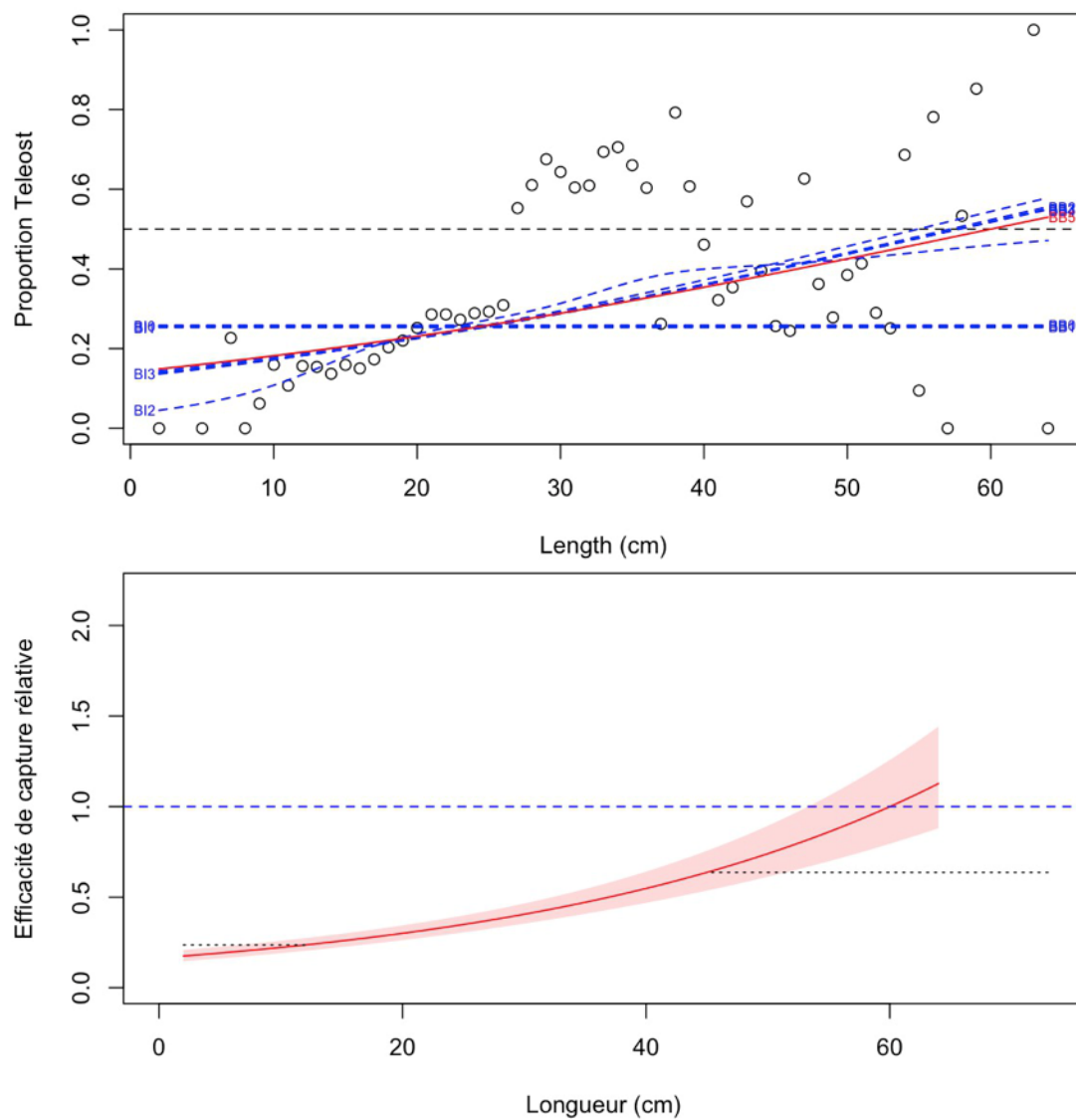


Figure 15b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Merluccius bilinearis* (14).

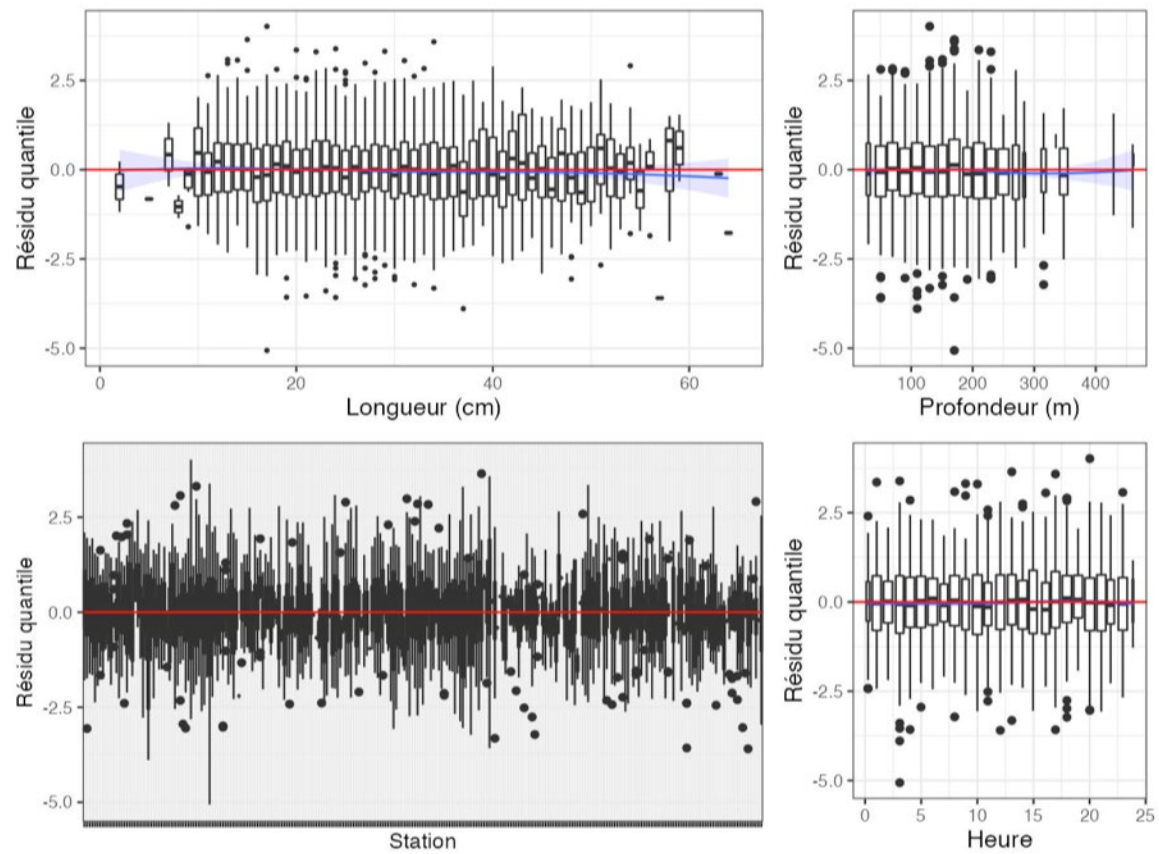


Figure 15c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Merluccius bilinearis* (14).

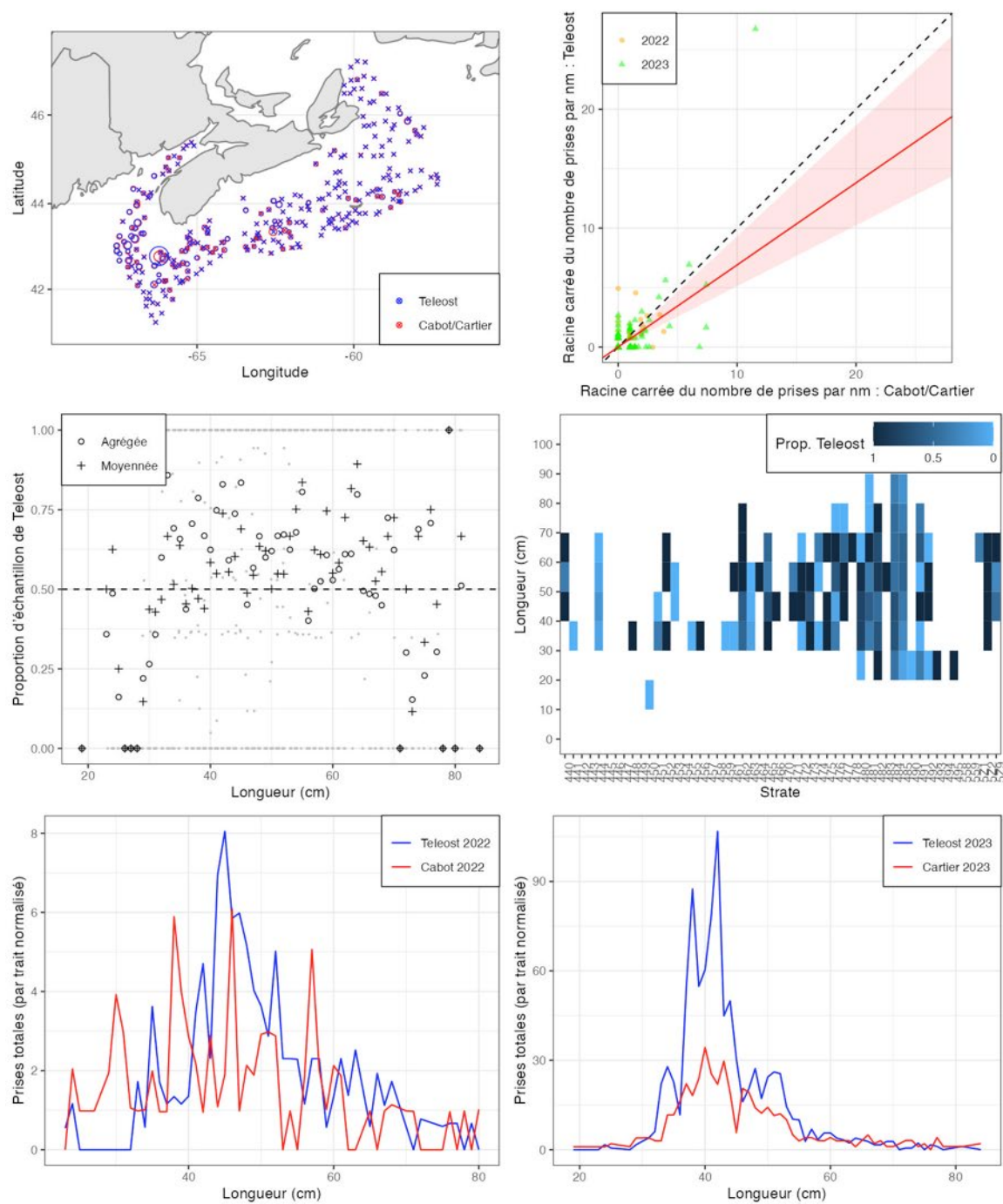


Figure 16a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pollachius virens* (16).

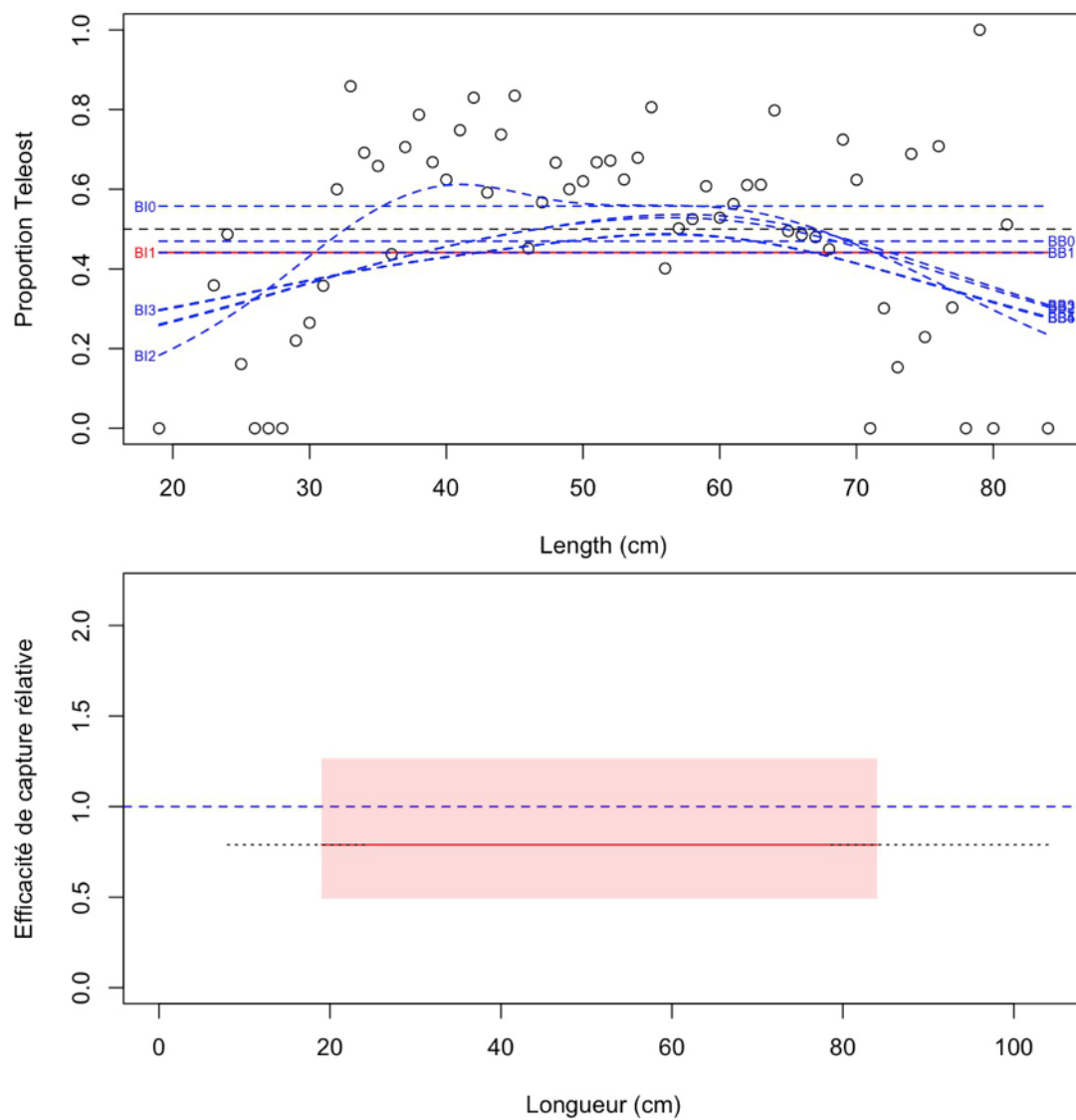


Figure 16b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Pollachius virens* (16).

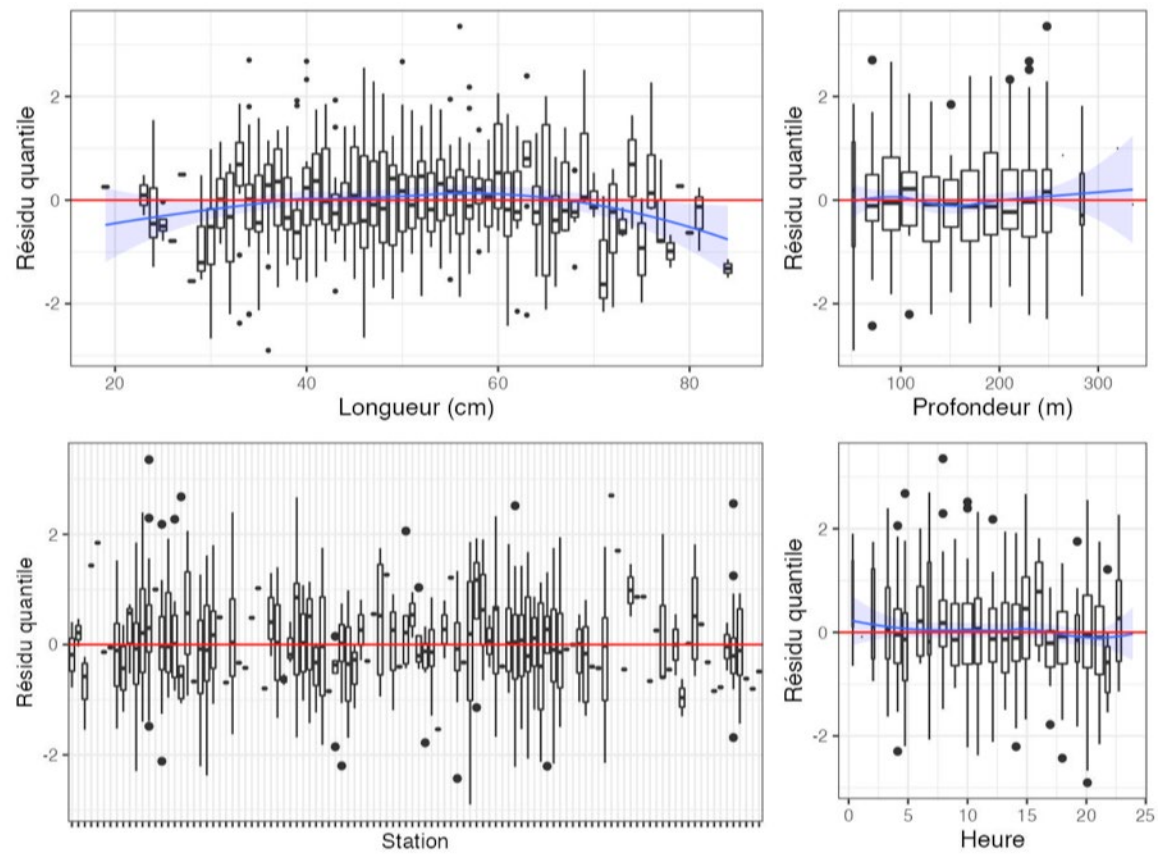


Figure 16c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Pollachius virens* (16).

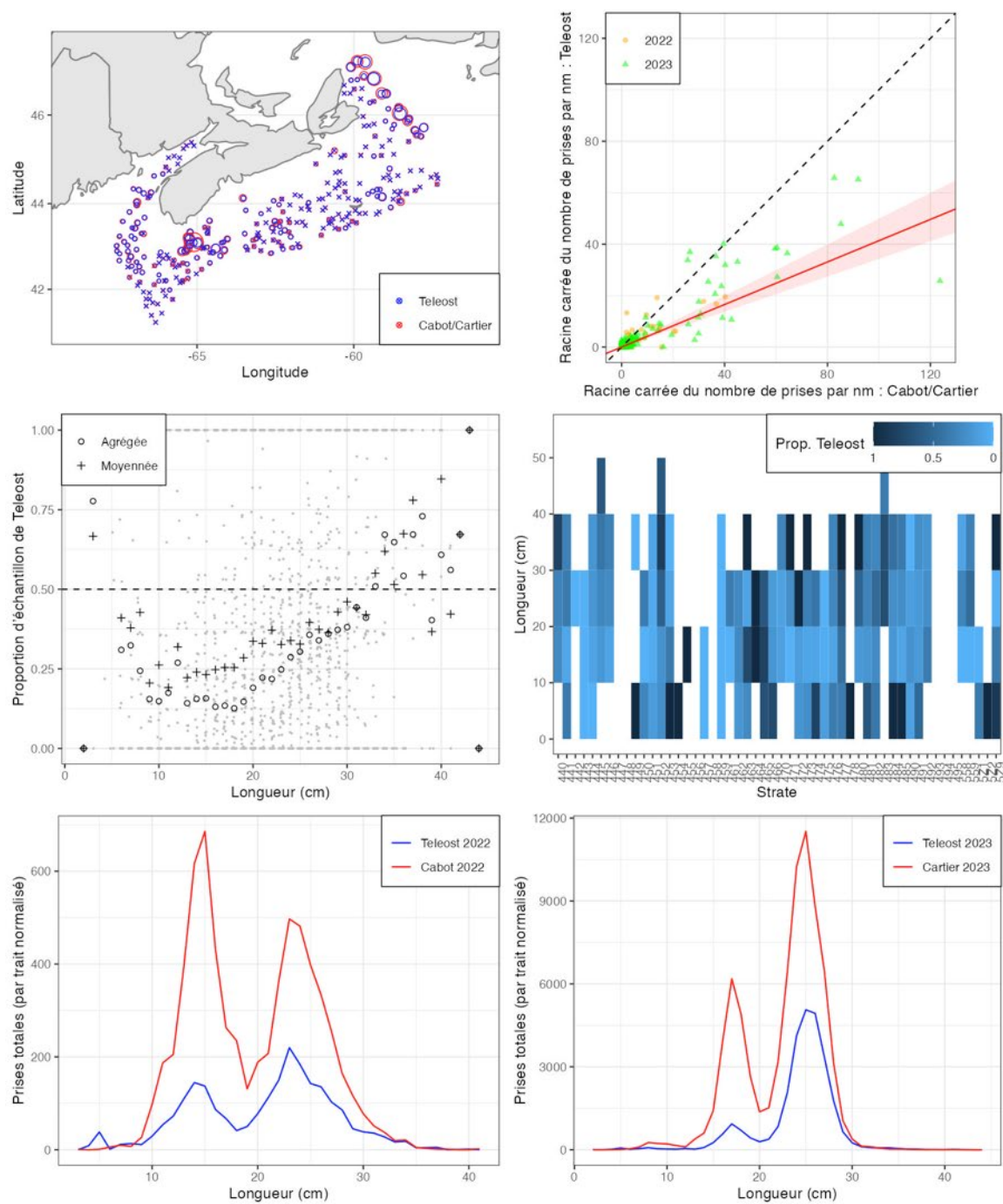


Figure 17a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Sebastes* sp. (23).

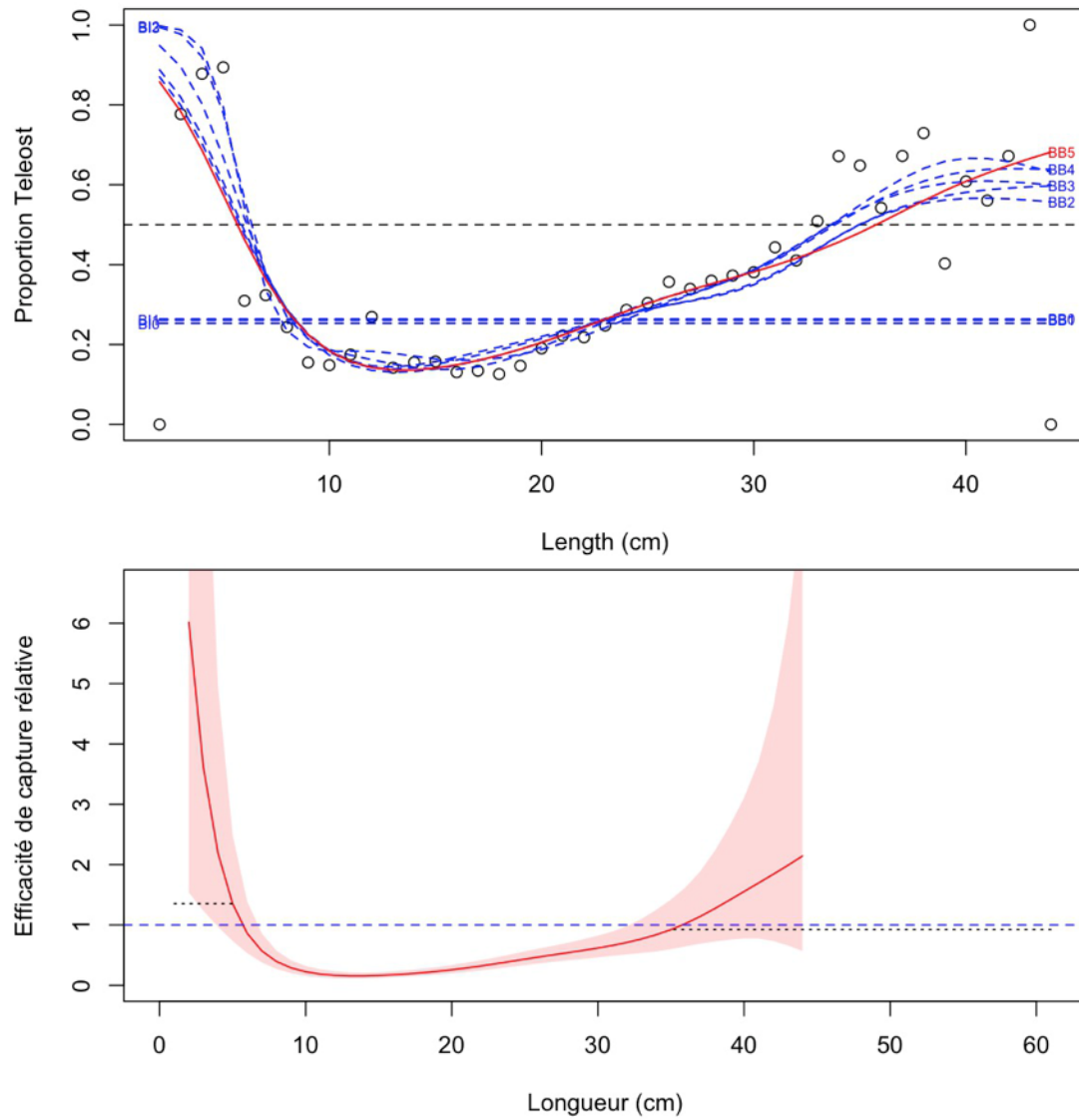


Figure 17b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Sebastes sp.* (23).

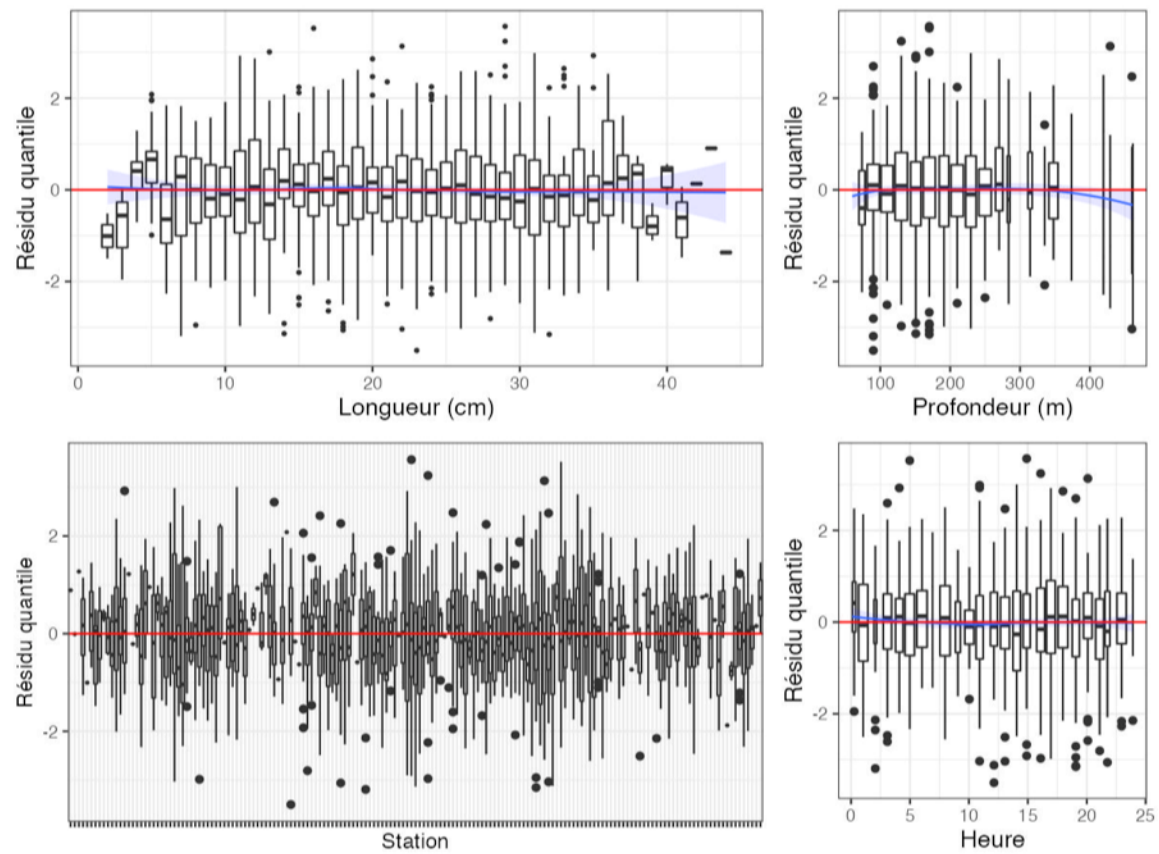


Figure 17c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Sebastes sp.* (23).

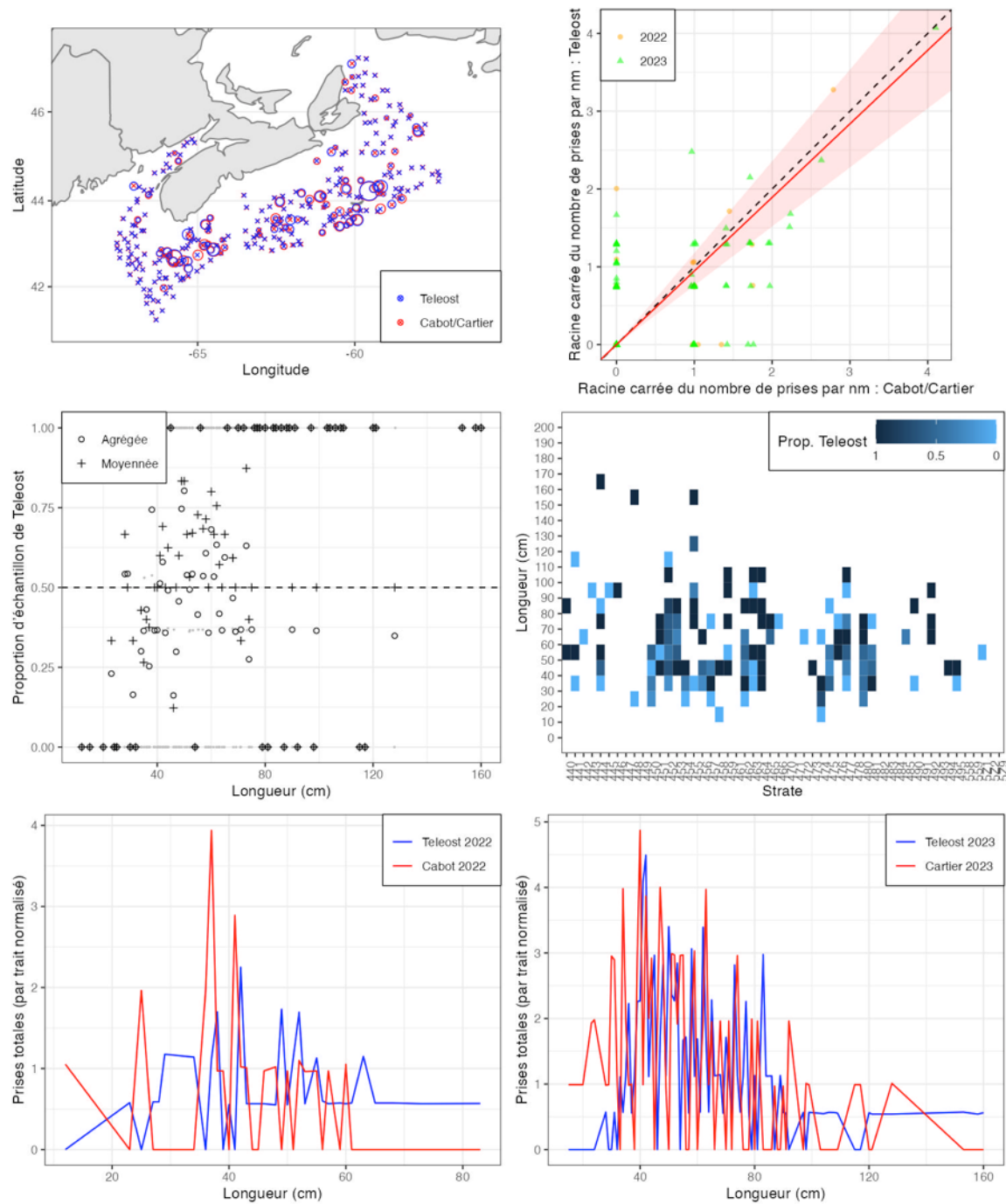


Figure 18a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

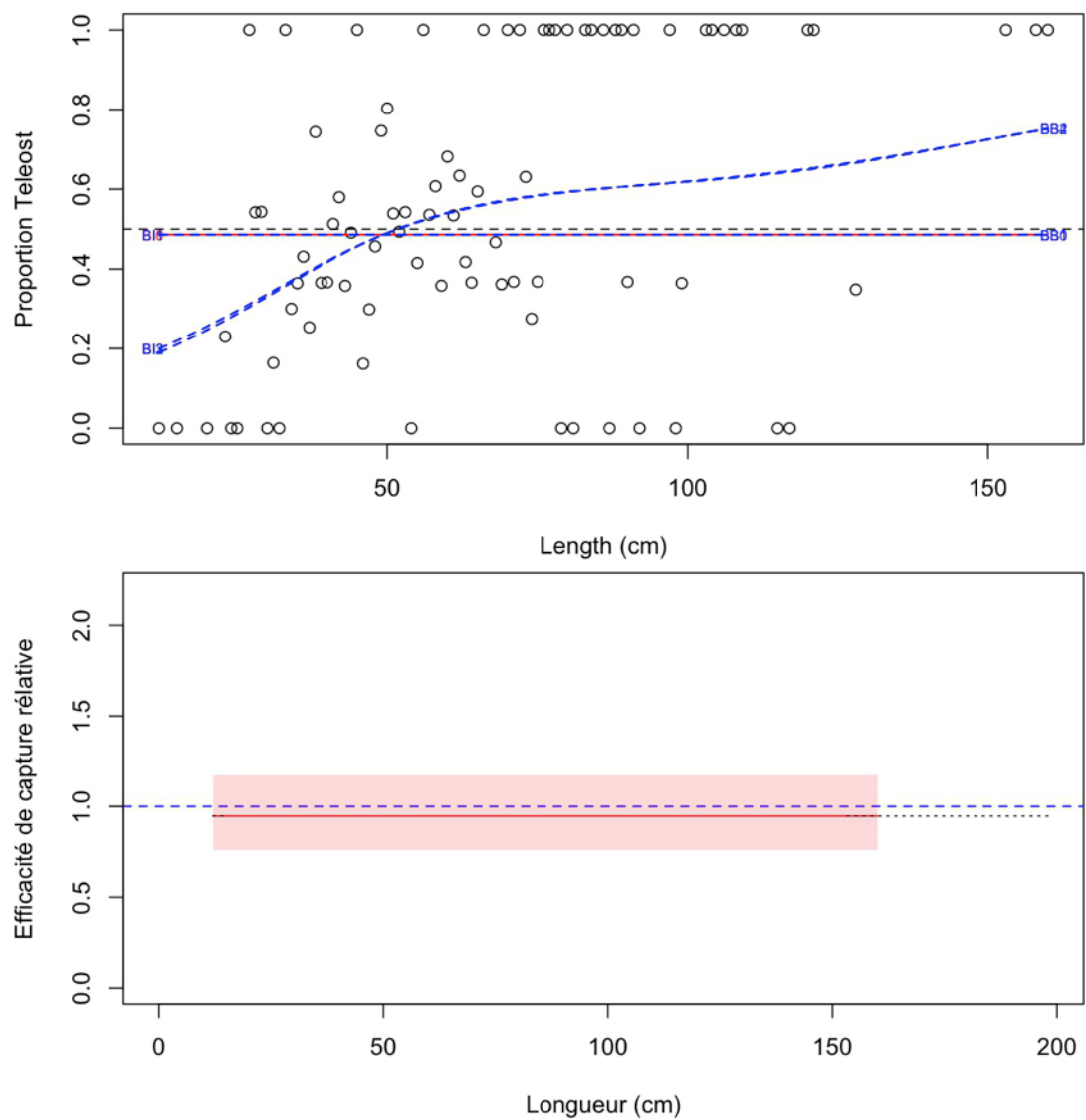


Figure 18b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

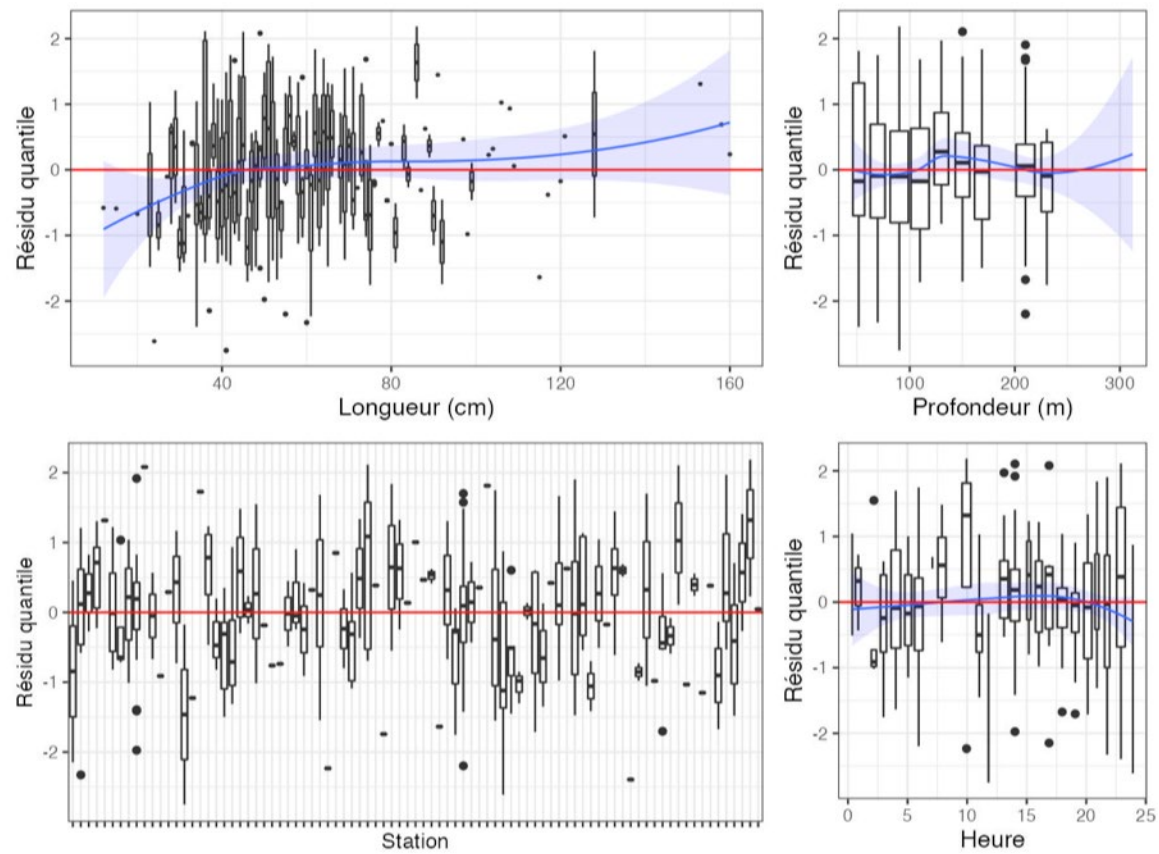


Figure 18c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossus hippoglossus* (30).

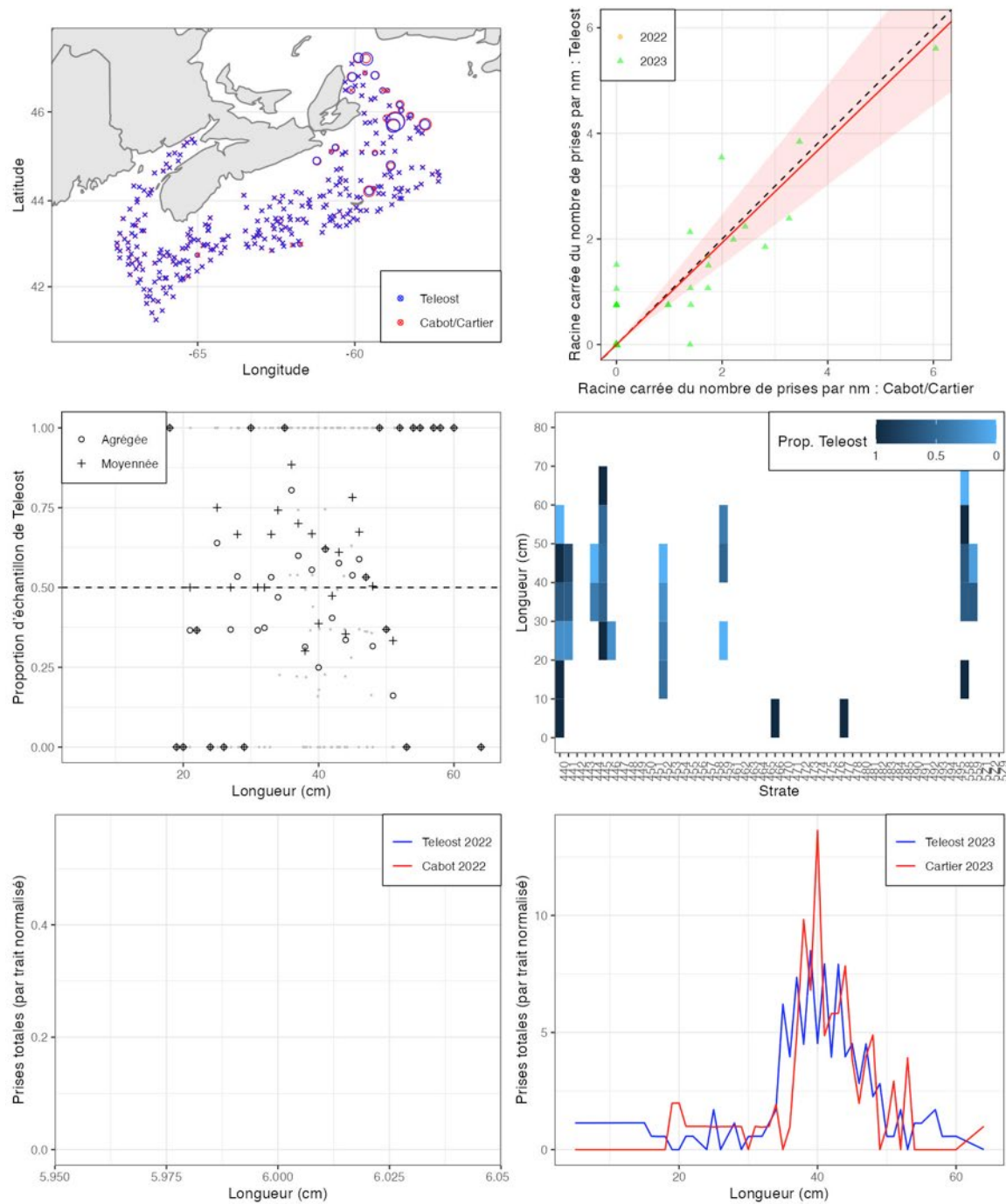


Figure 19a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).

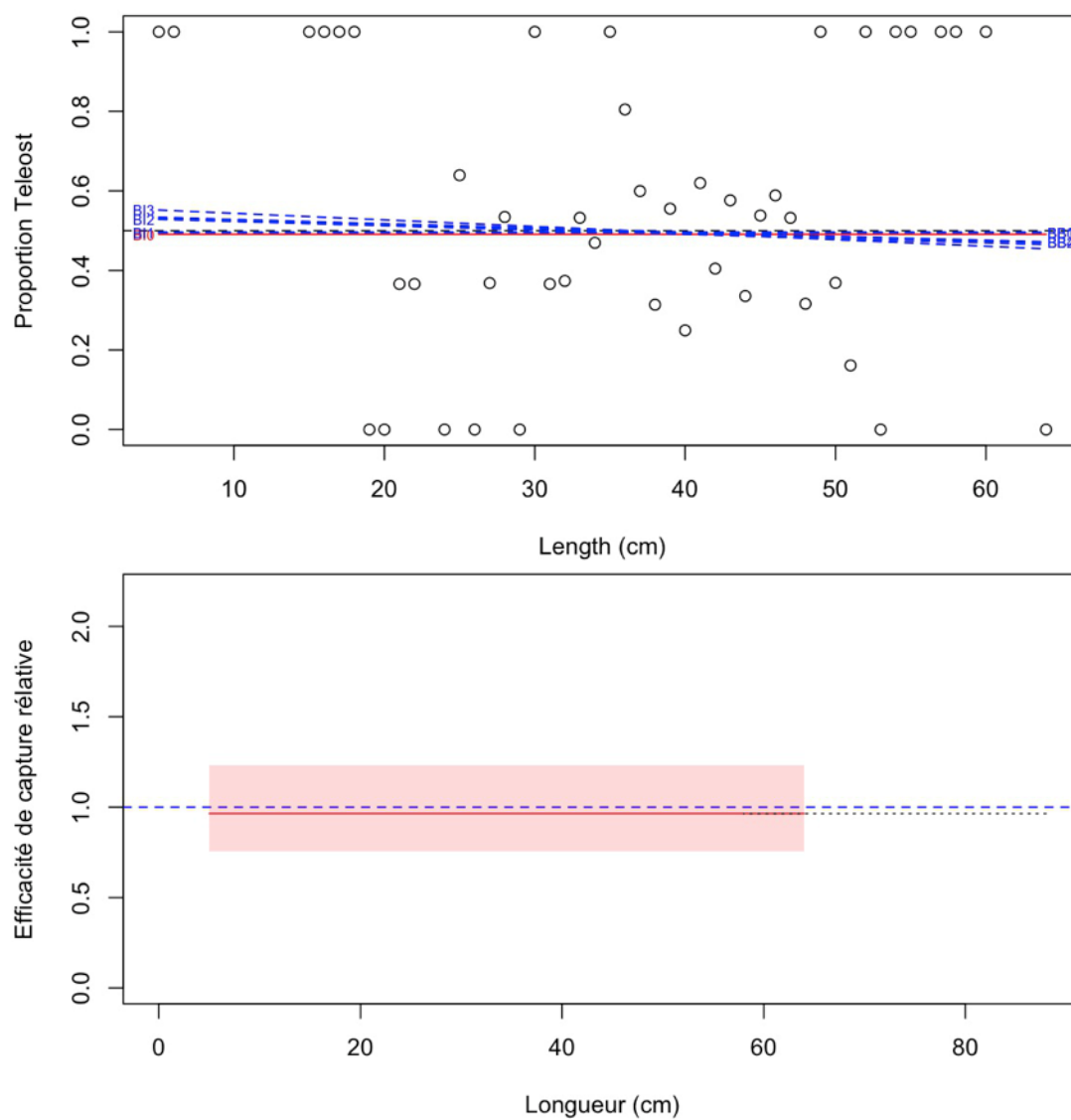


Figure 19b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).

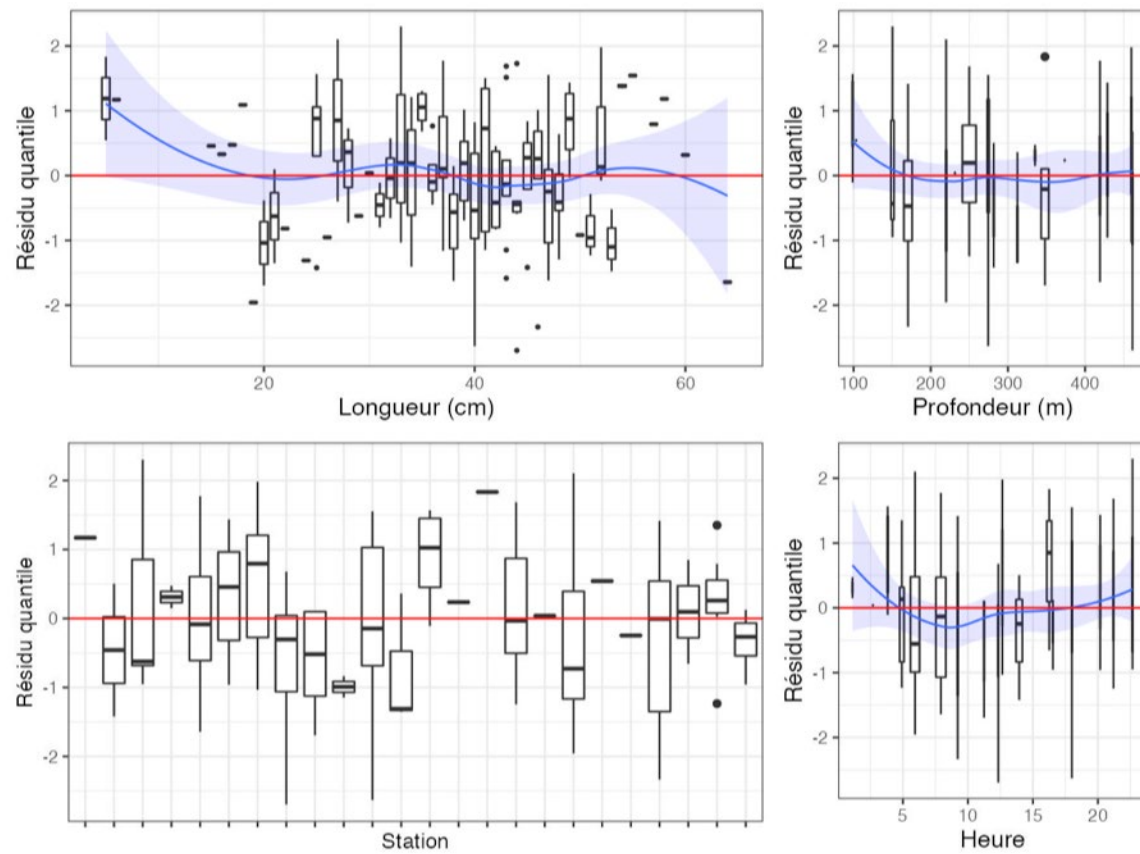


Figure 19c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Reinhardtius hippoglossoides* (31).

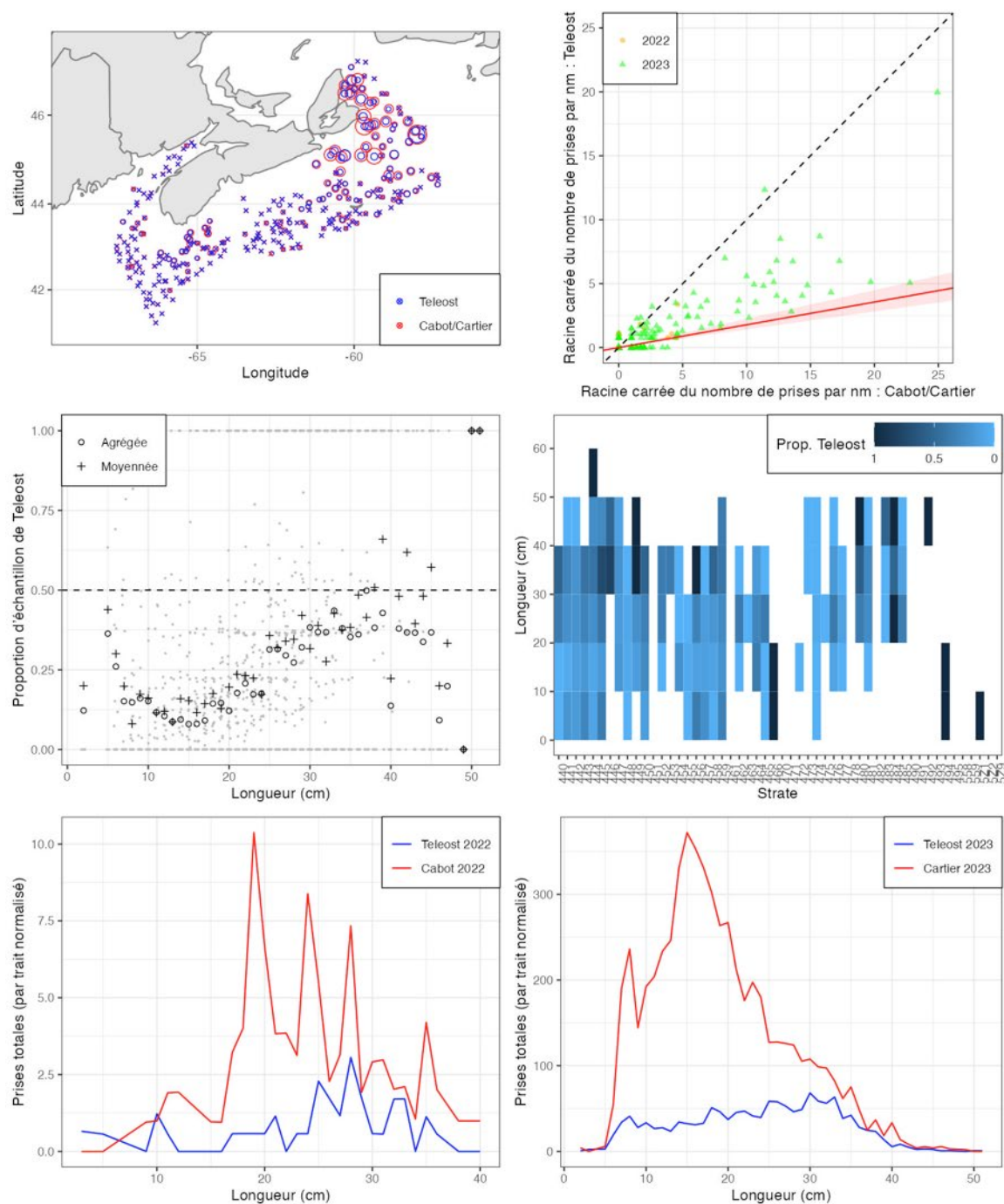


Figure 20a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

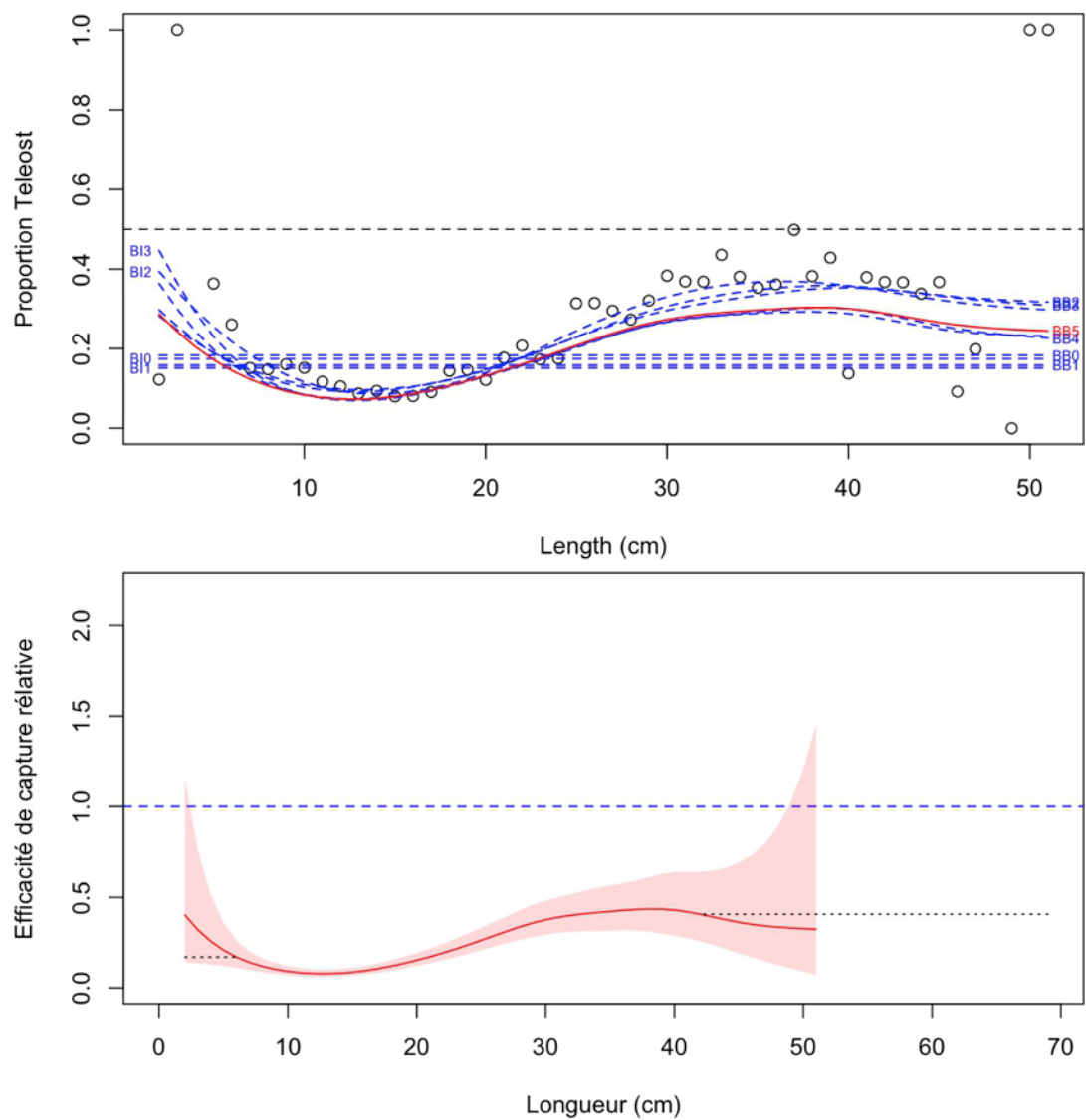


Figure 20b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

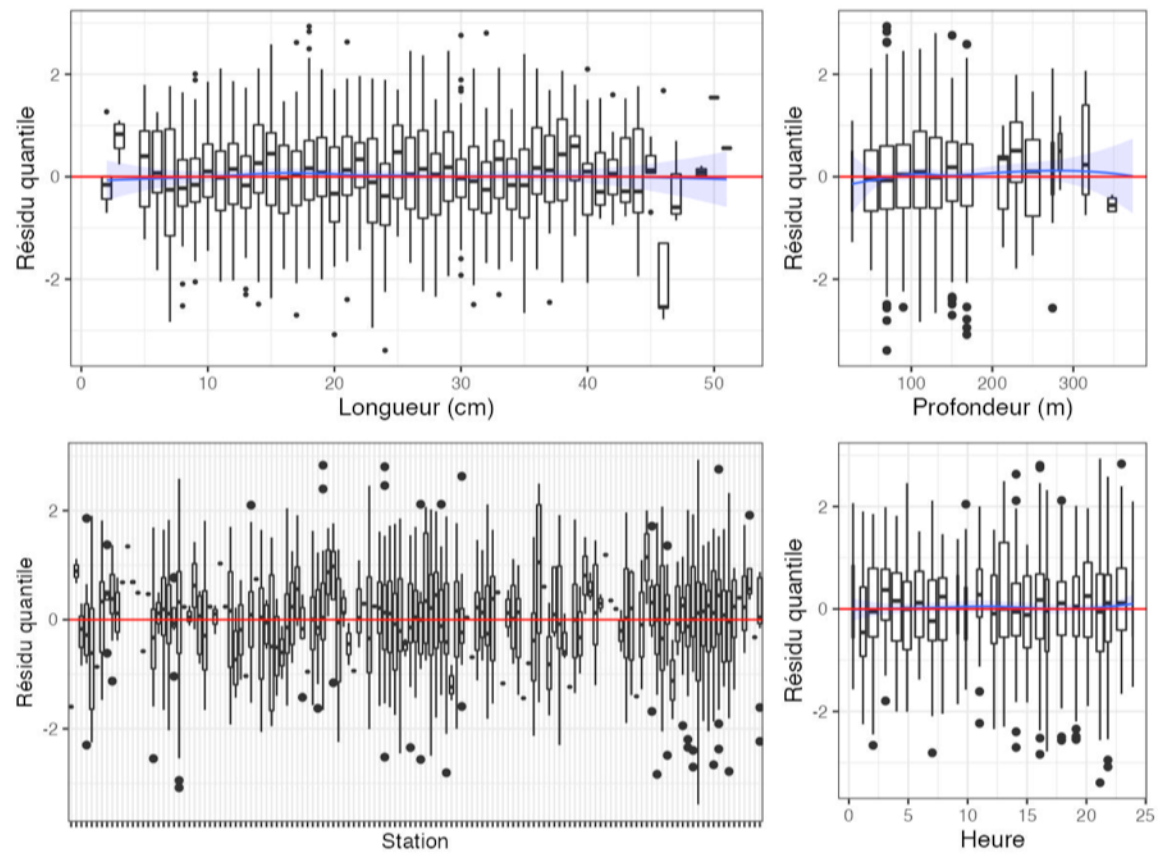


Figure 20c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossoides platessoides* (40).

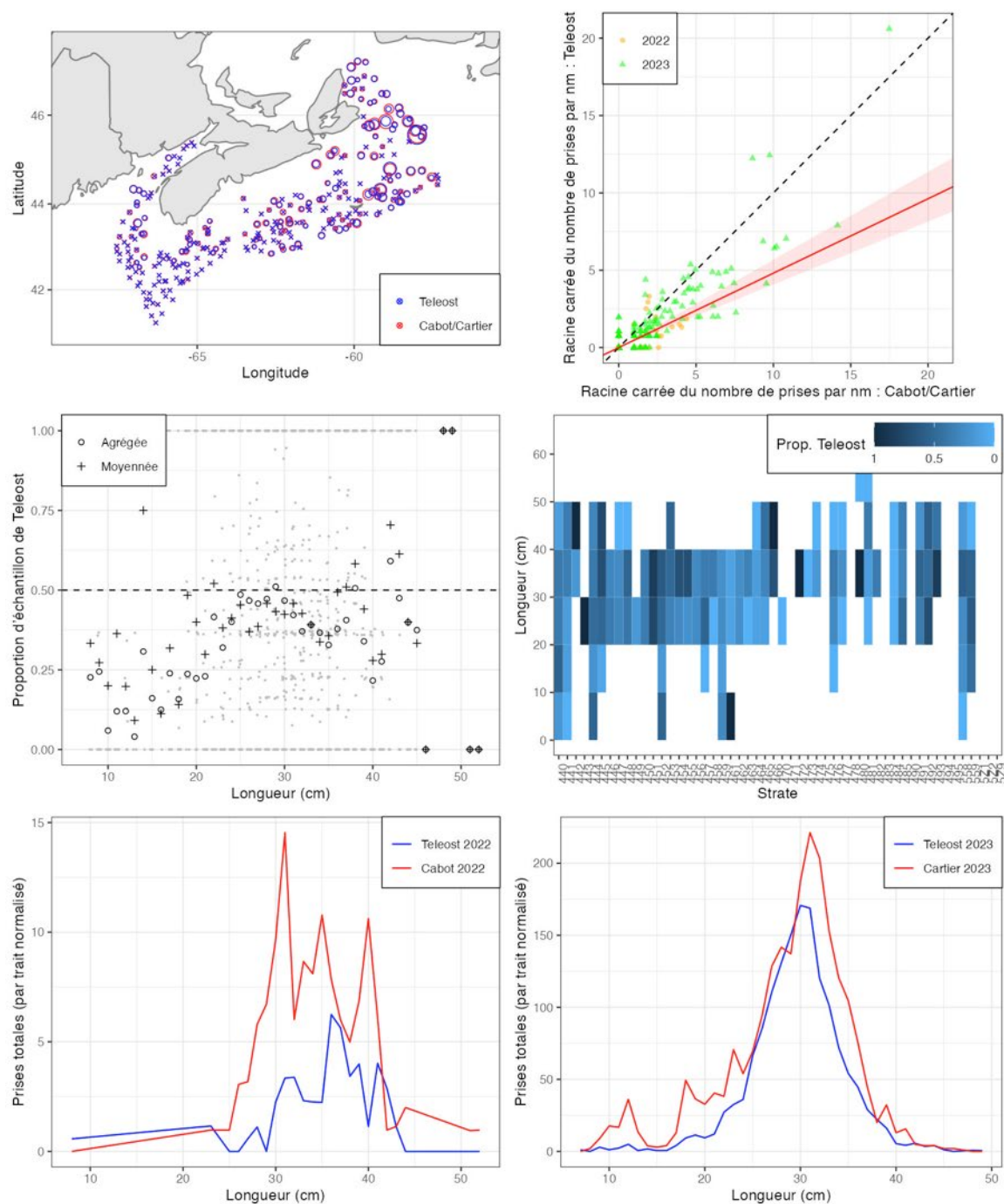


Figure 21a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).

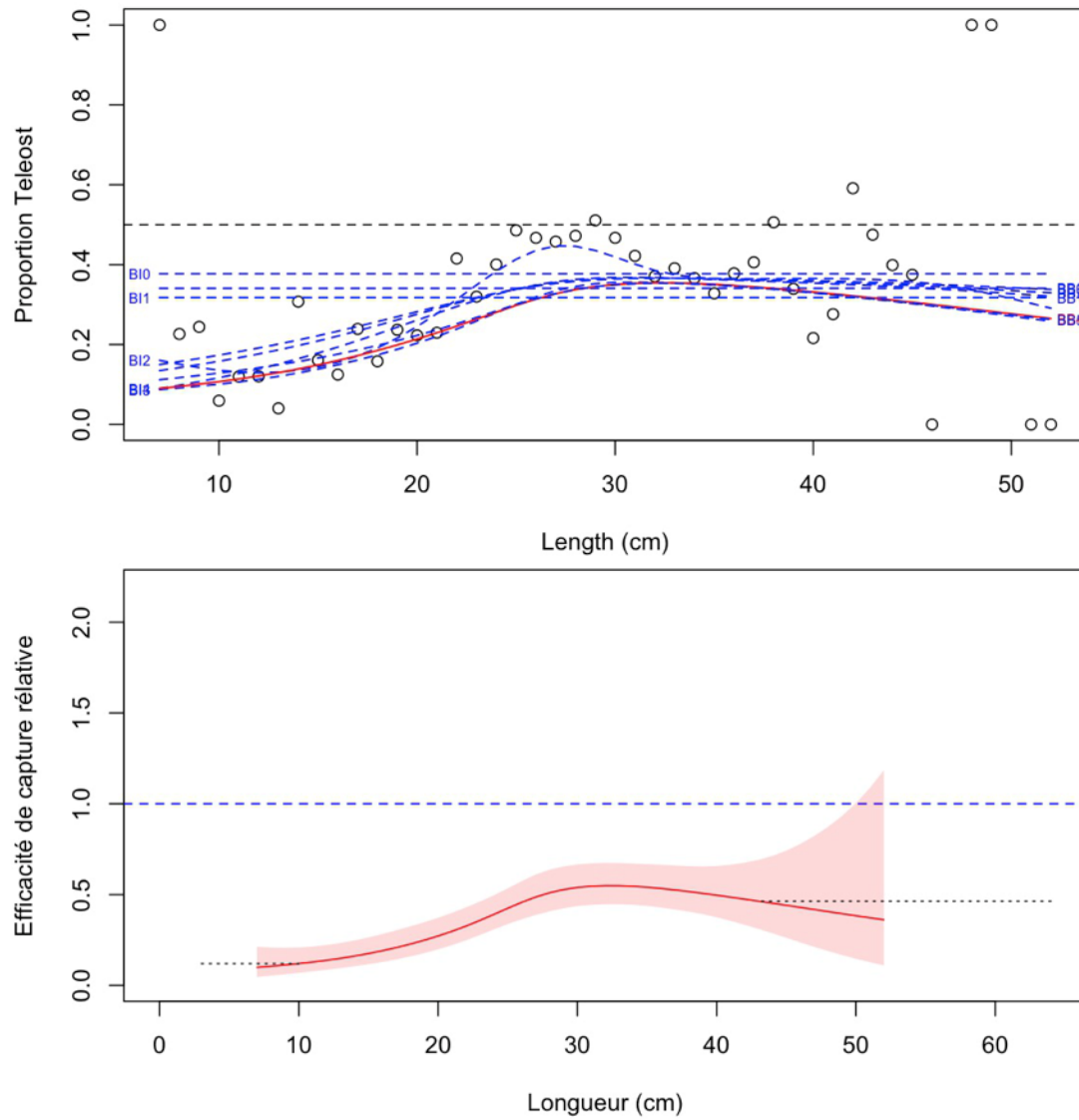


Figure 21b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).

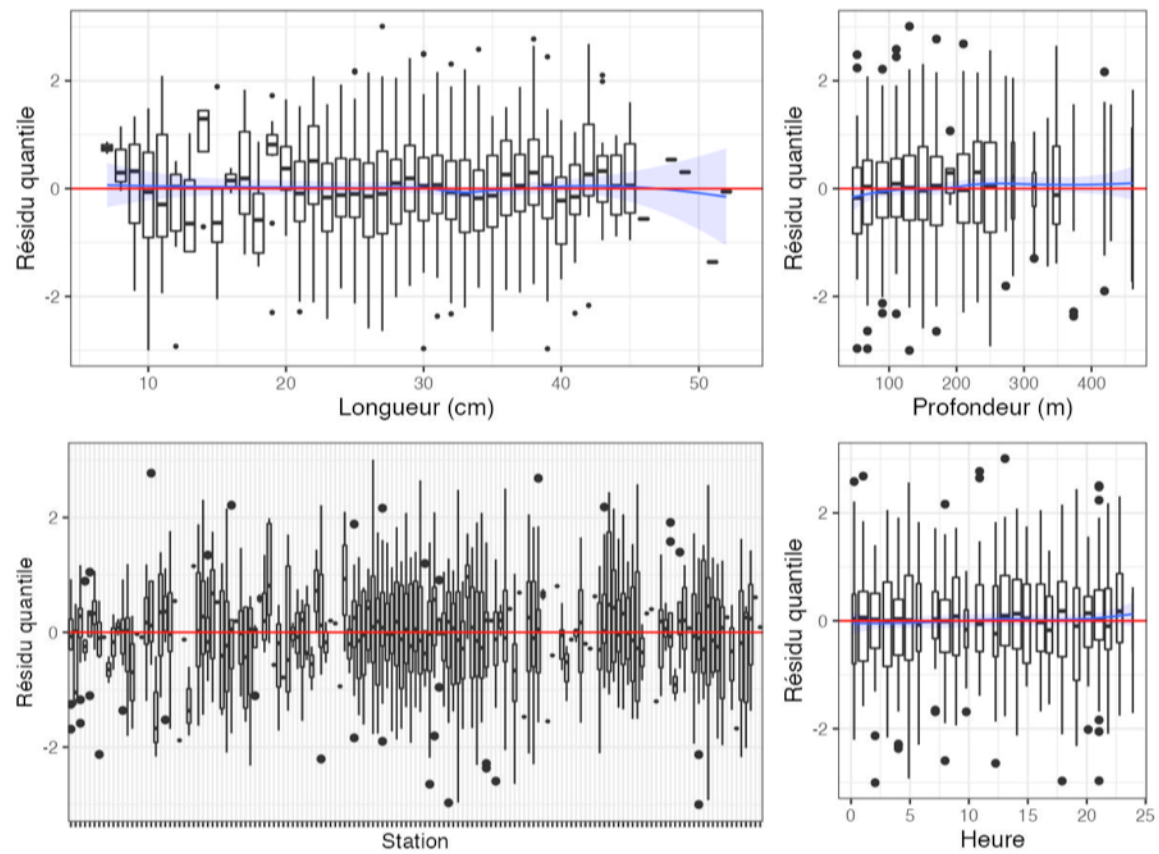


Figure 21c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Glyptocephalus cynoglossus* (41).

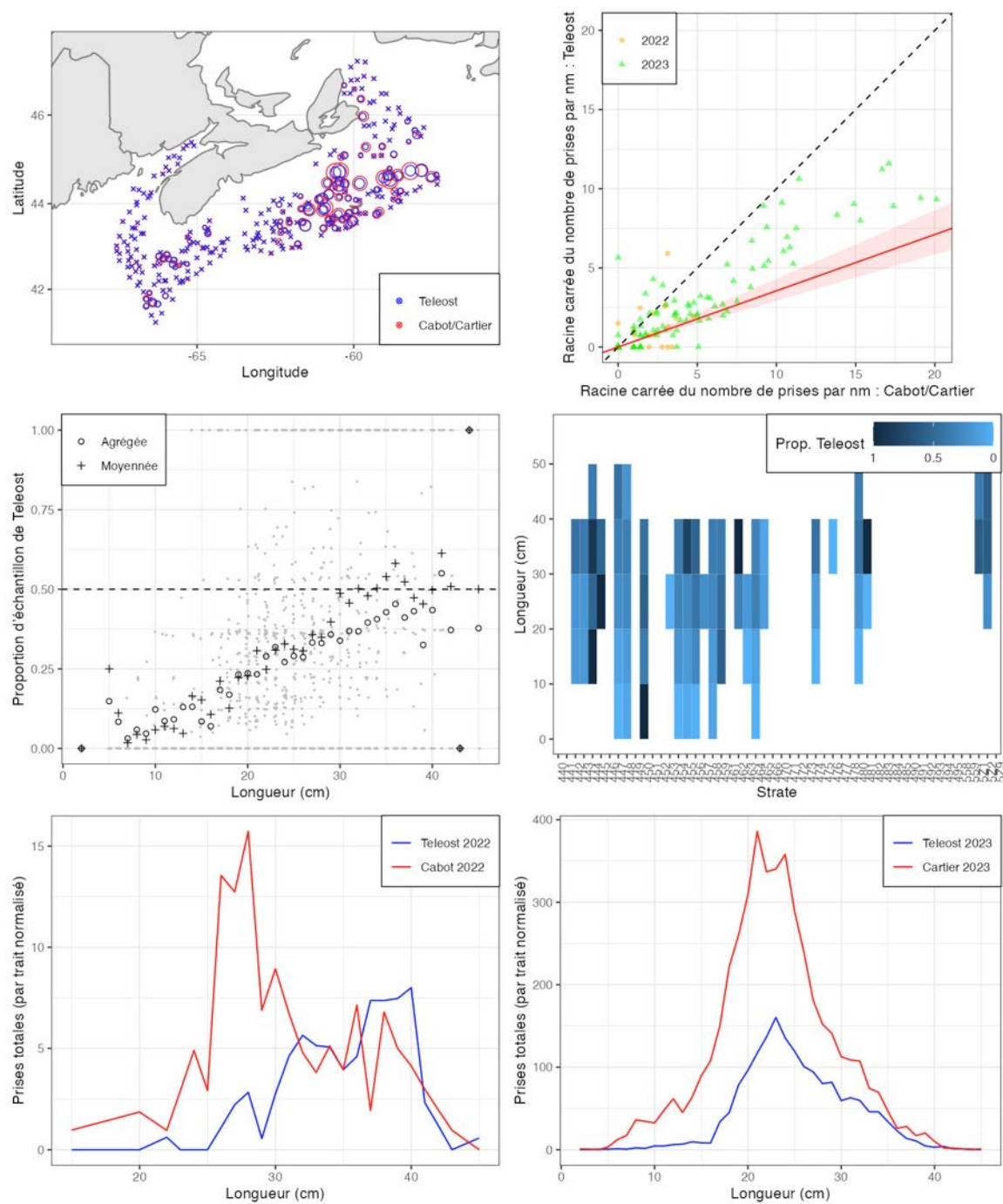


Figure 22a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Limanda ferruginea* (42).

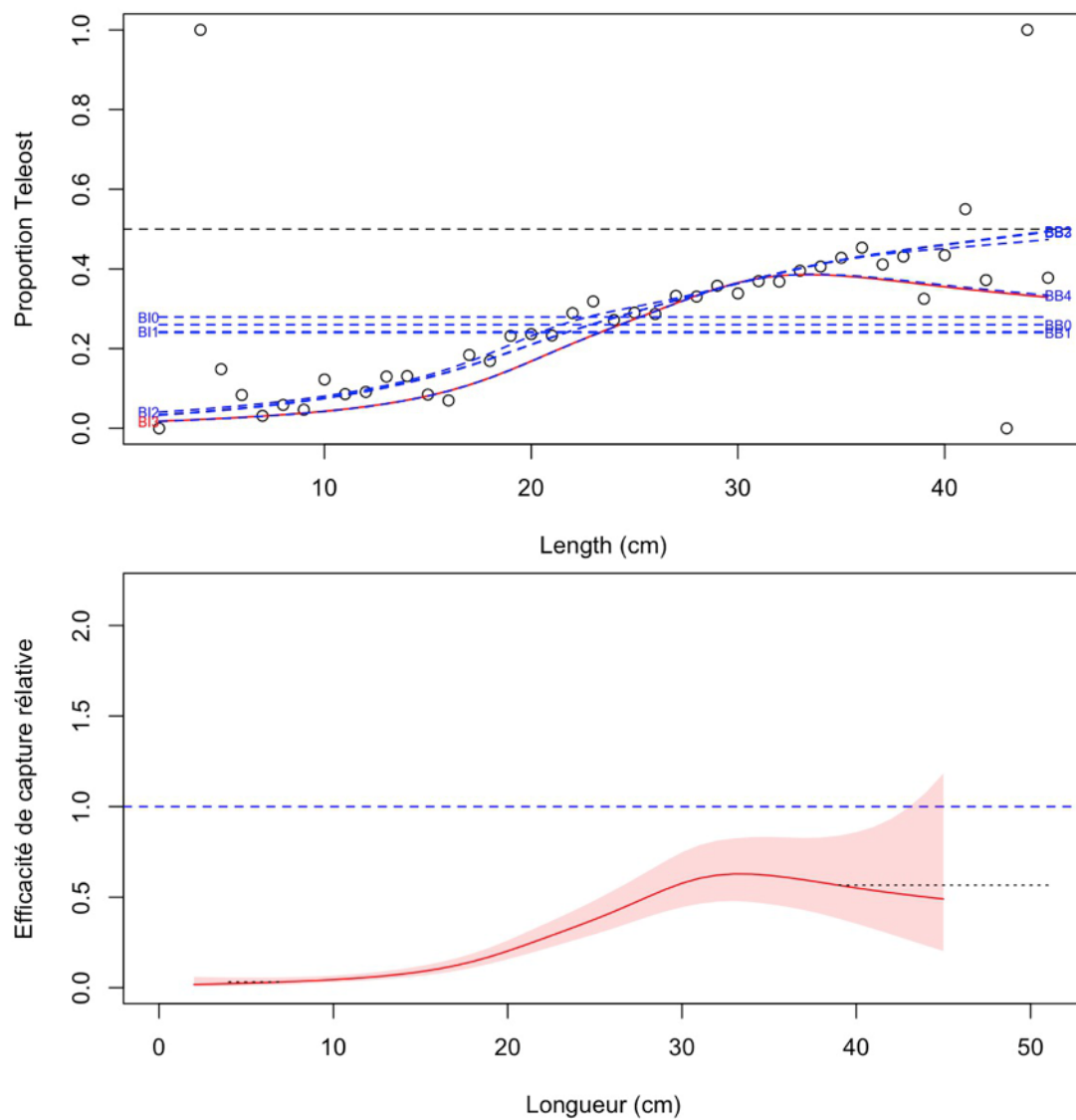


Figure 22b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Limanda ferruginea* (42).

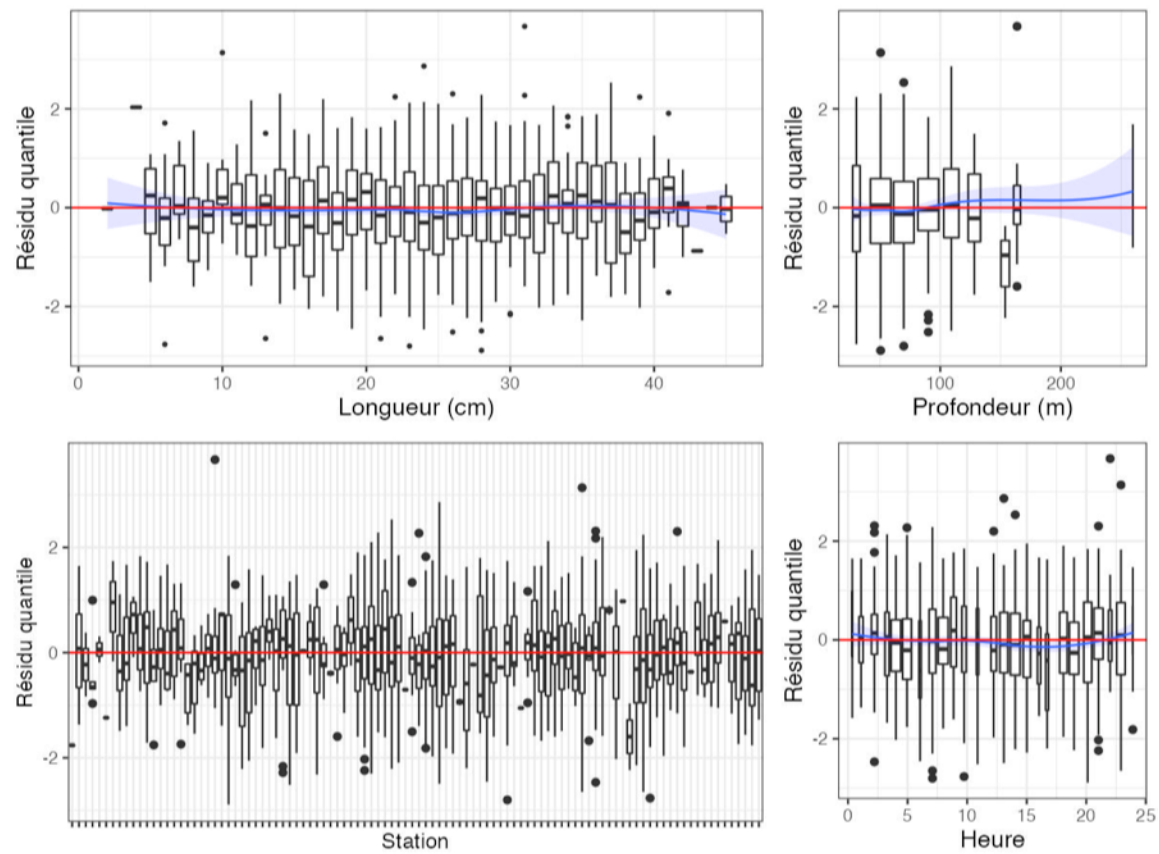


Figure 22c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Limanda ferruginea* (42).

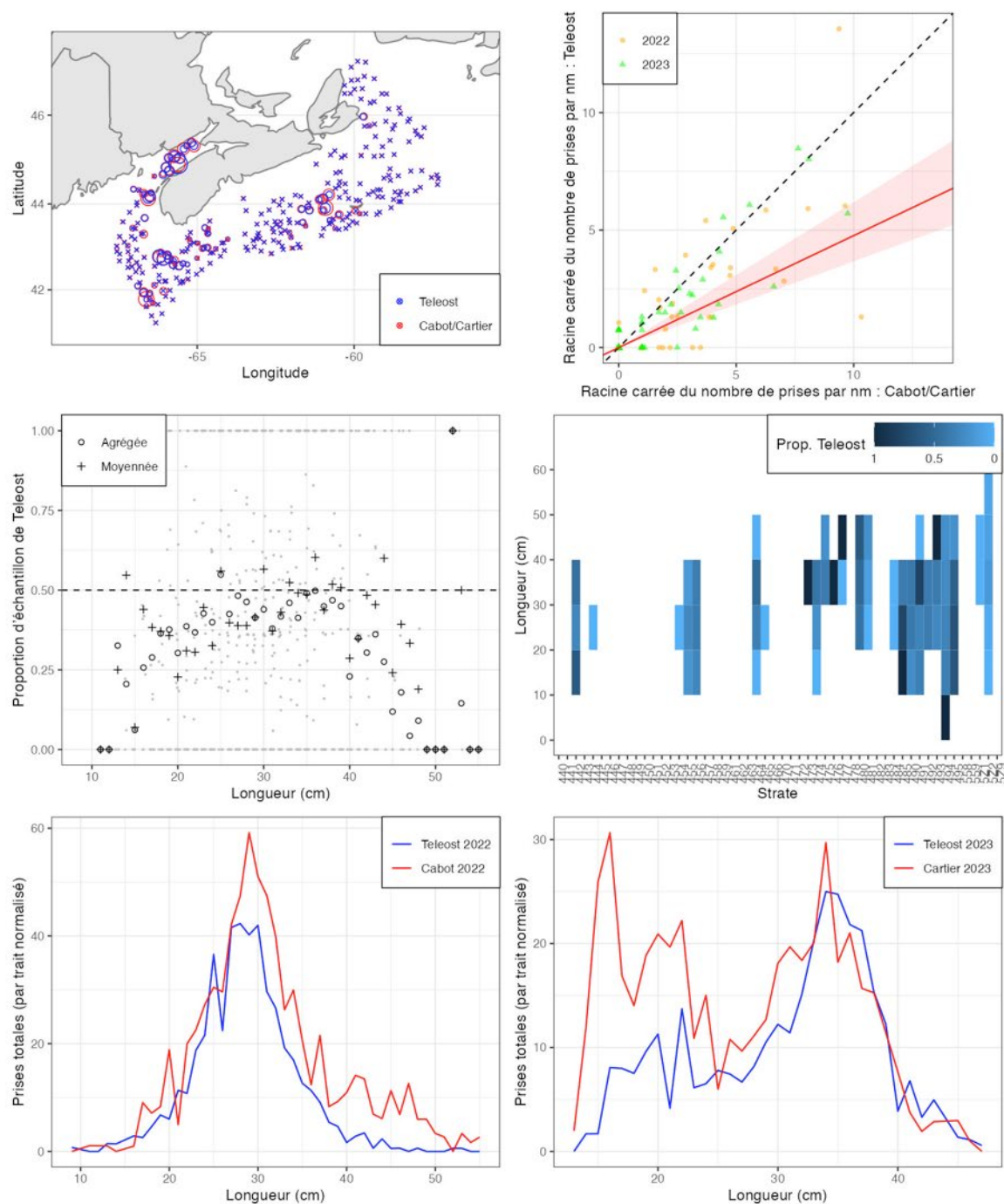


Figure 23a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

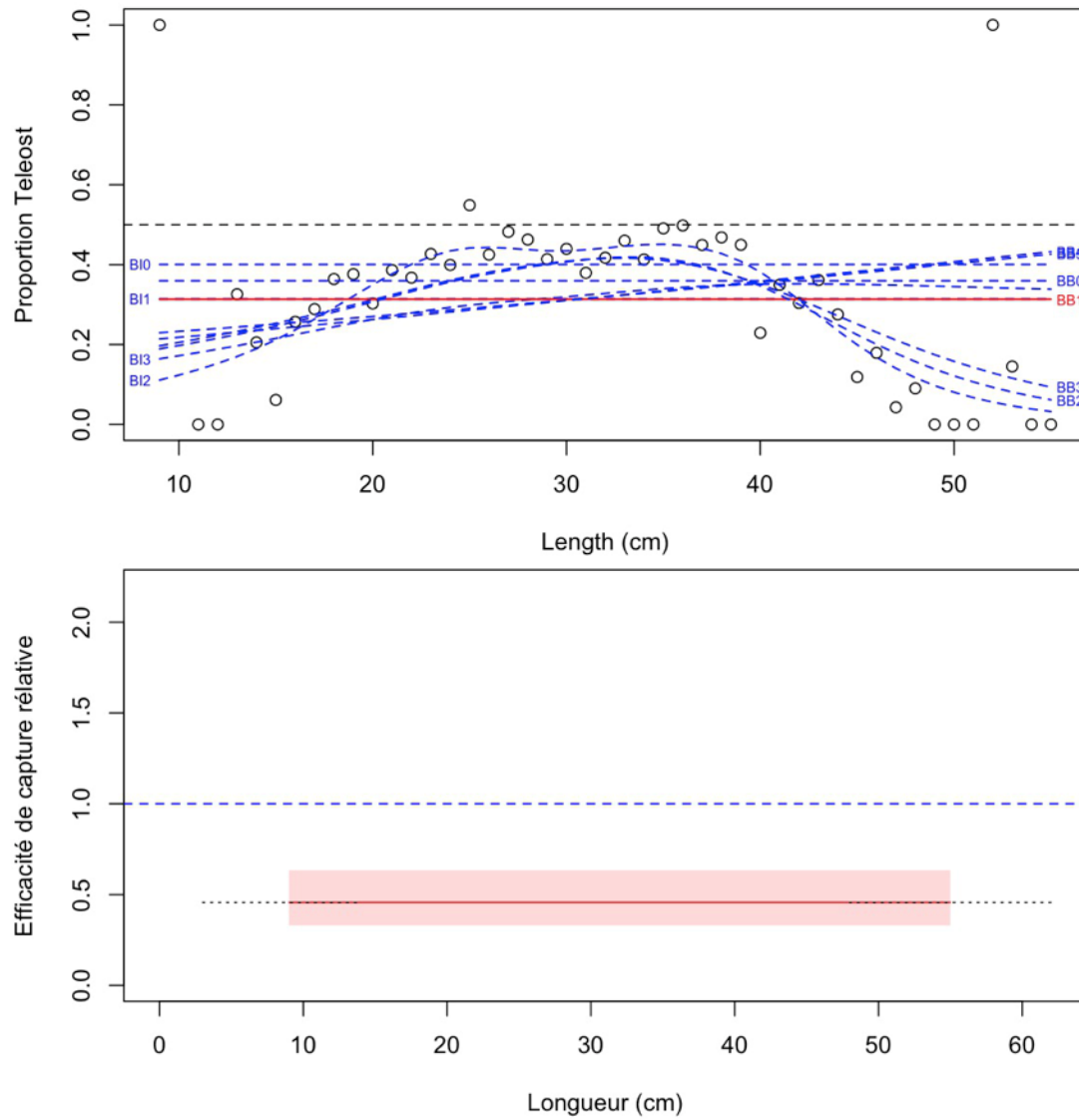


Figure 23b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

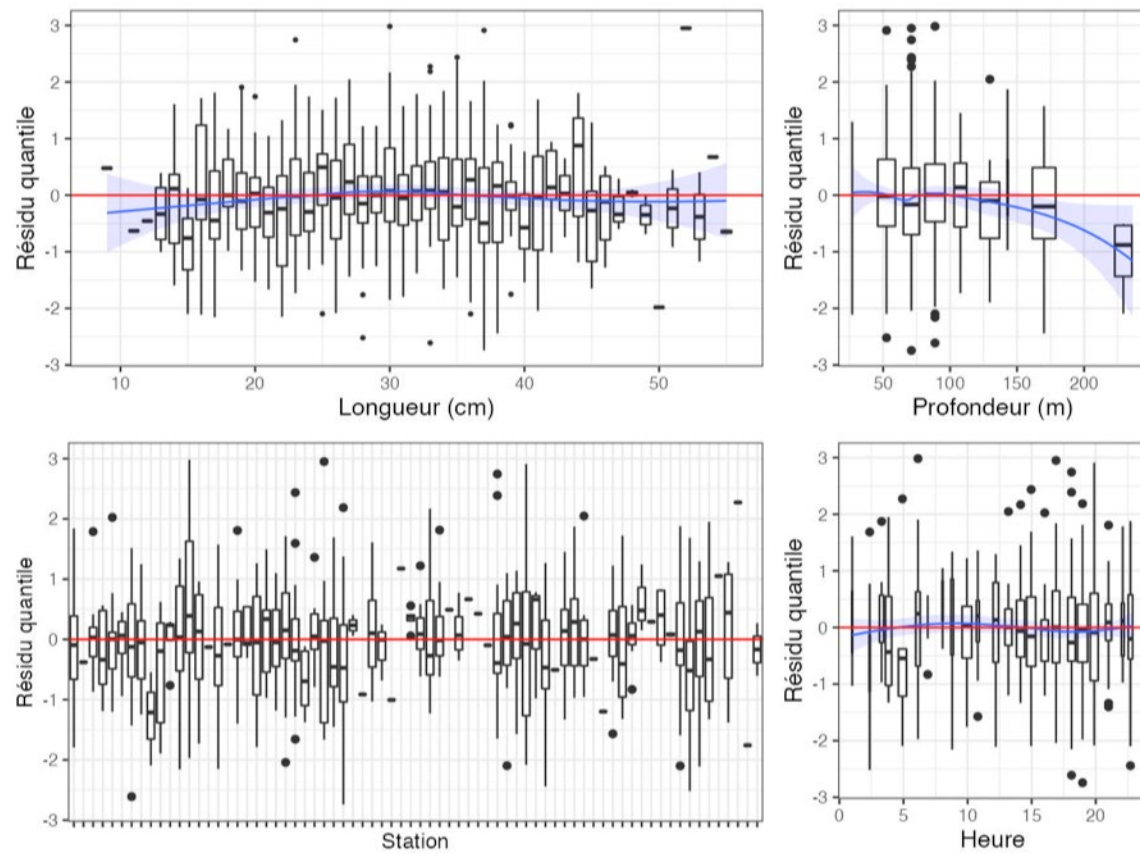


Figure 23c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Pseudopleuronectes americanus* (43).

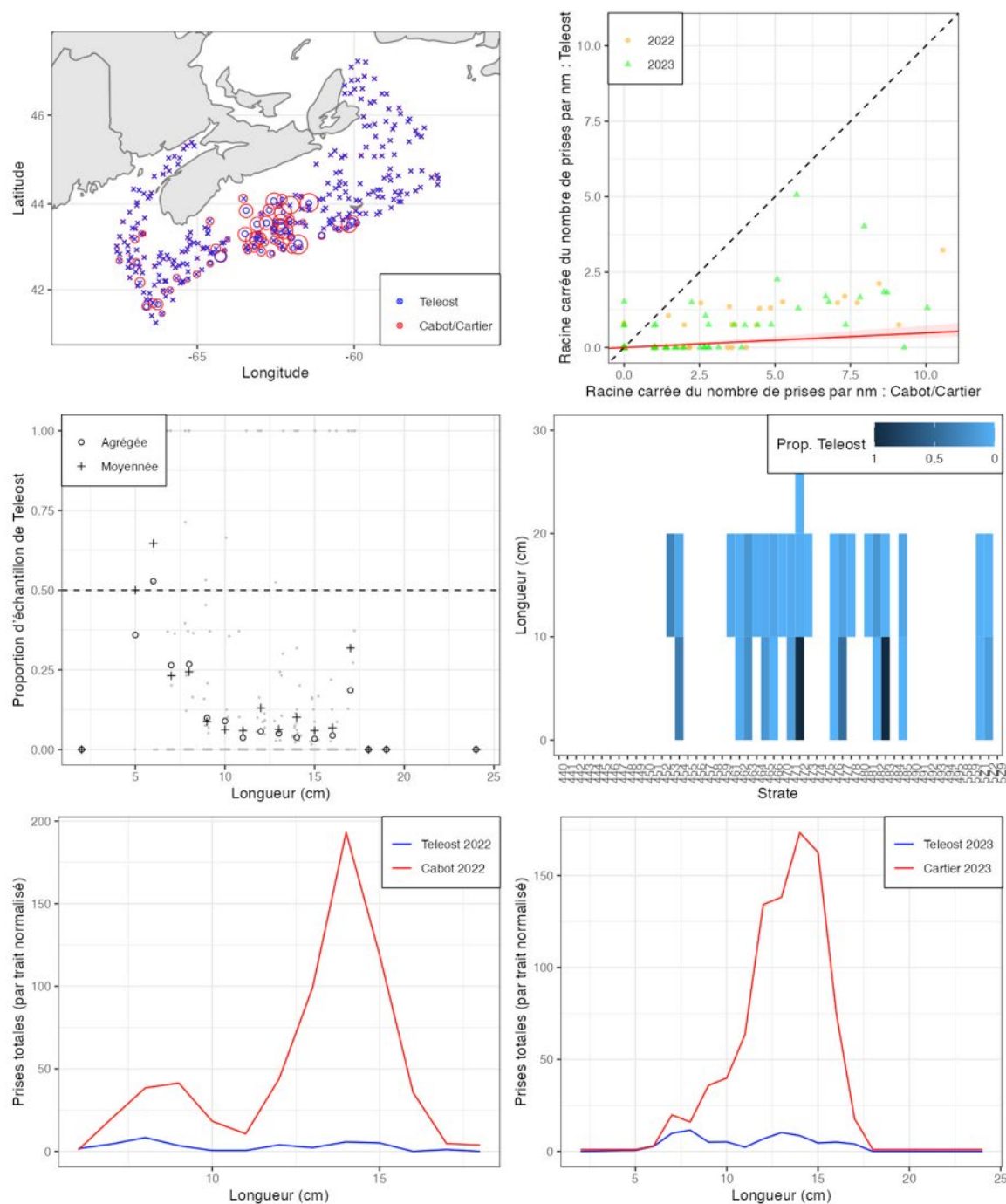


Figure 24a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Citharichthys arctifrons* (44).

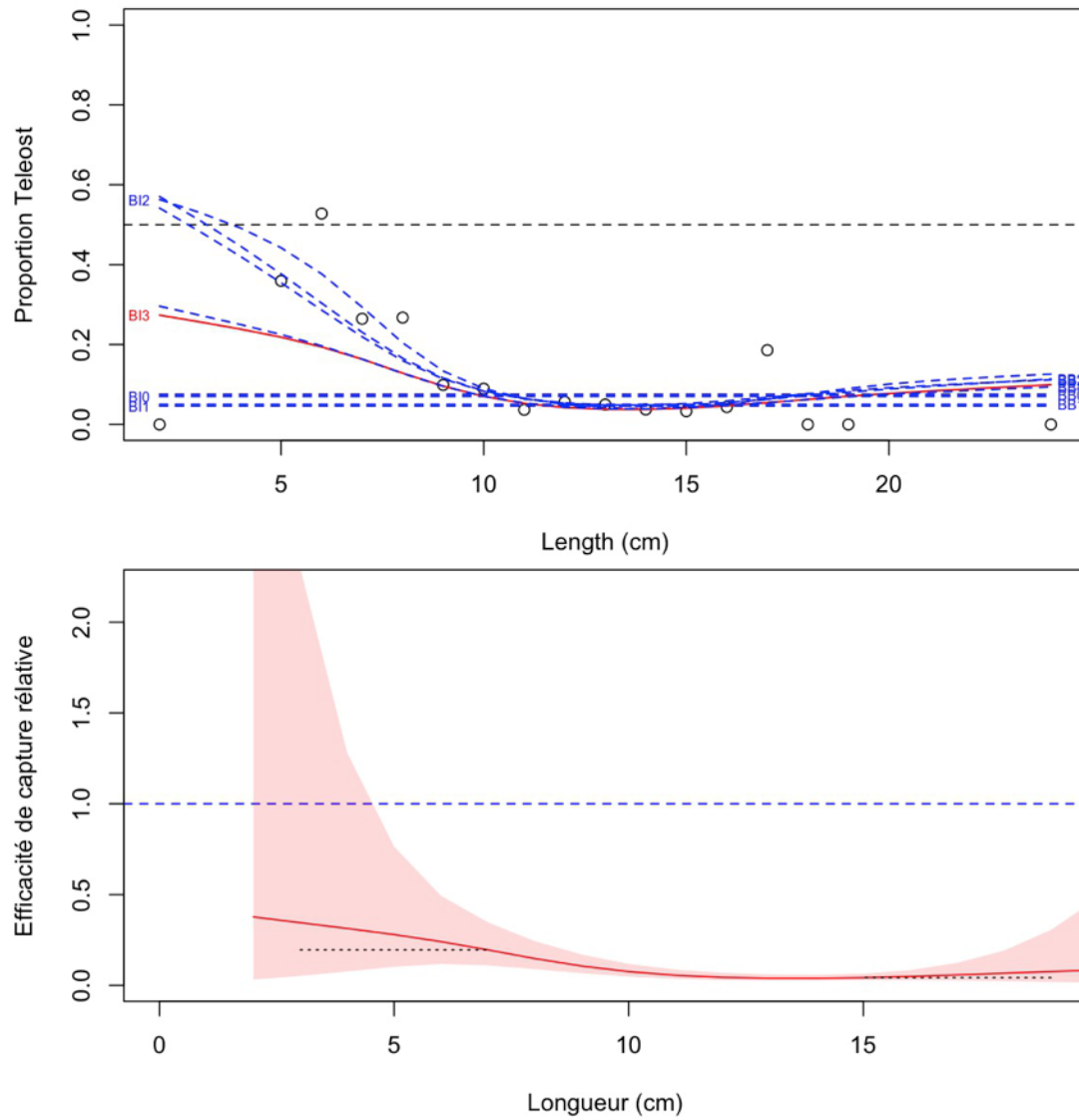


Figure 24b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Citharichthys arctifrons* (44).

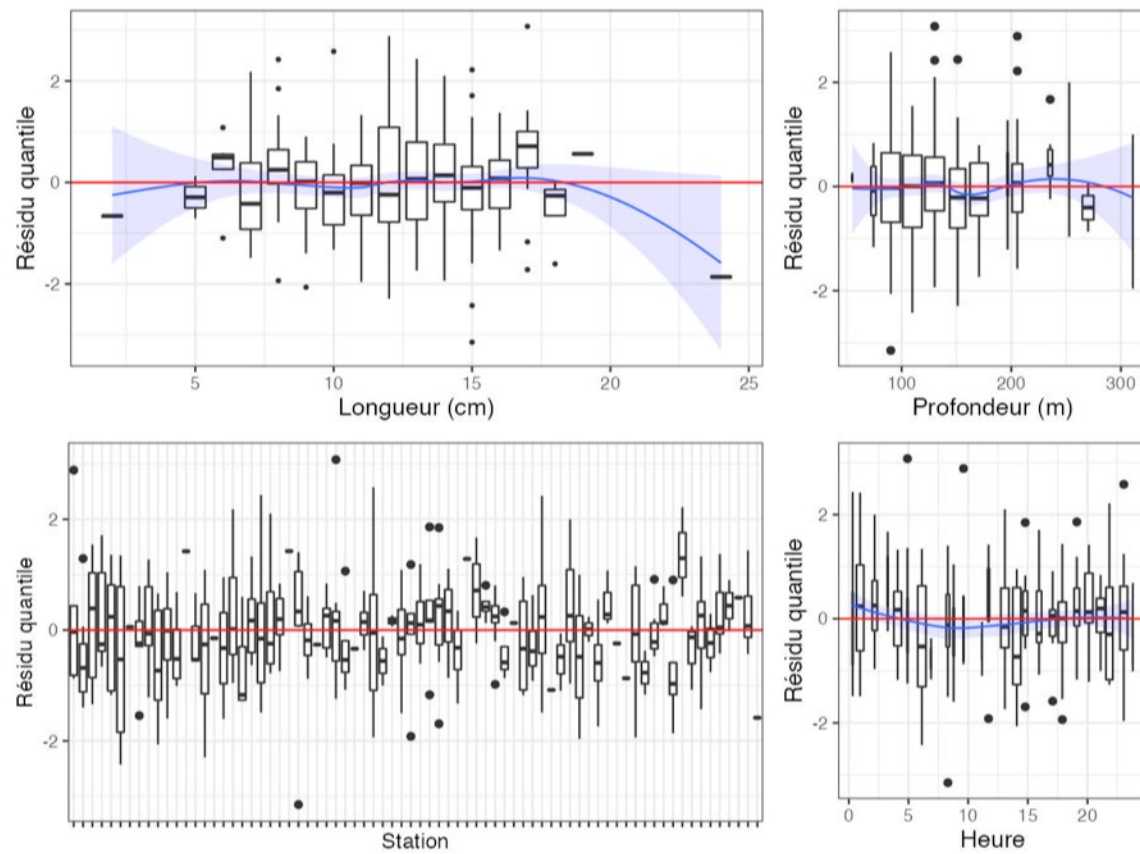


Figure 24c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Citharichthys arctifrons* (44).

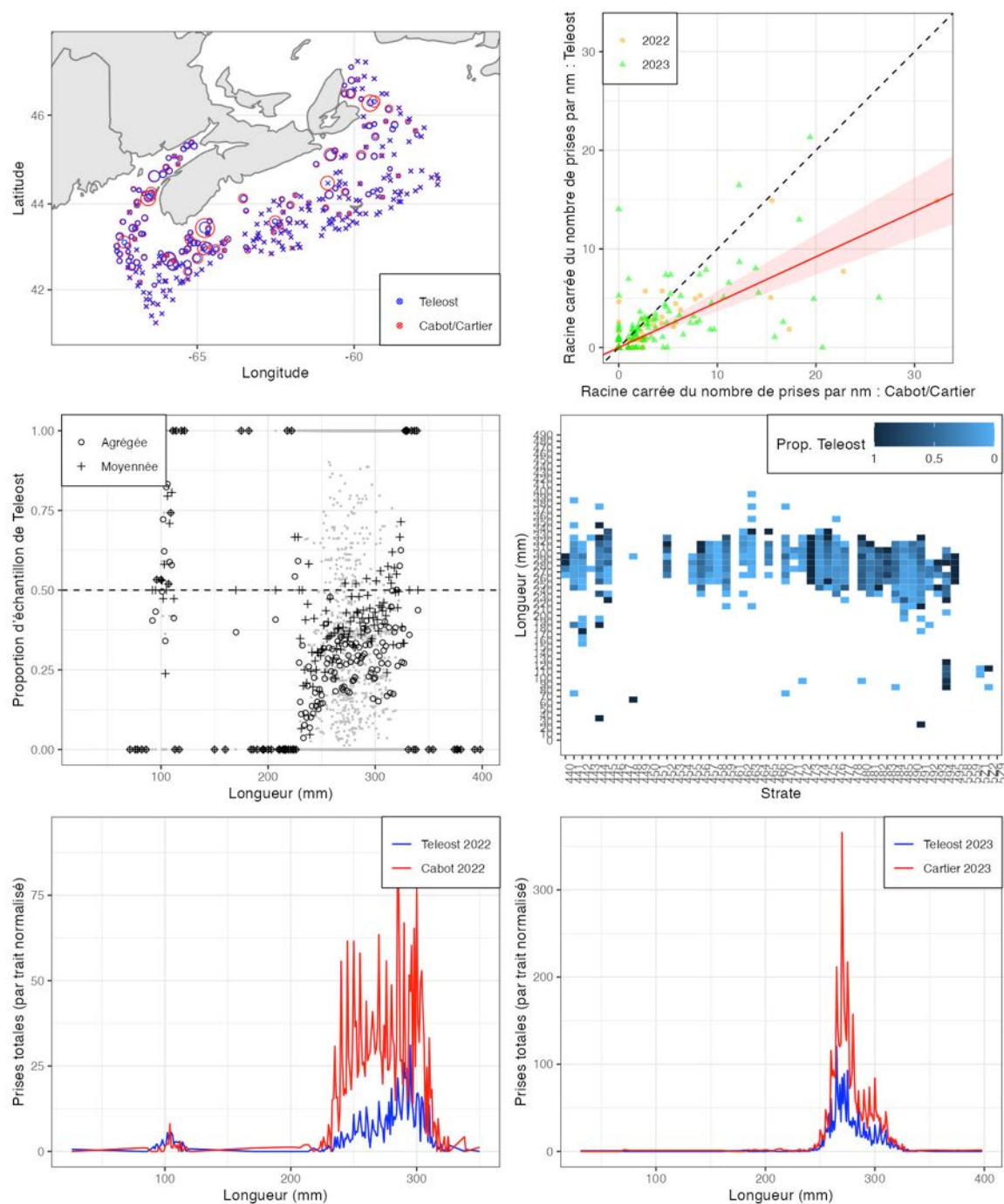


Figure 25a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Clupea harengus* (60).

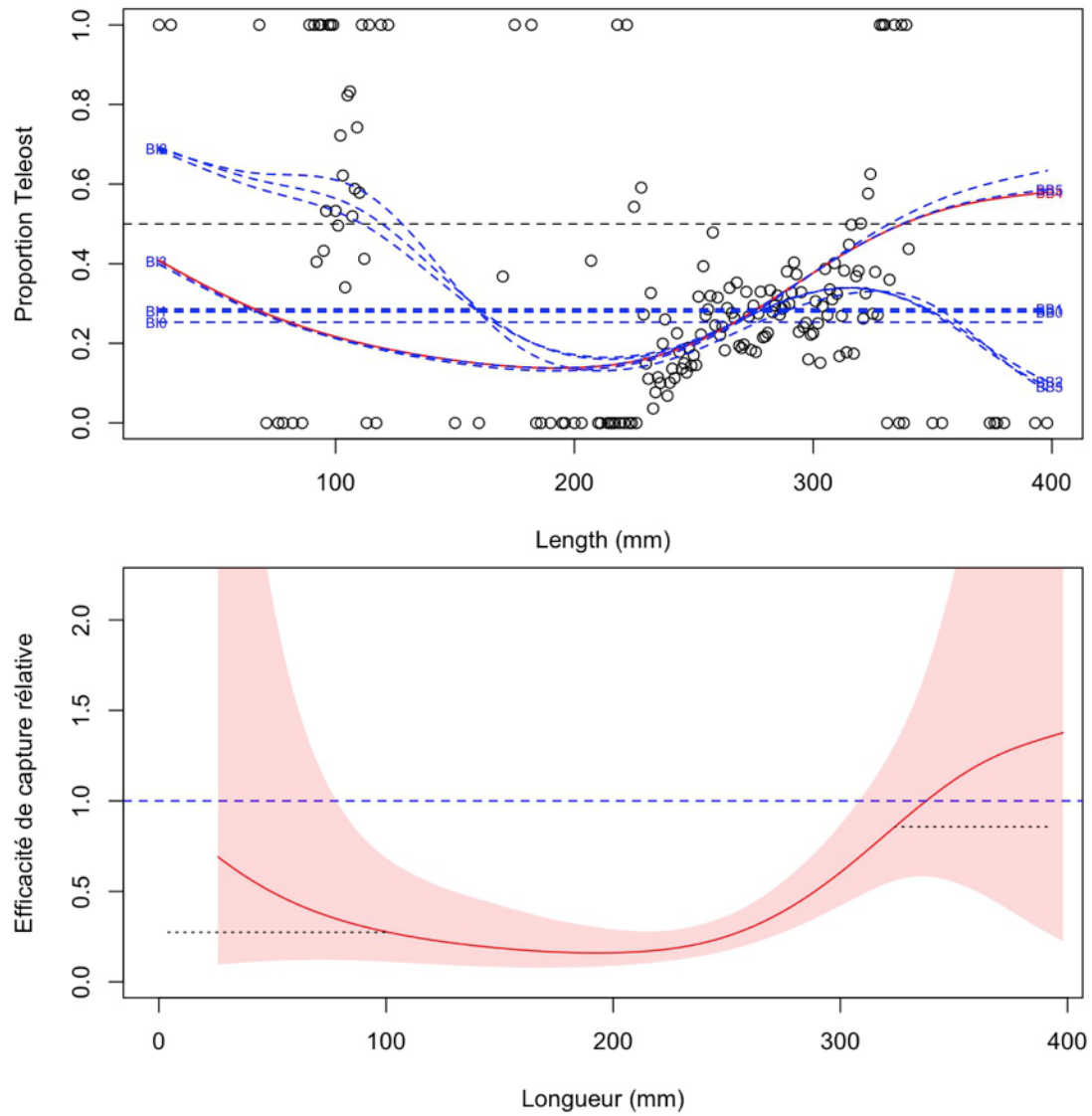


Figure 25b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Clupea harengus* (60).

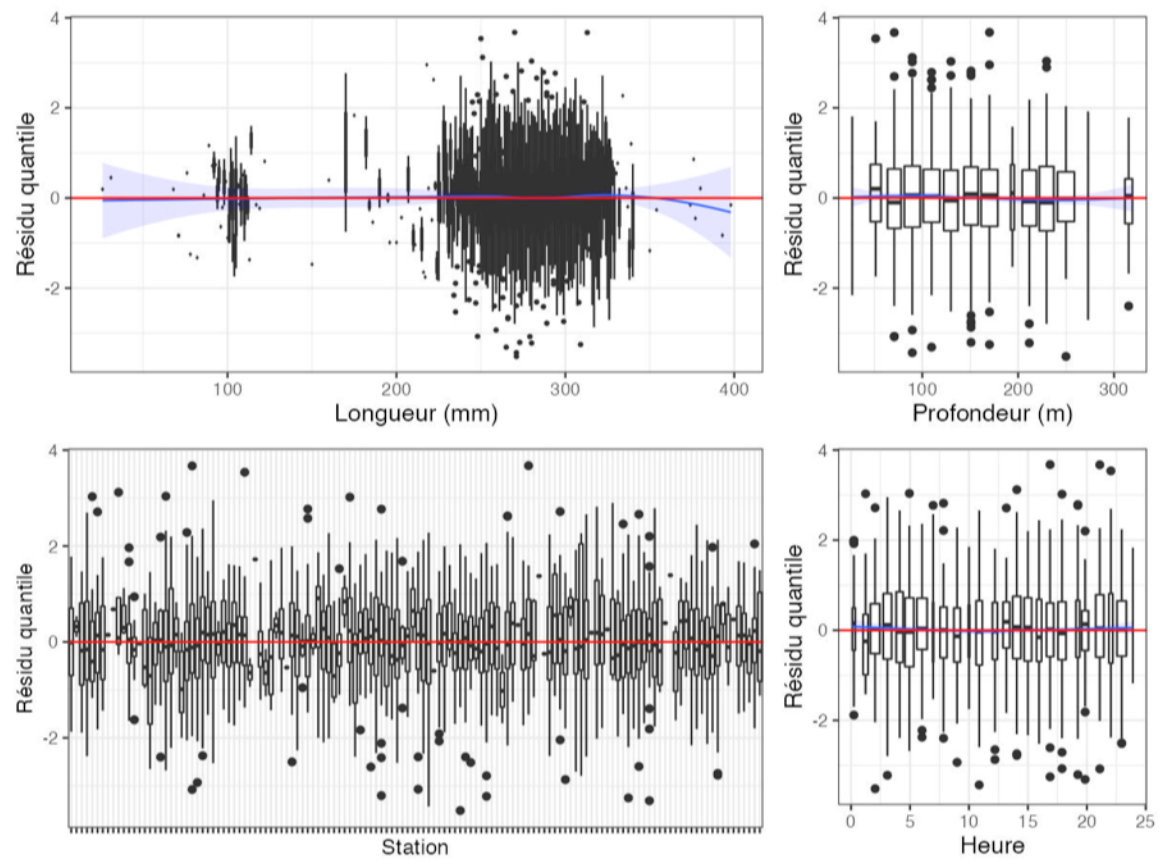


Figure 25c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Clupea harengus* (60).

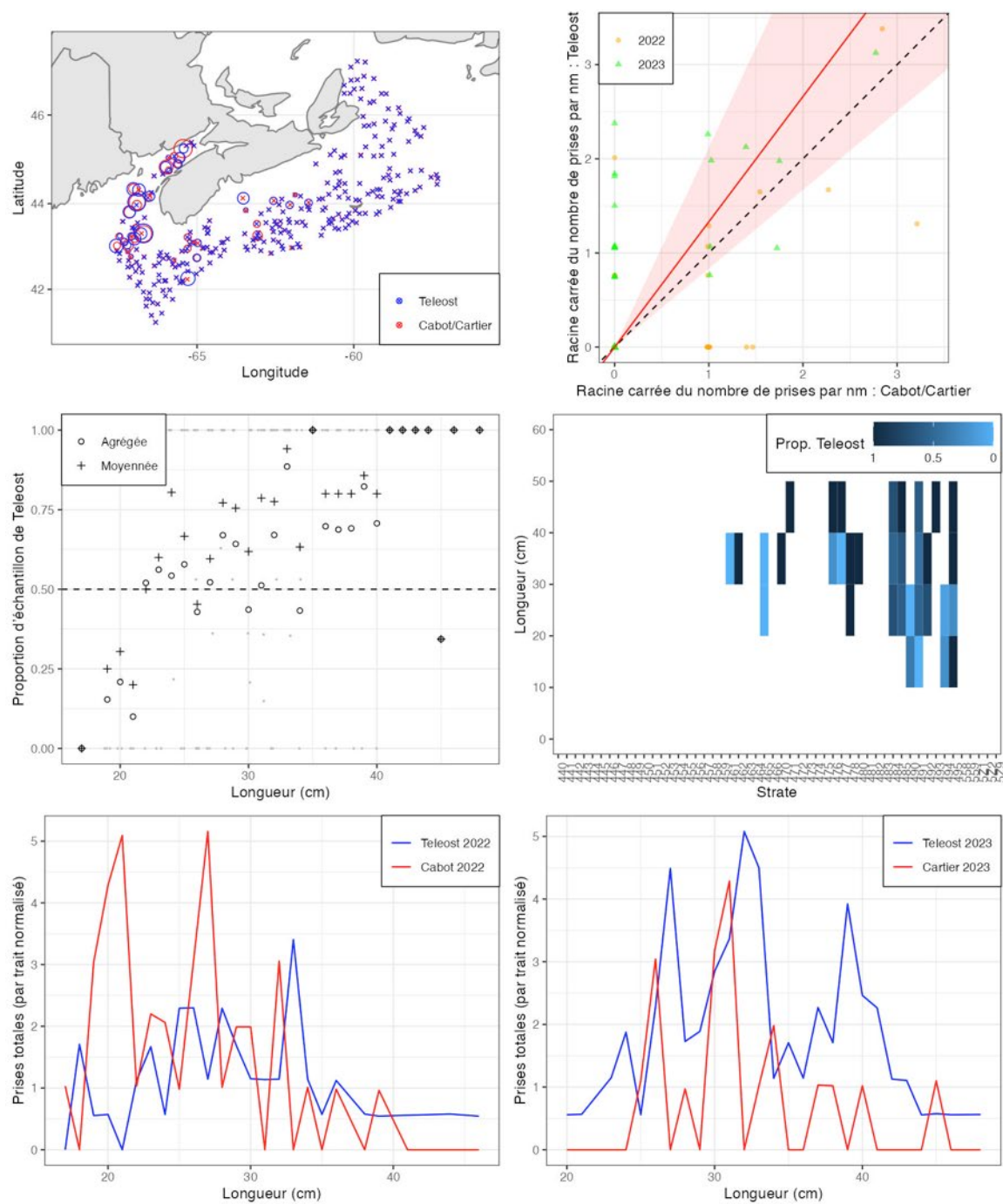


Figure 26a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Alosa sapidissima* (61).

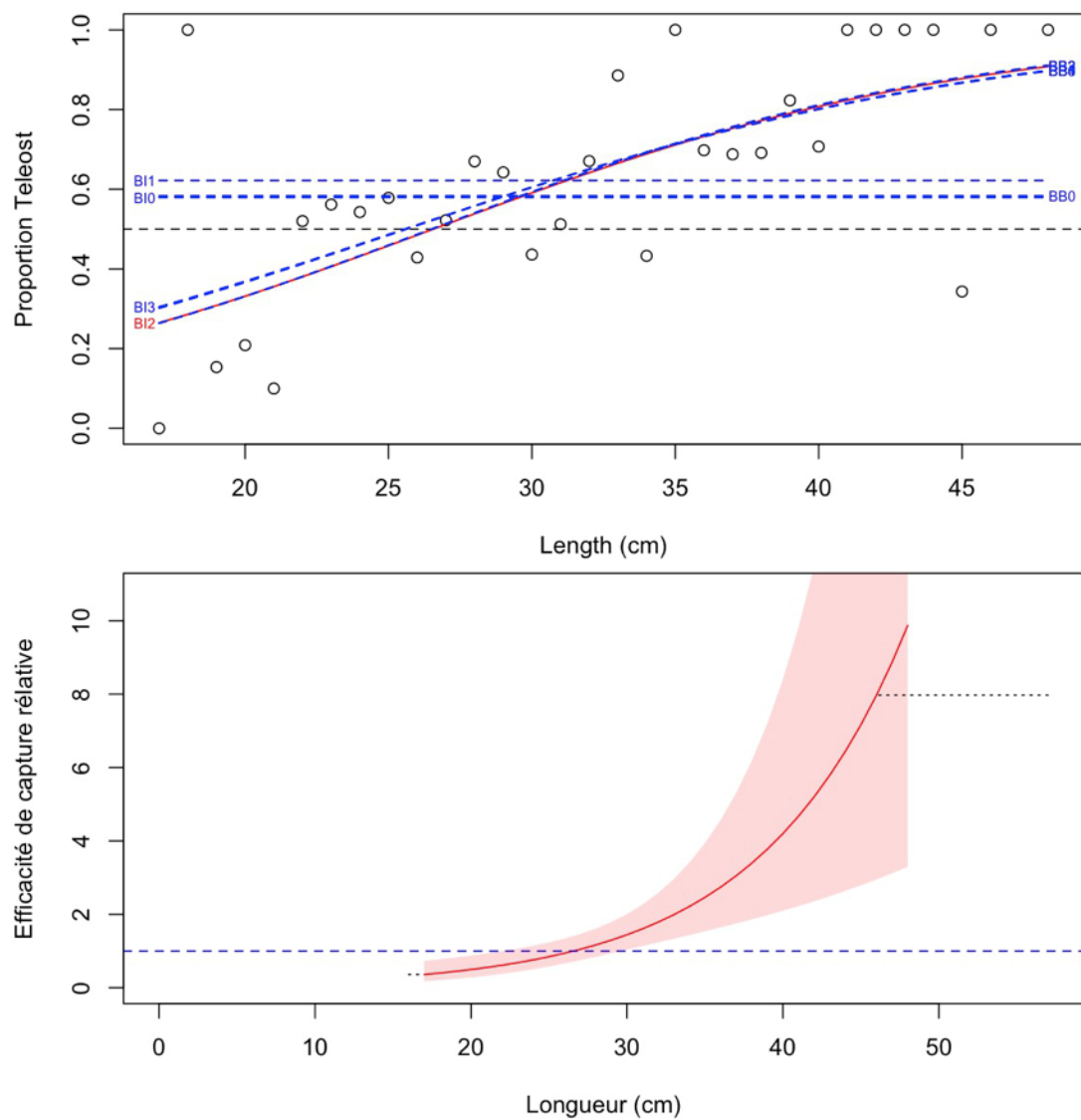


Figure 26b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Alosa sapidissima* (61).

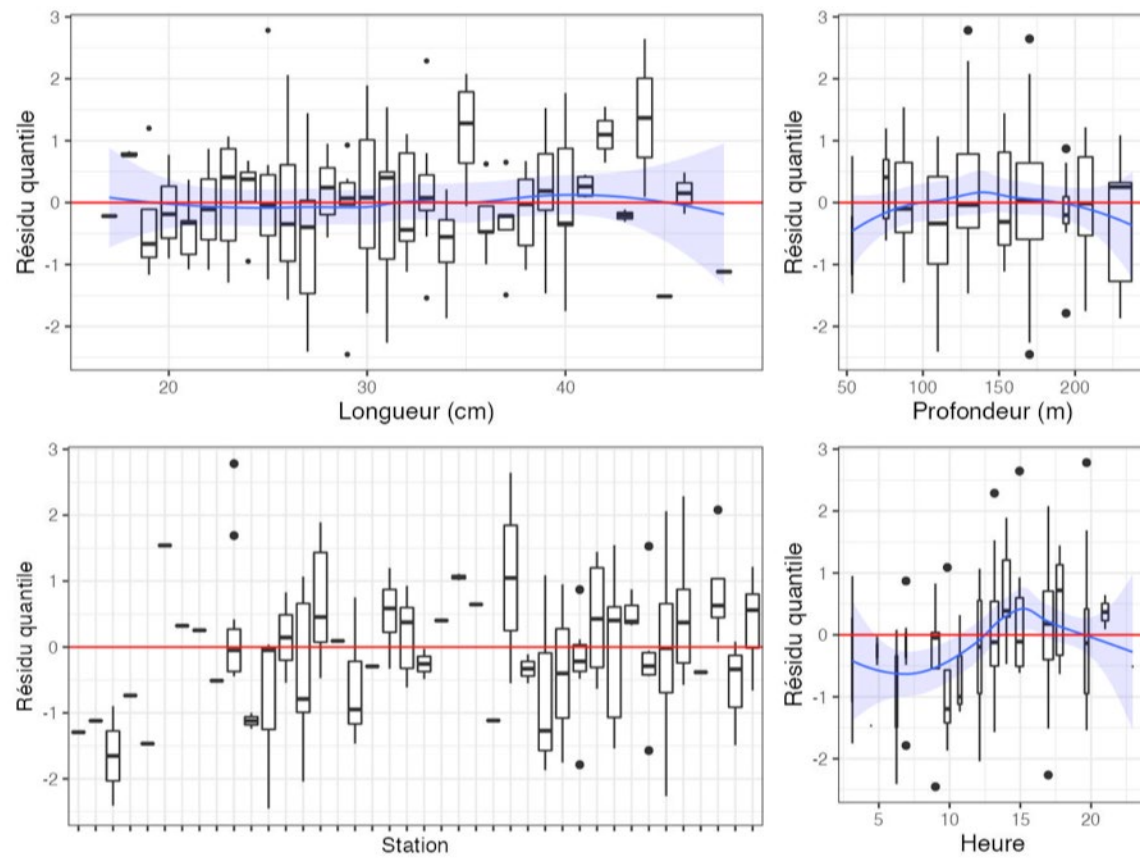


Figure 26c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Alosa sapidissima* (61).

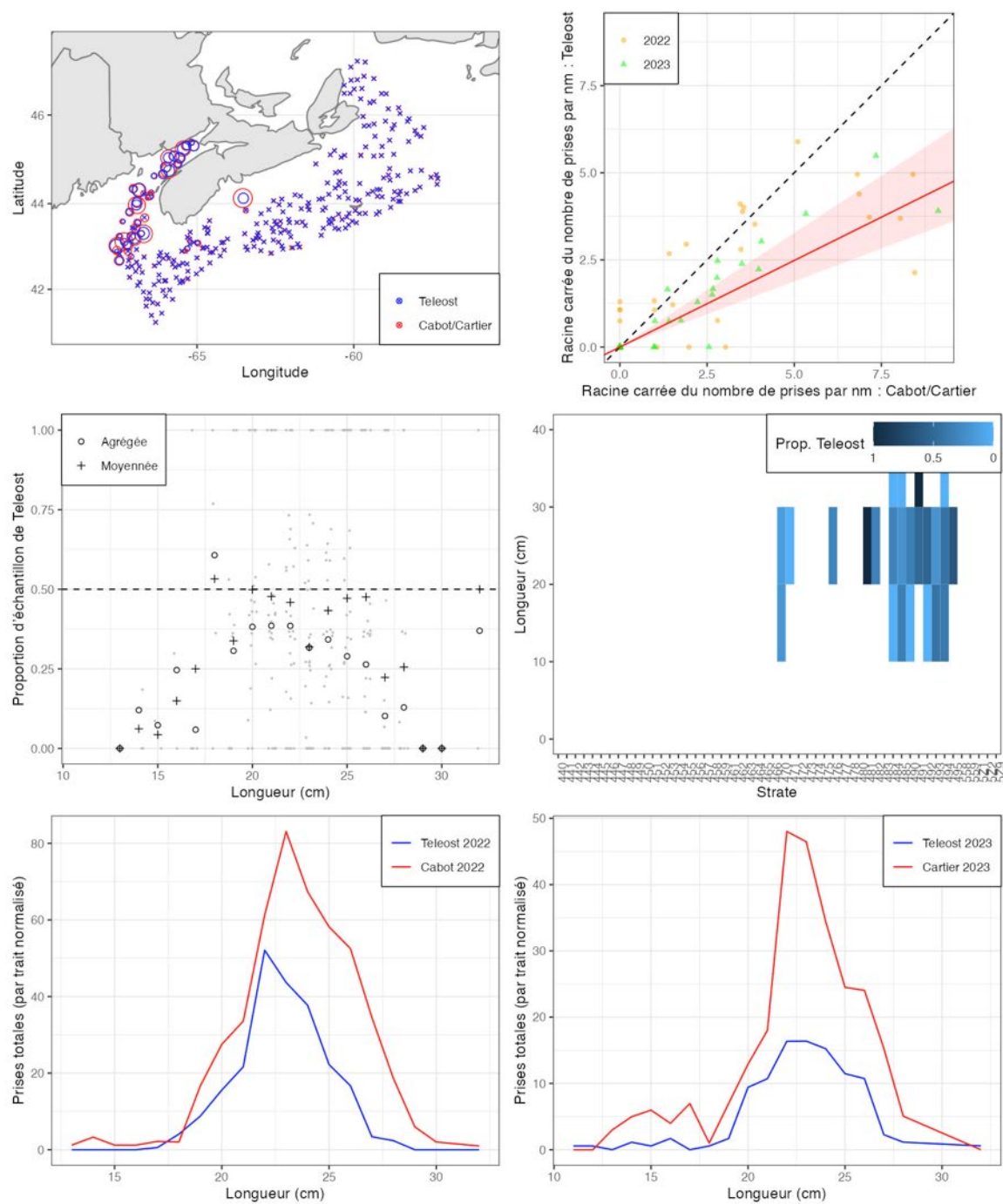


Figure 27a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Alosa pseudoharengus* (62).

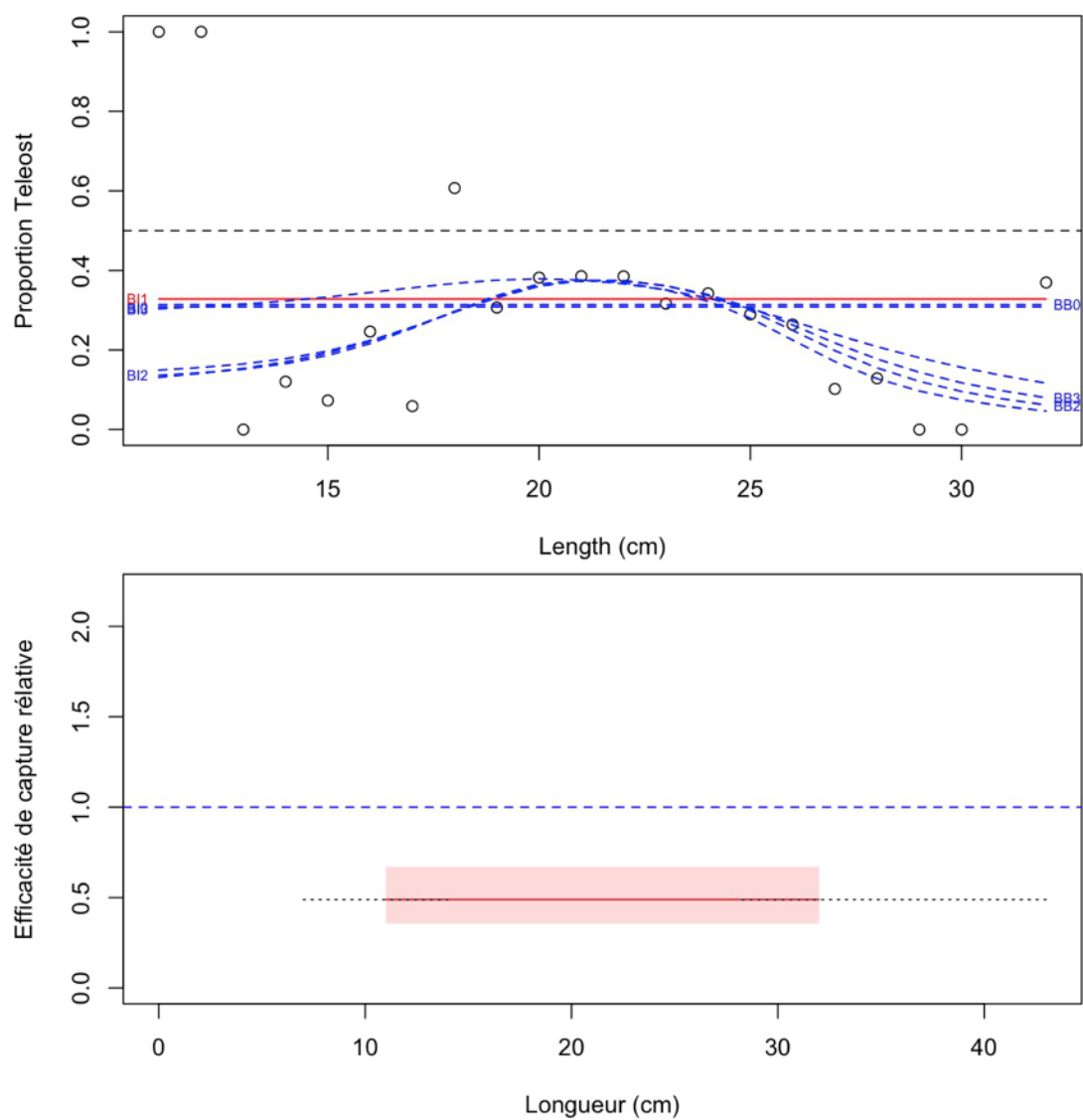


Figure 27b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Alosa pseudoharengus* (62).

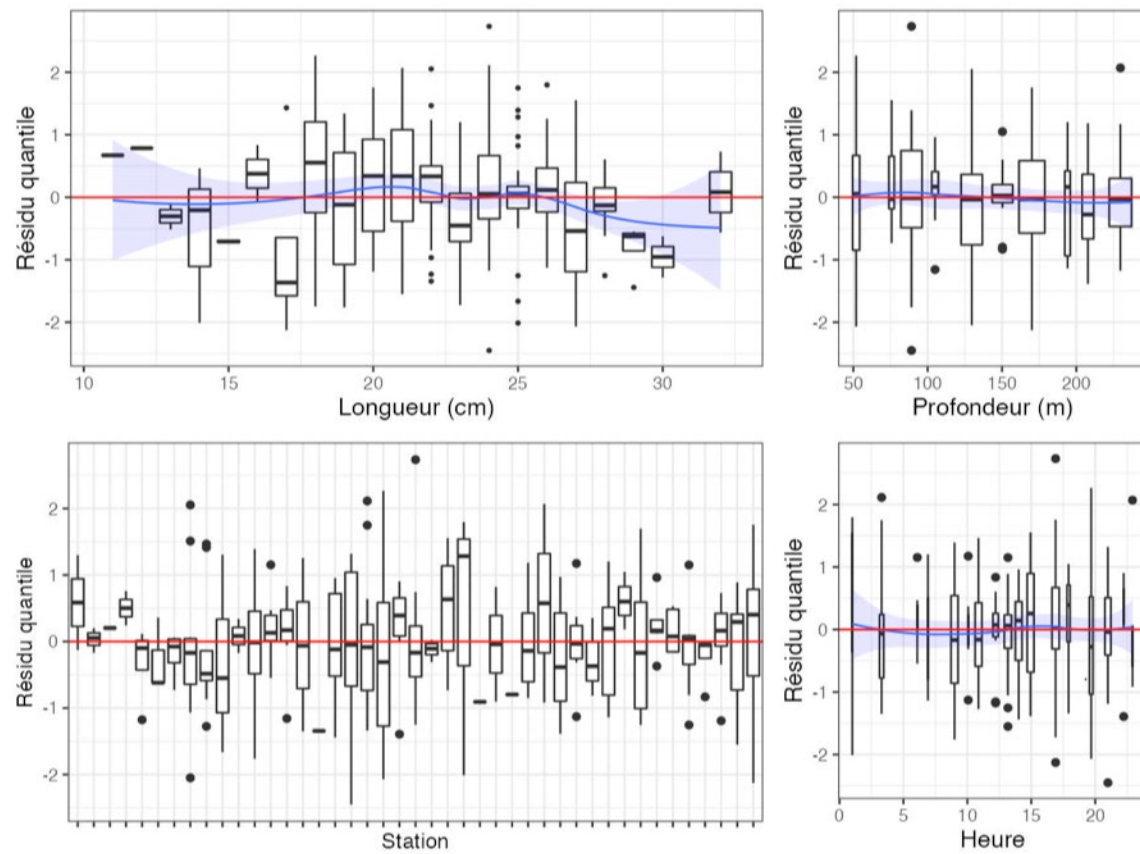


Figure 27c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Alosa pseudoharengus* (62).

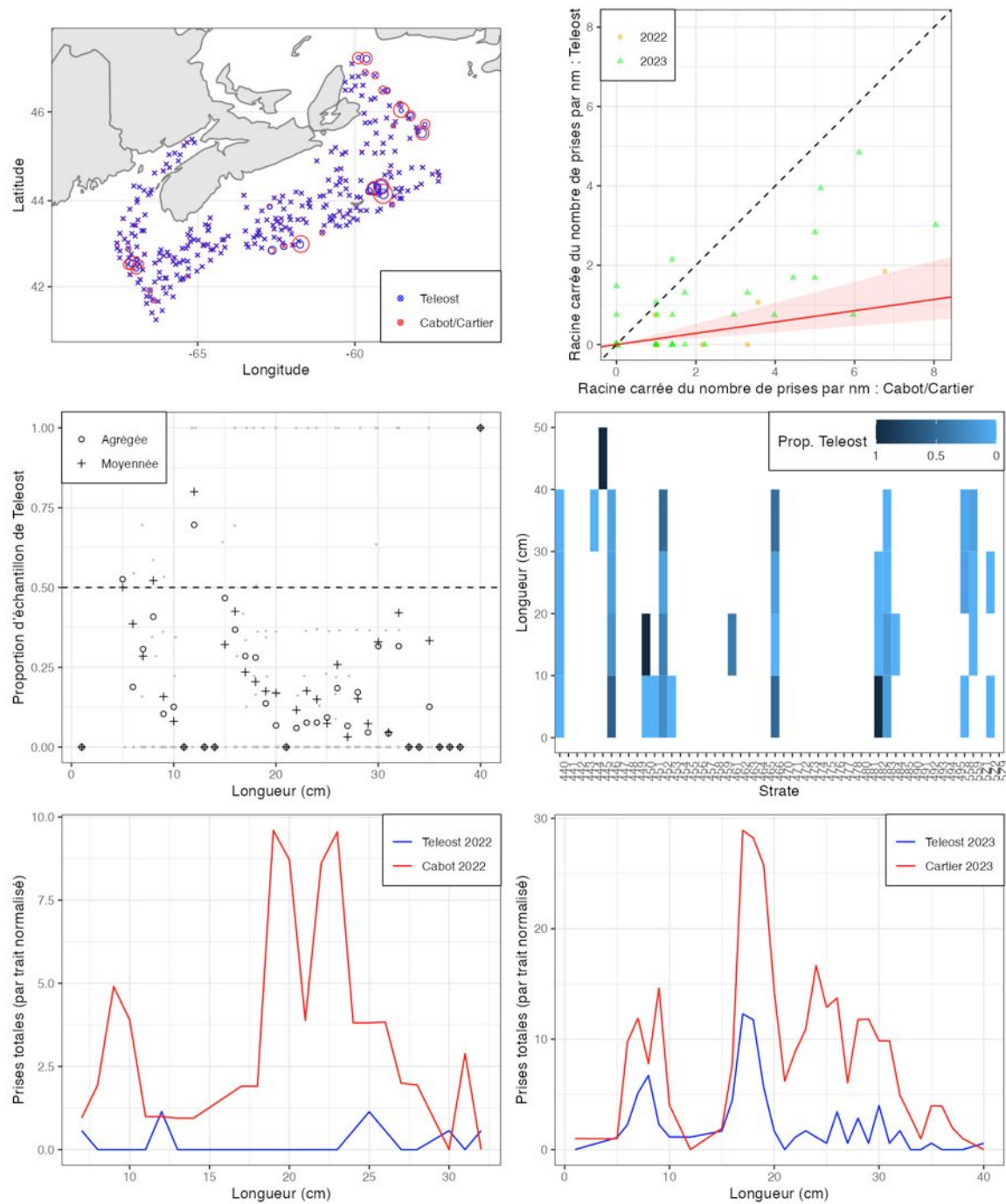


Figure 28a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Urophycis chesteri* (112).

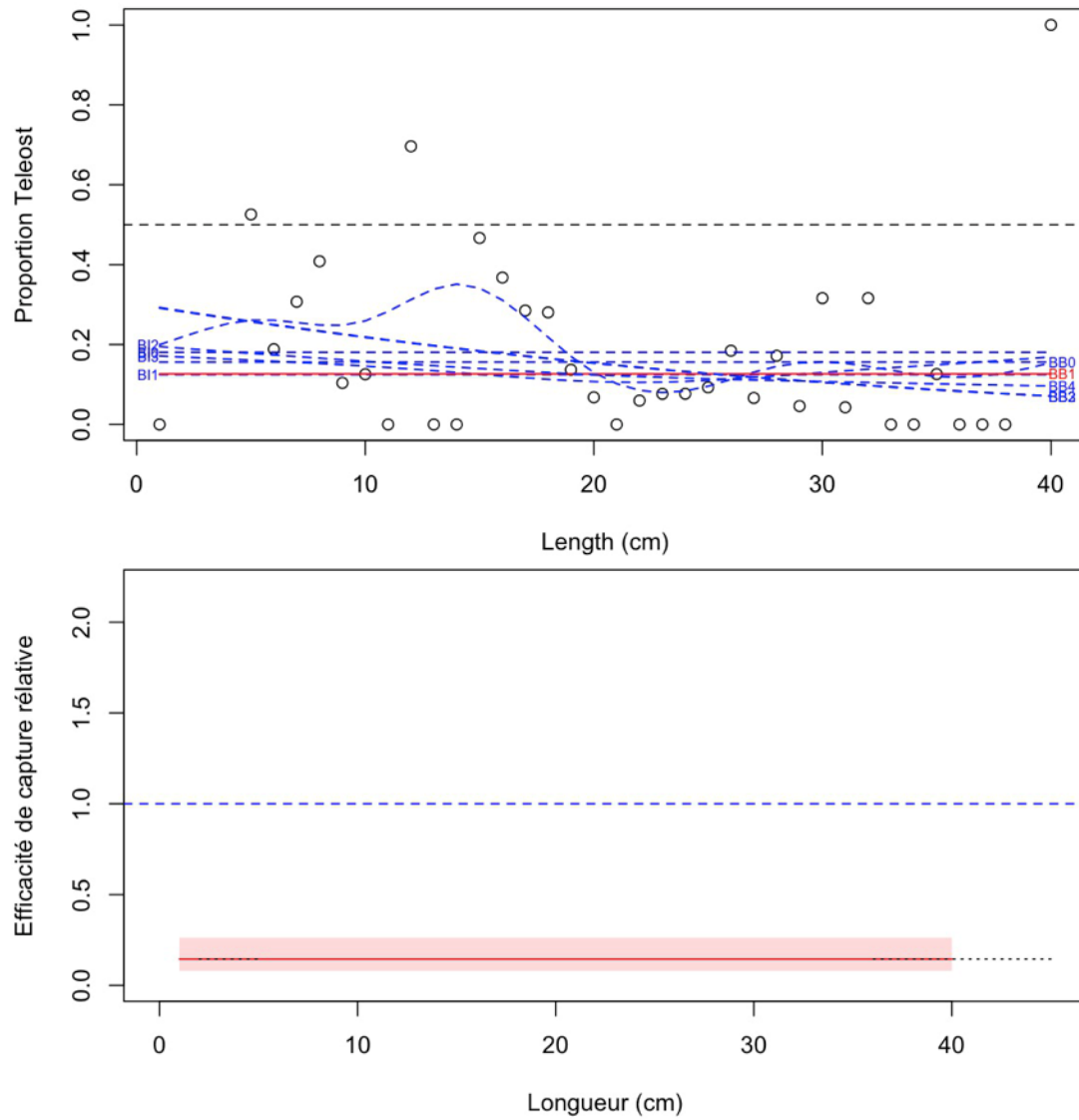


Figure 28b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Urophycis chesteri* (112).

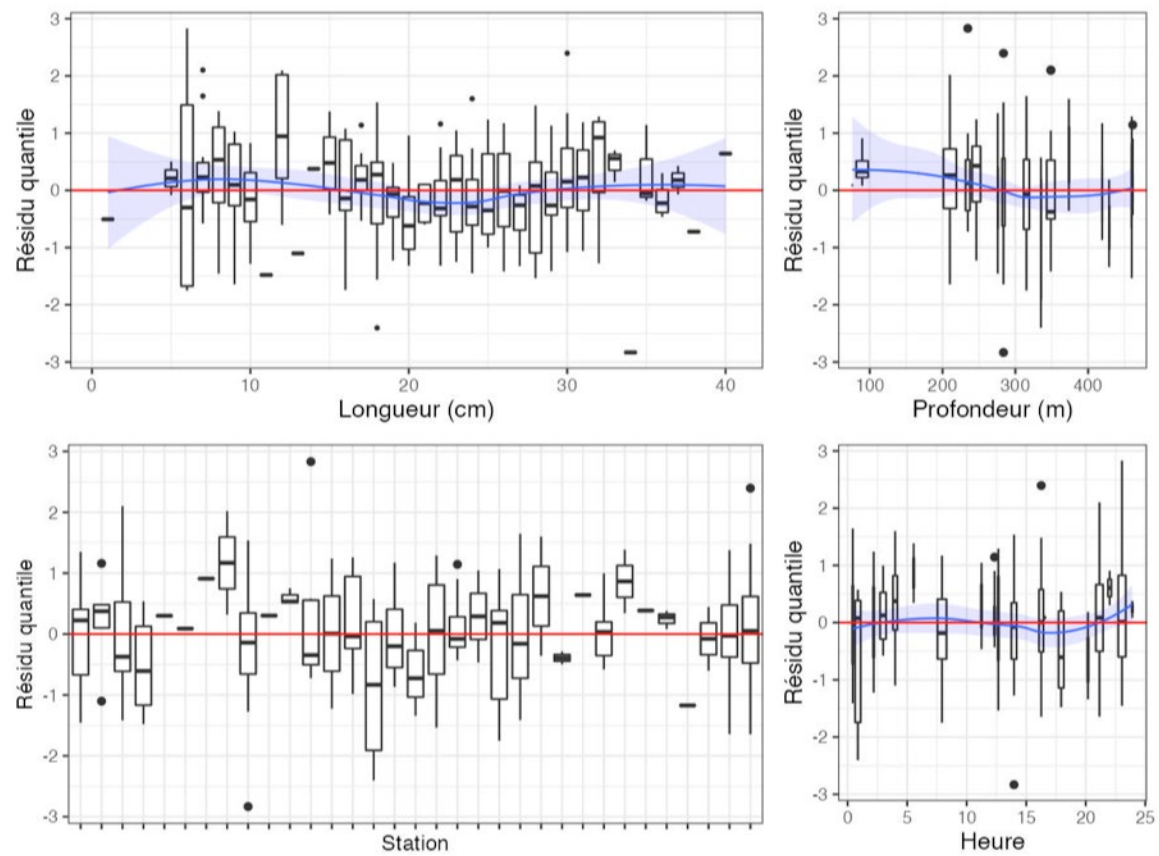


Figure 28c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Urophycis chesteri* (112).

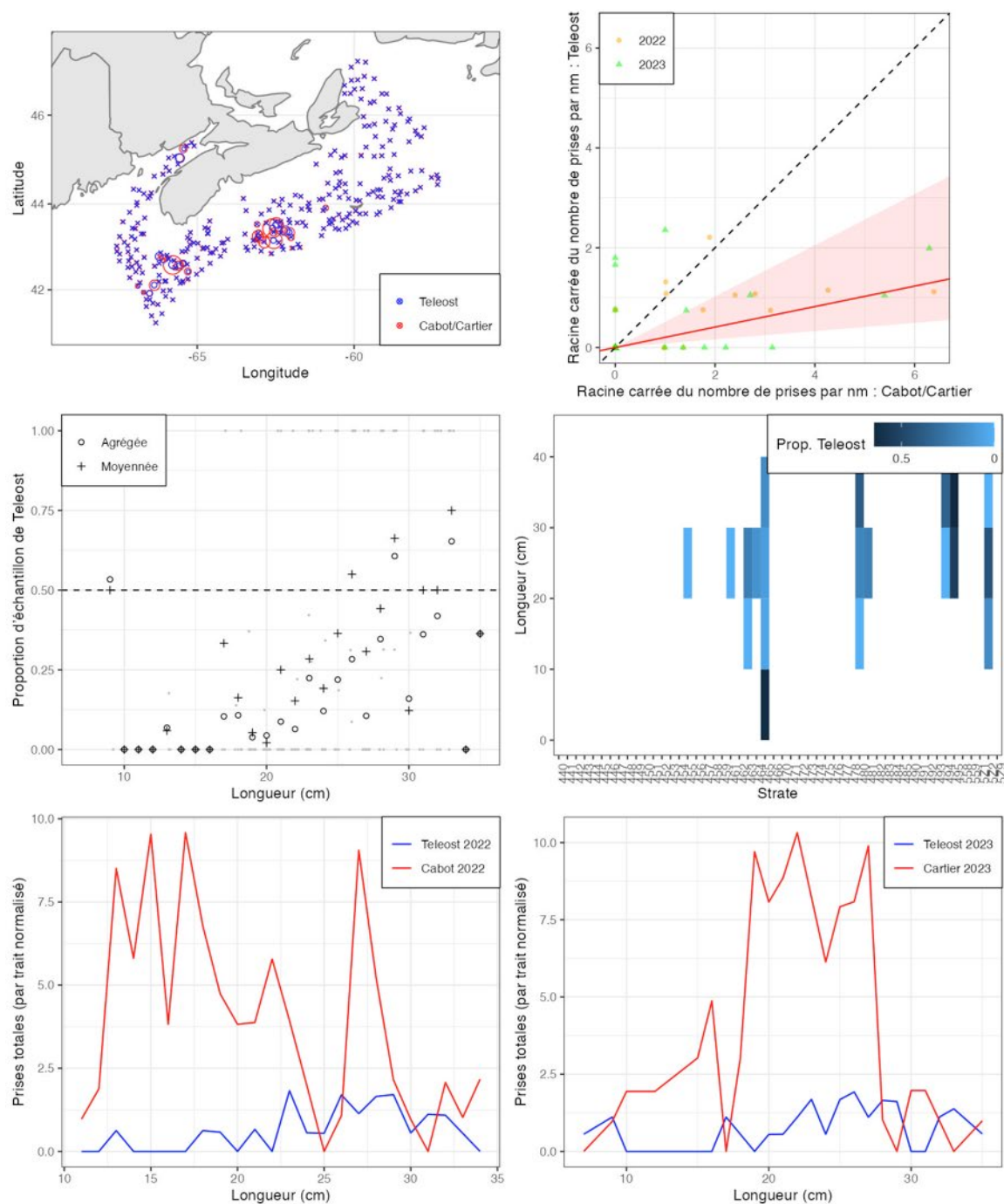


Figure 29a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Tautoglabrus adspersus* (122).

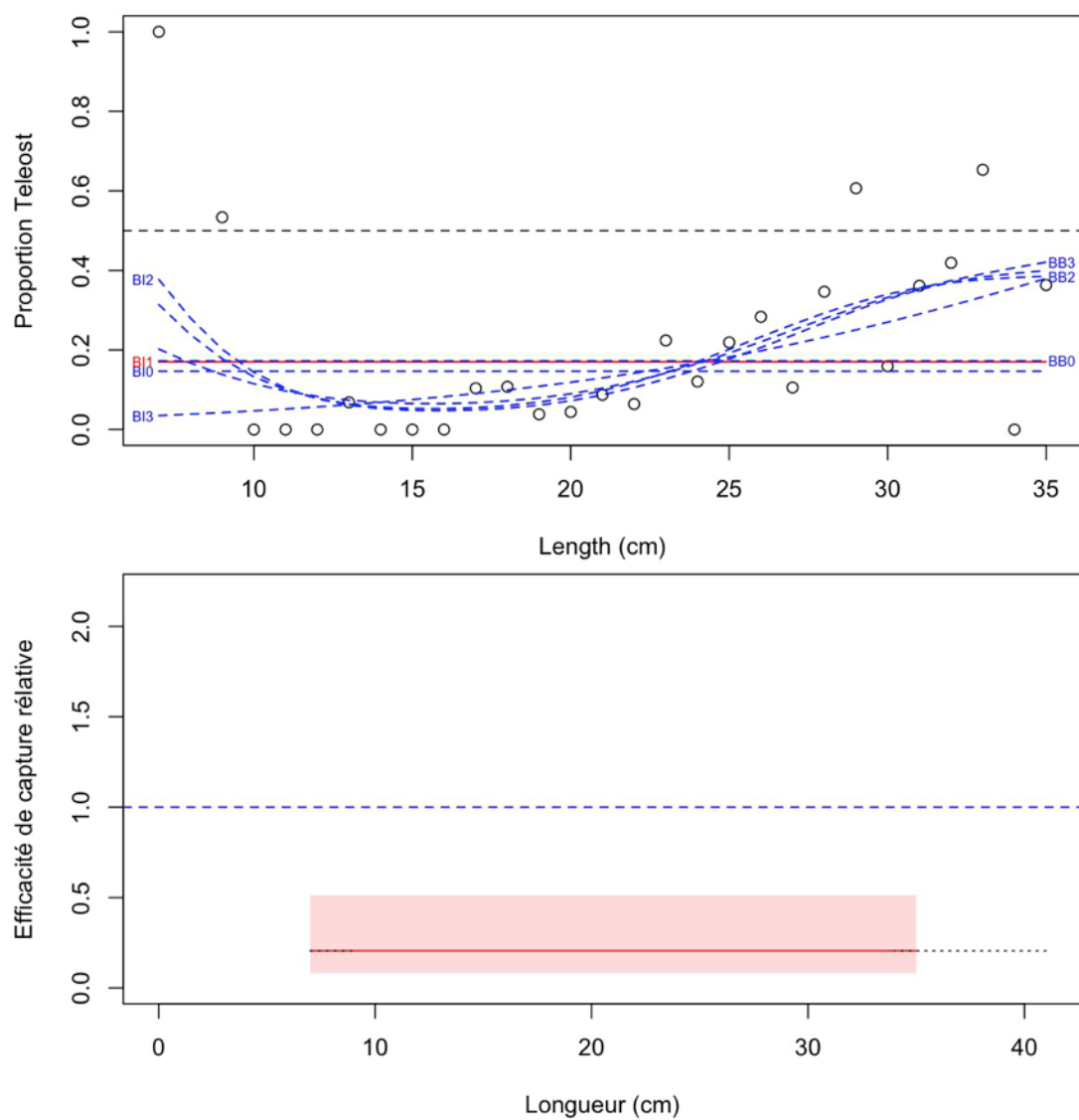


Figure 29b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Tautoglabrus adspersus* (122).

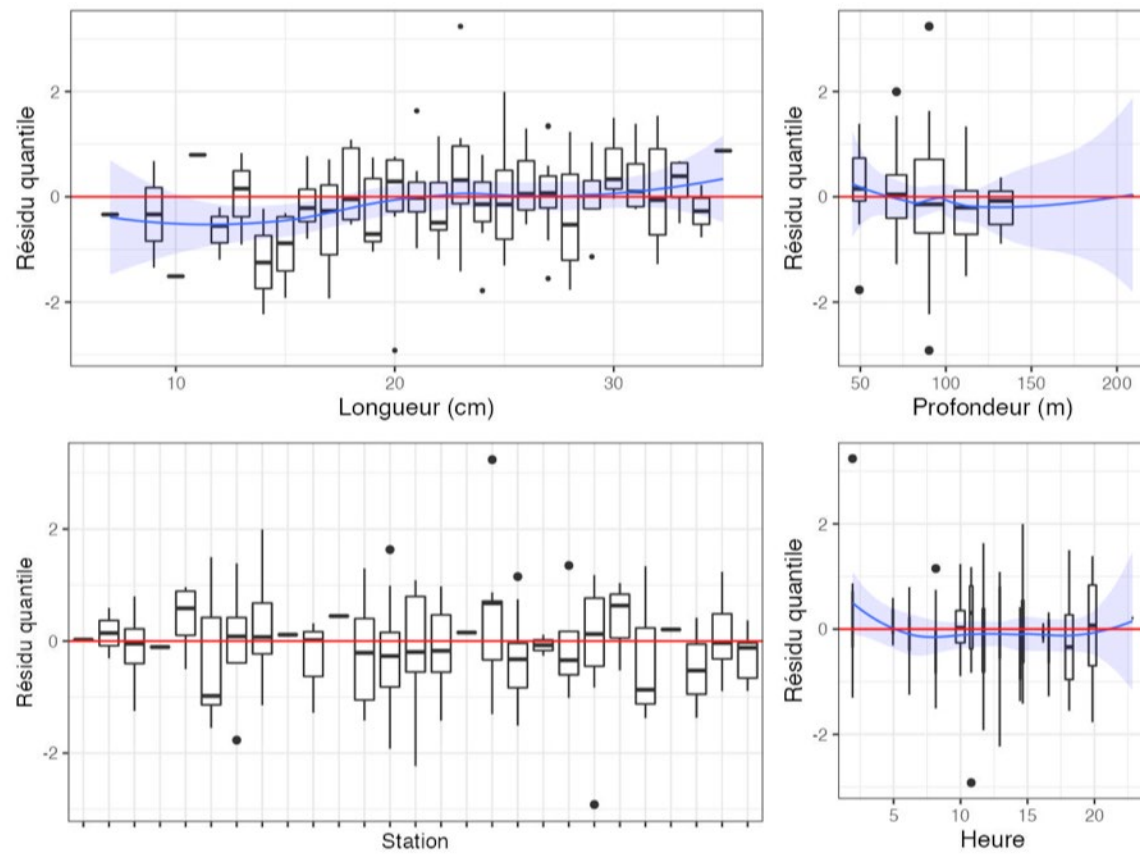


Figure 29c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Tautoglabrus adspersus* (122).

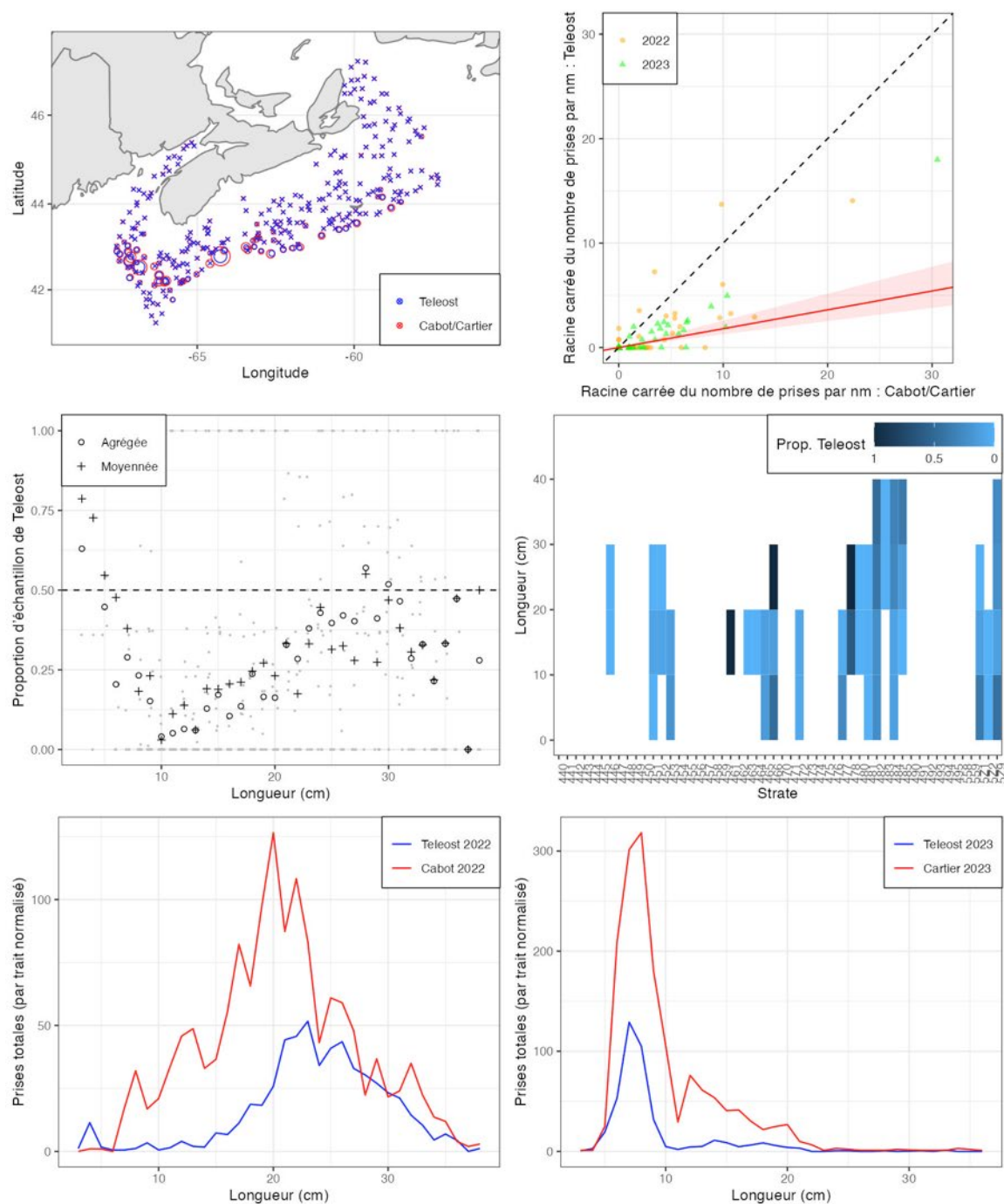


Figure 30a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Helicolenus dactylopterus* (123).

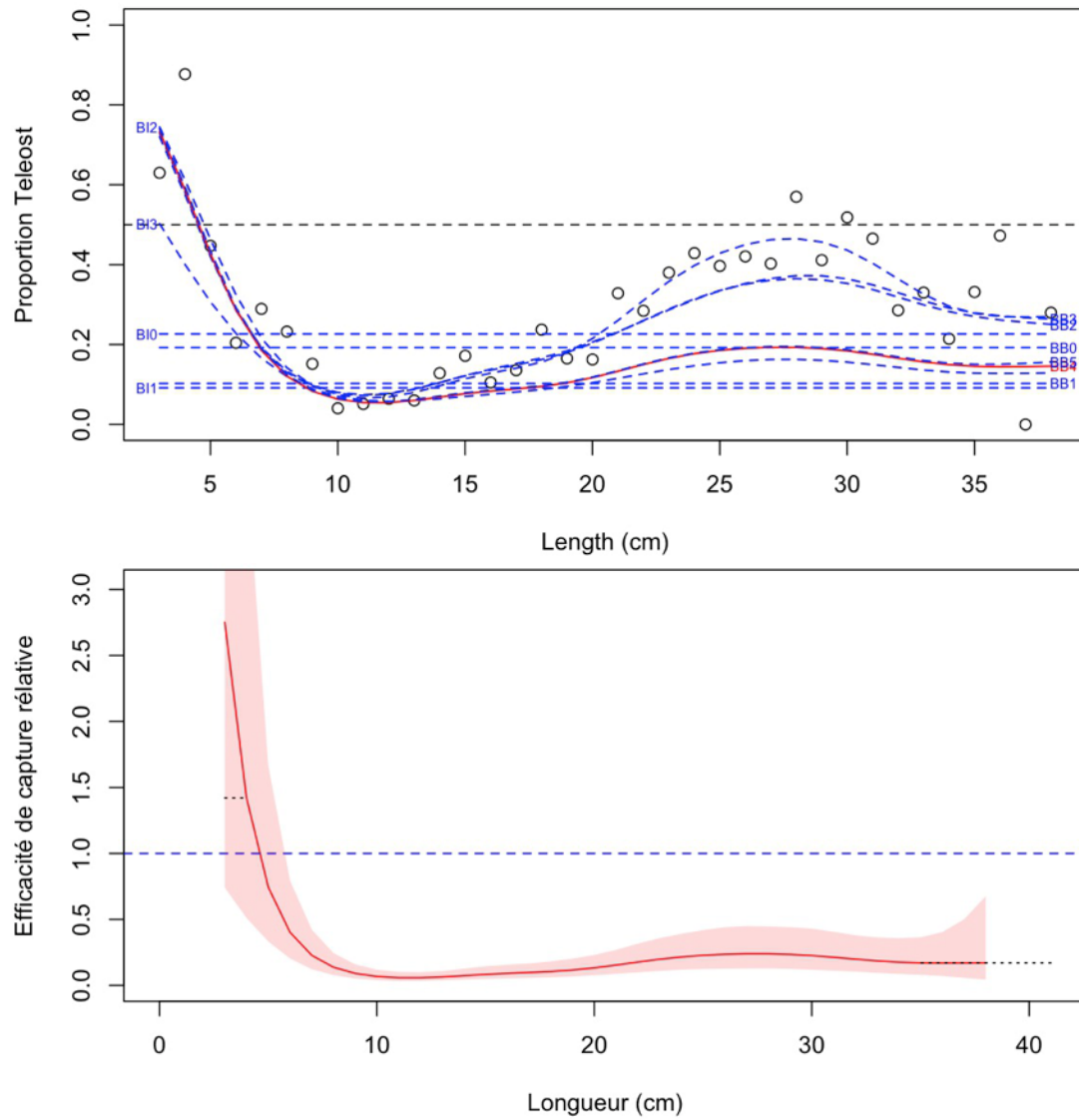


Figure 30b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Helicolenus dactylopterus* (123).

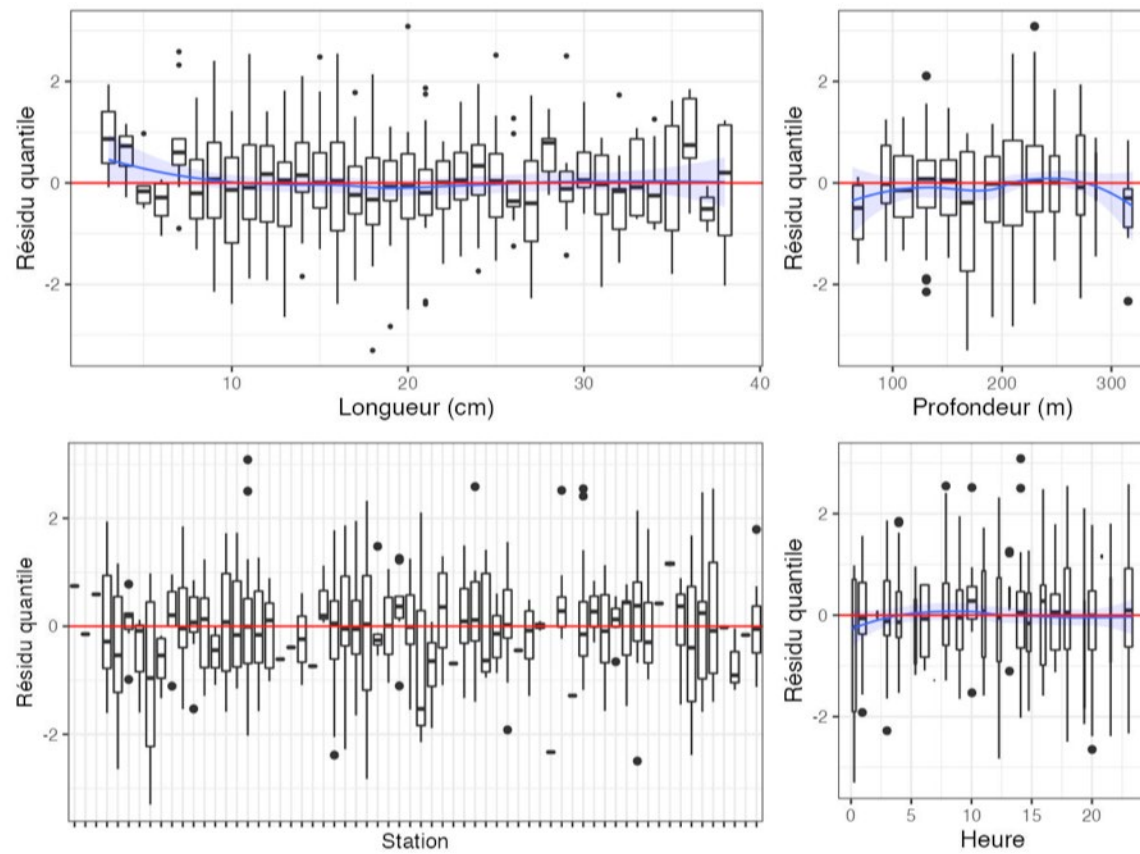


Figure 30c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Helicolenus dactylopterus* (123).

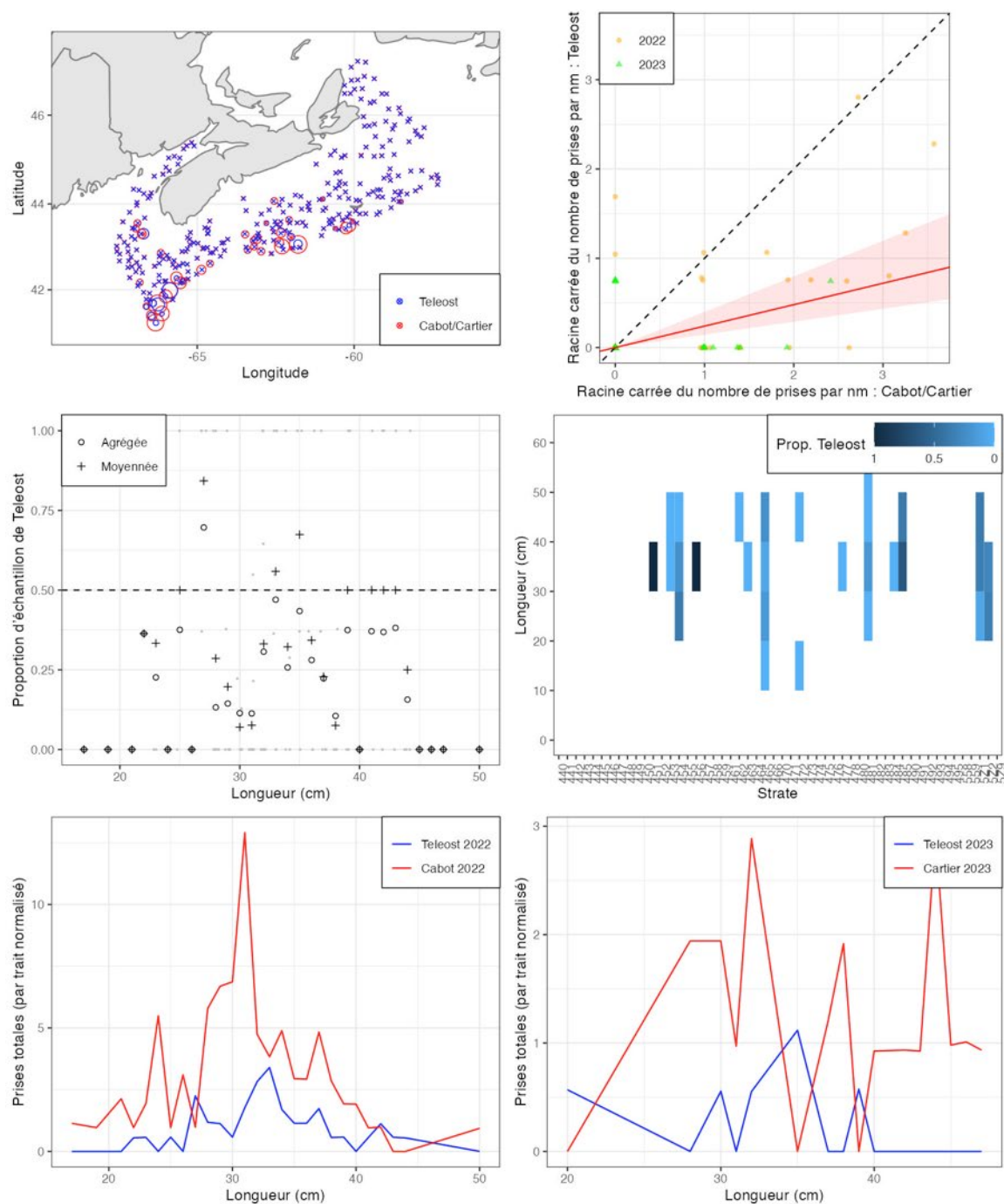


Figure 31a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippoglossina oblonga* (142).

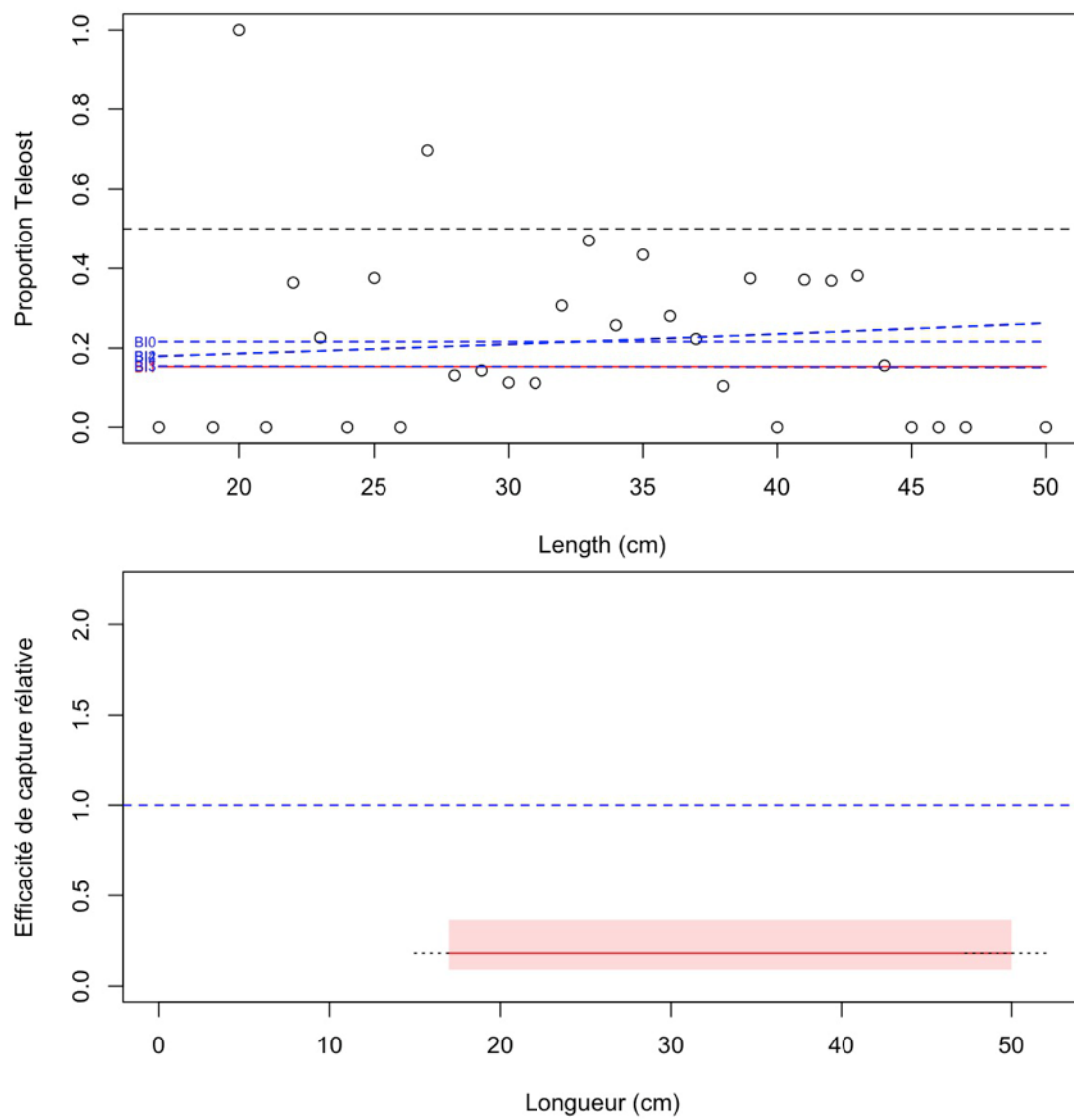


Figure 31b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hippoglossina oblonga* (142).

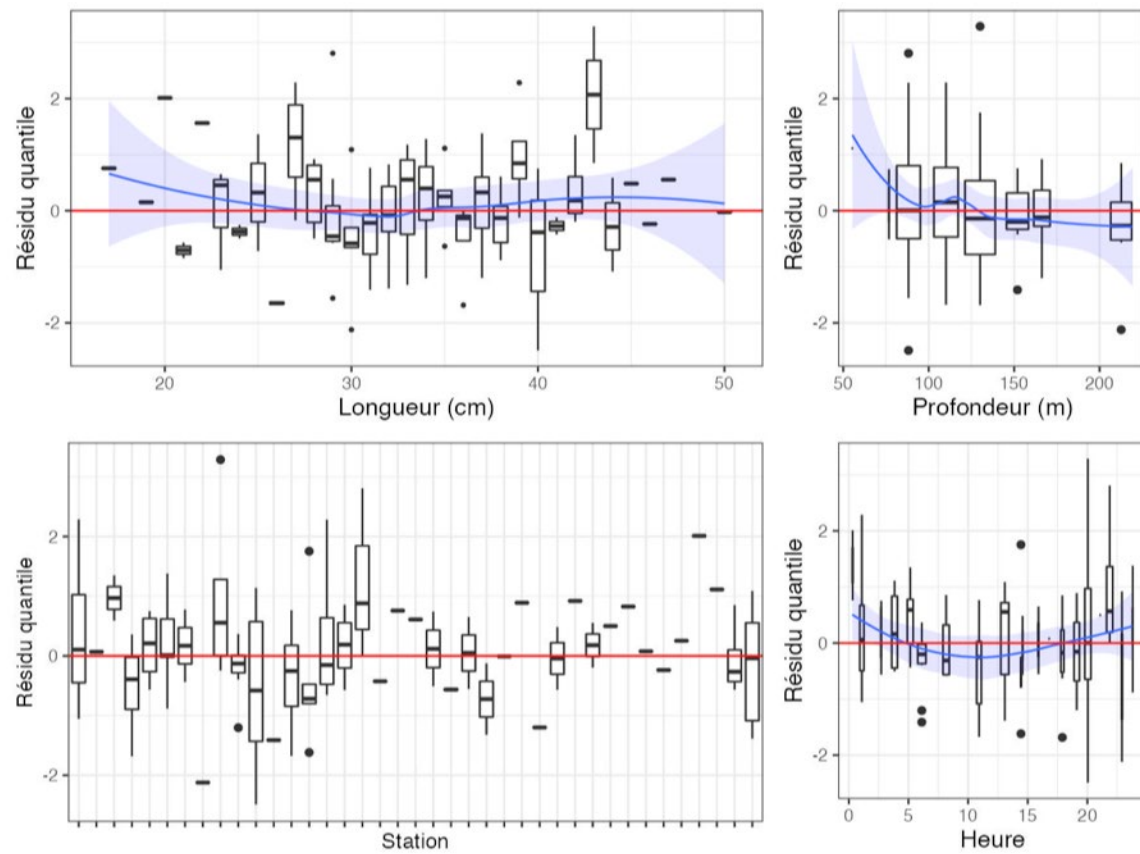


Figure 31c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hippoglossina oblonga* (142).

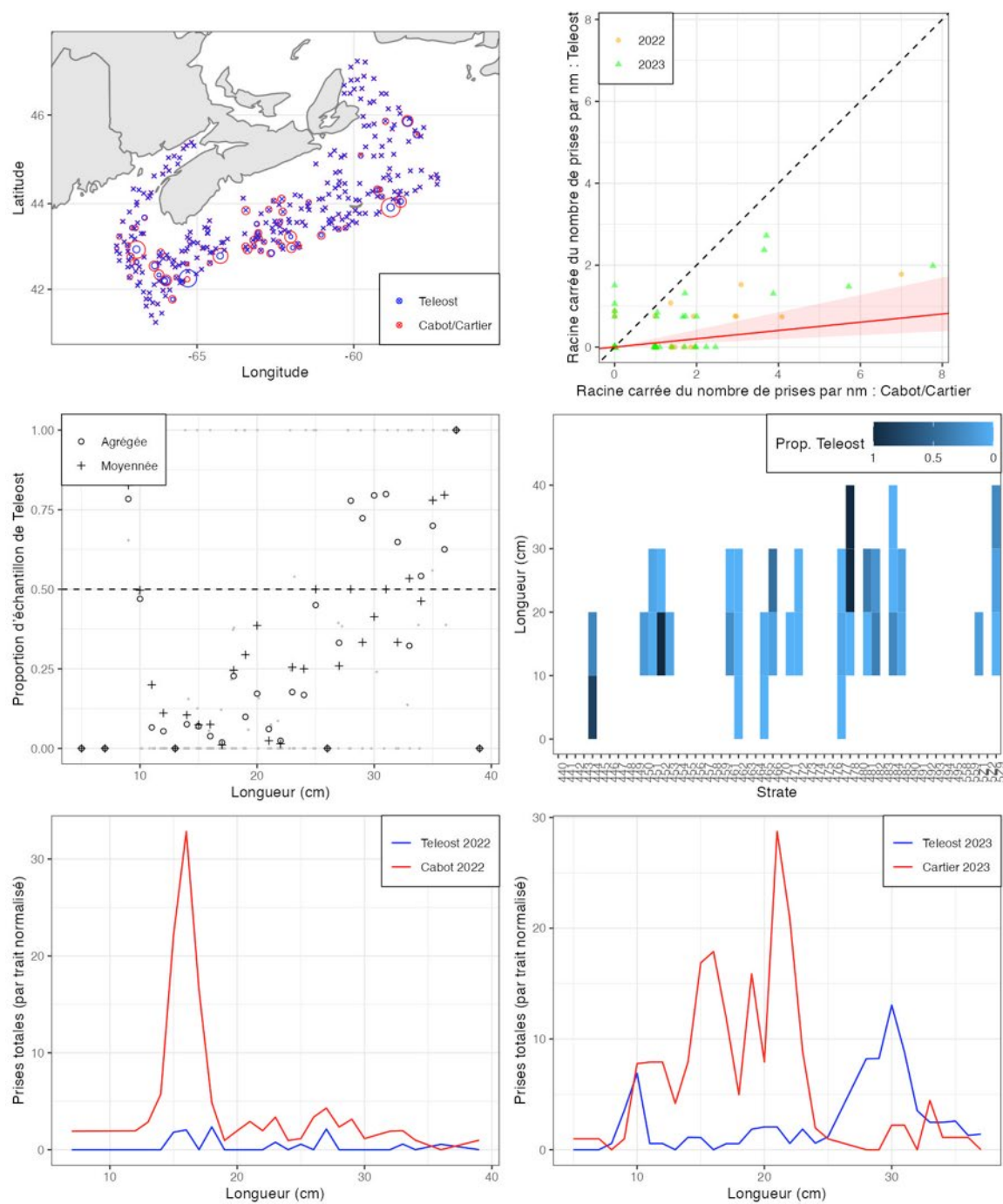


Figure 32a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Argentina silus* (160).

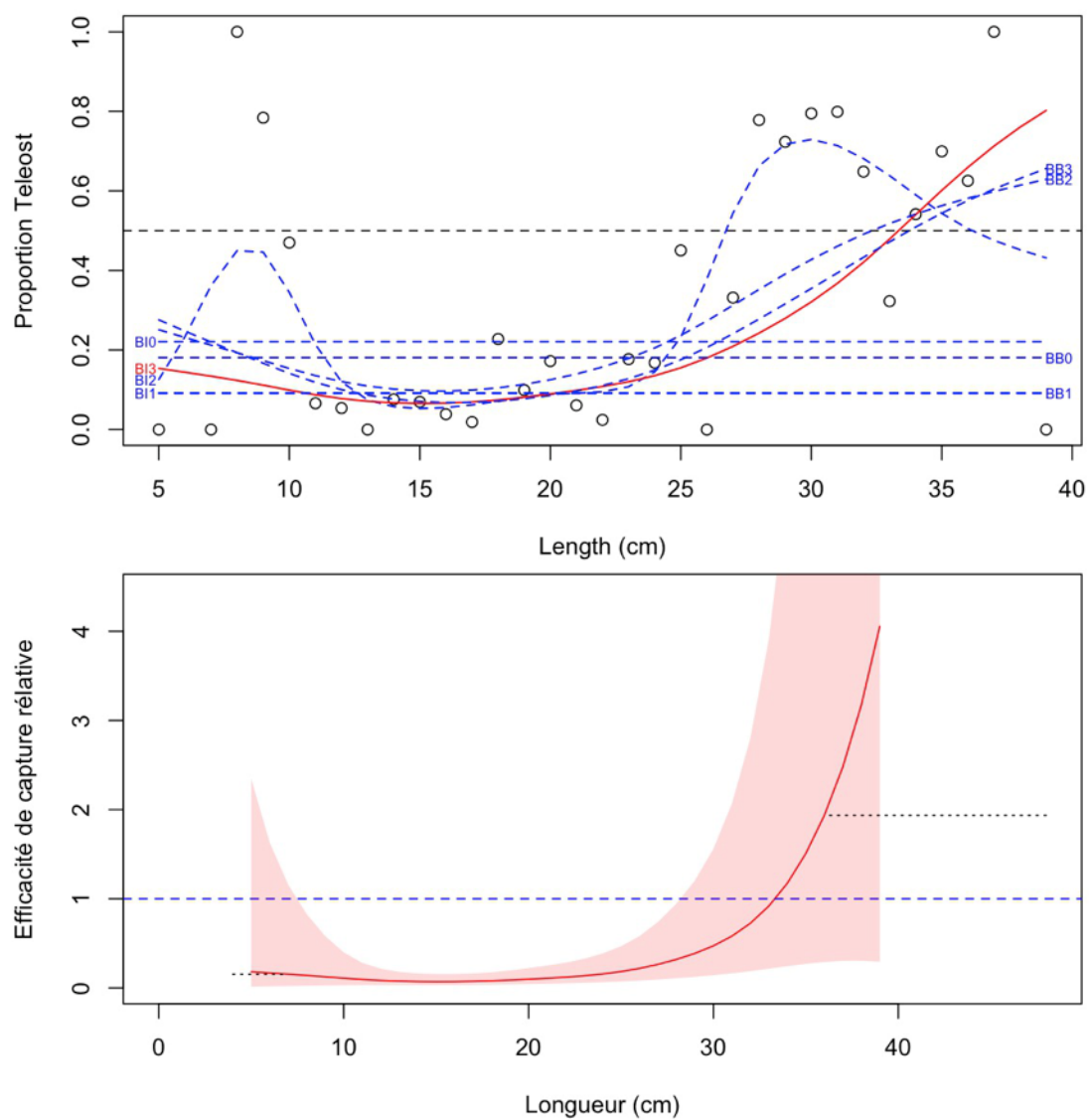


Figure 32b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Argentina silus* (160).

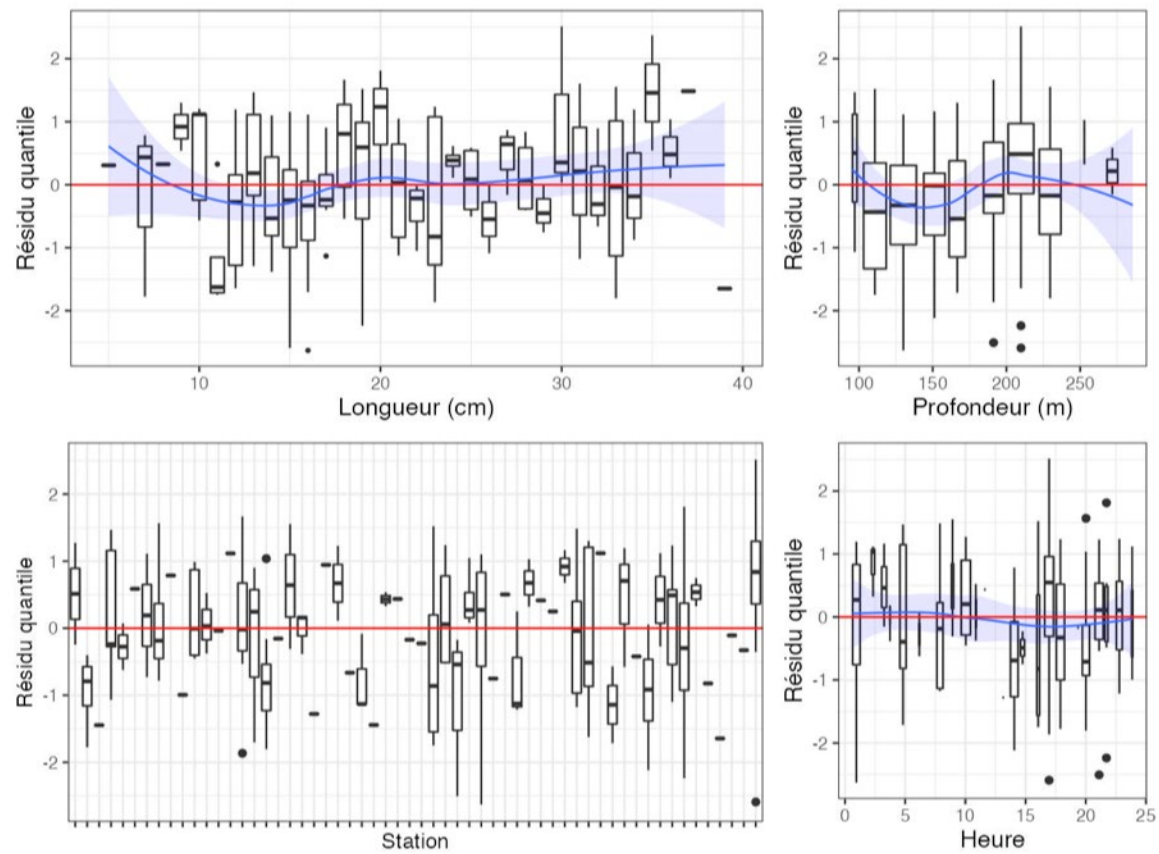


Figure 32c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Argentina silus* (160).

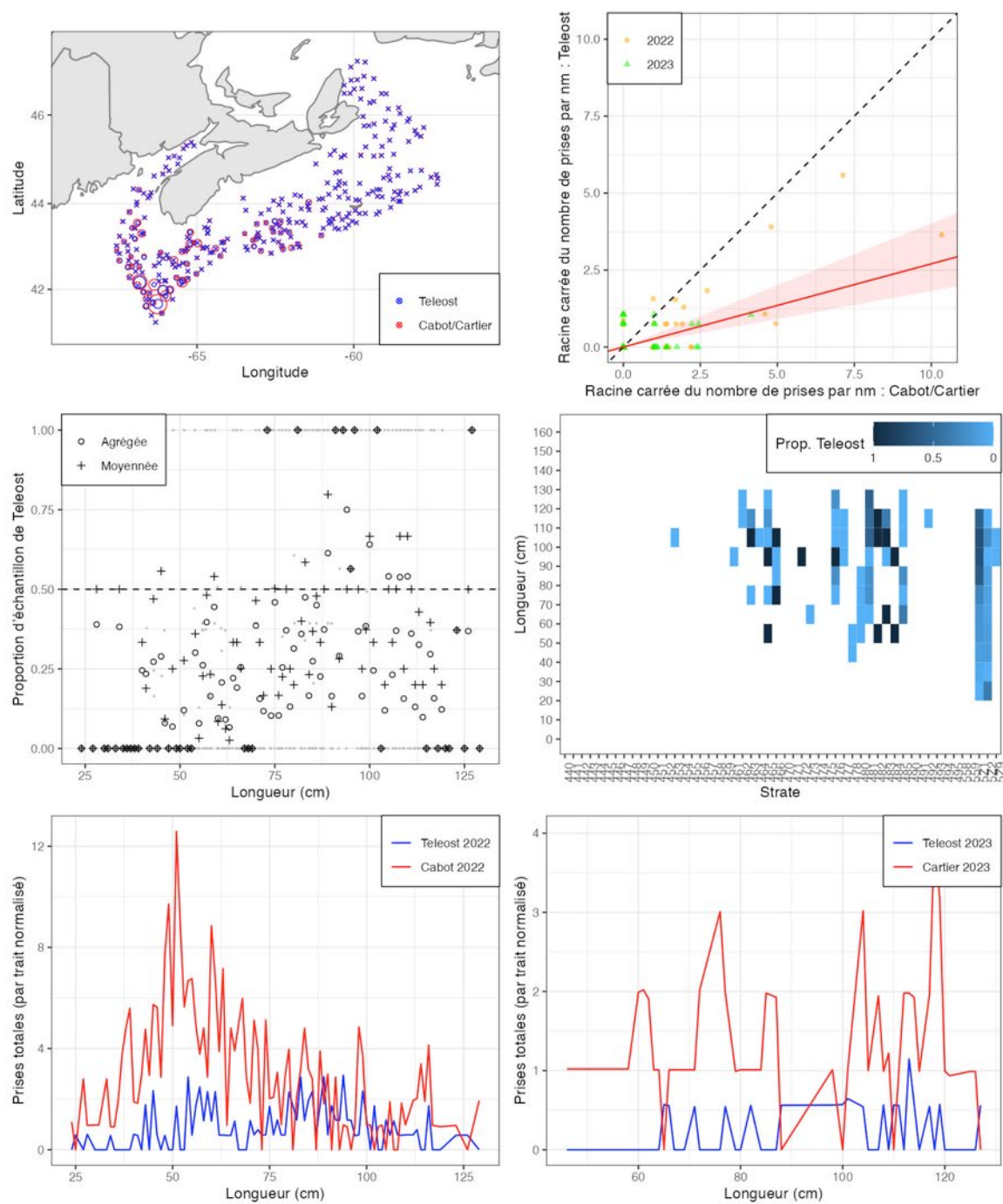


Figure 33a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Dipturus laevis* (200).

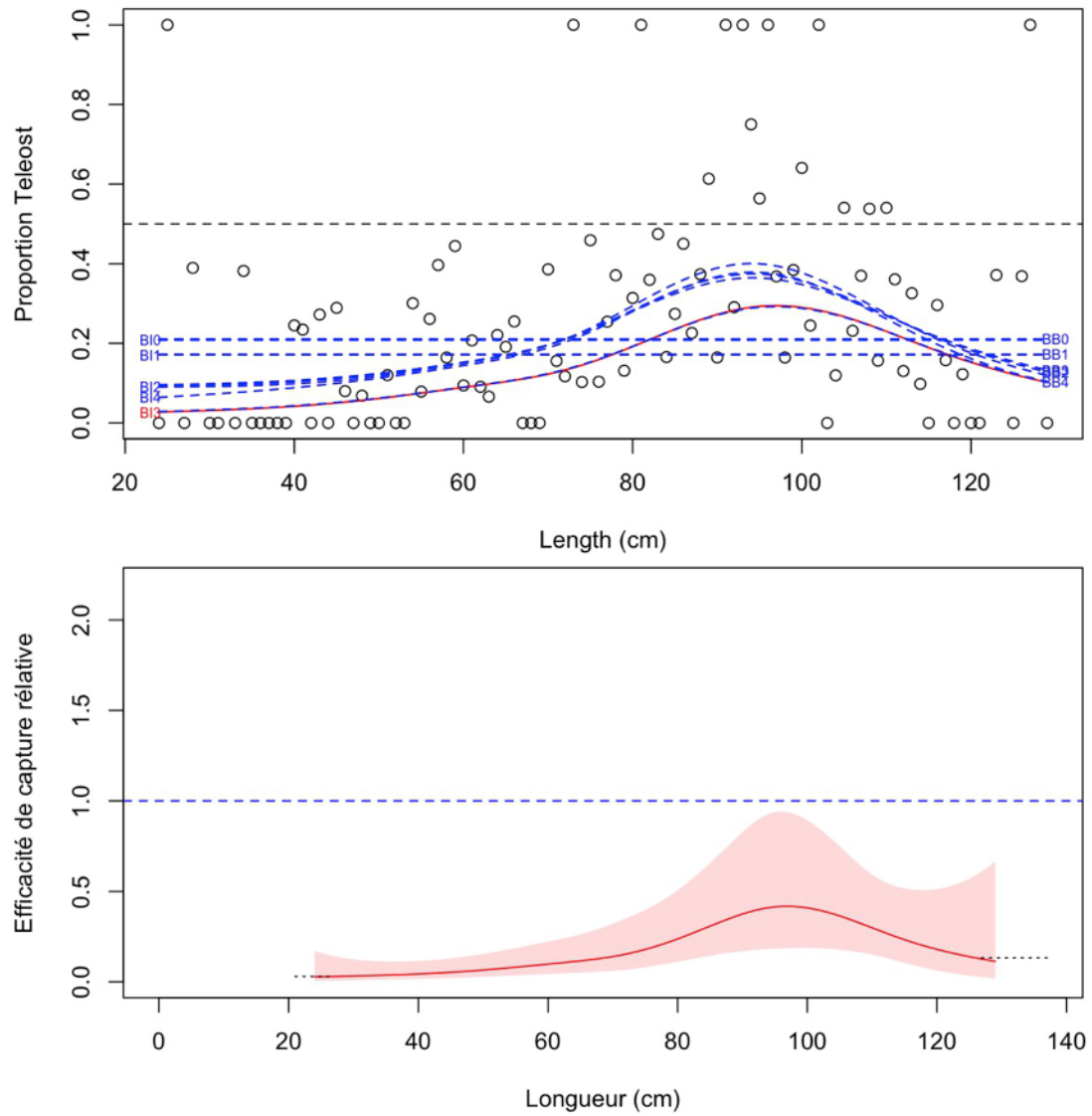


Figure 33b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Dipturus laevis* (200).

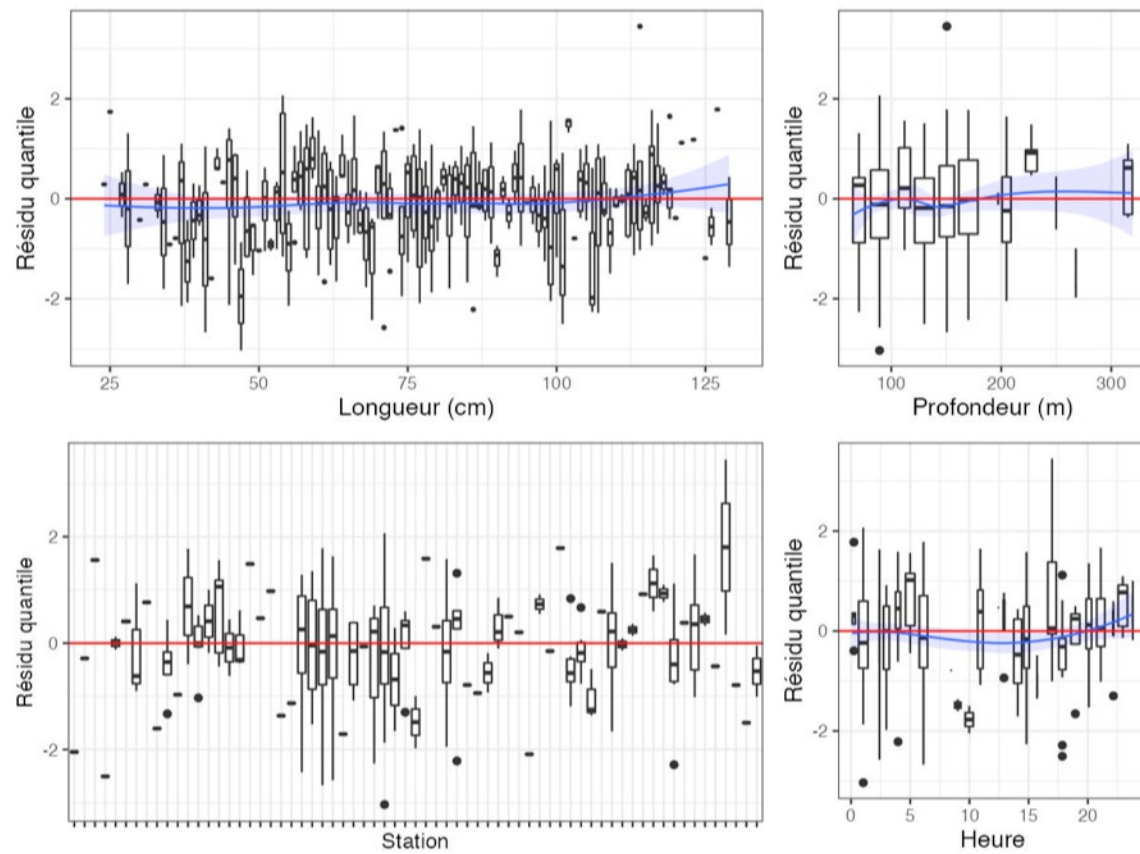


Figure 33c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Dipturus laevis* (200).

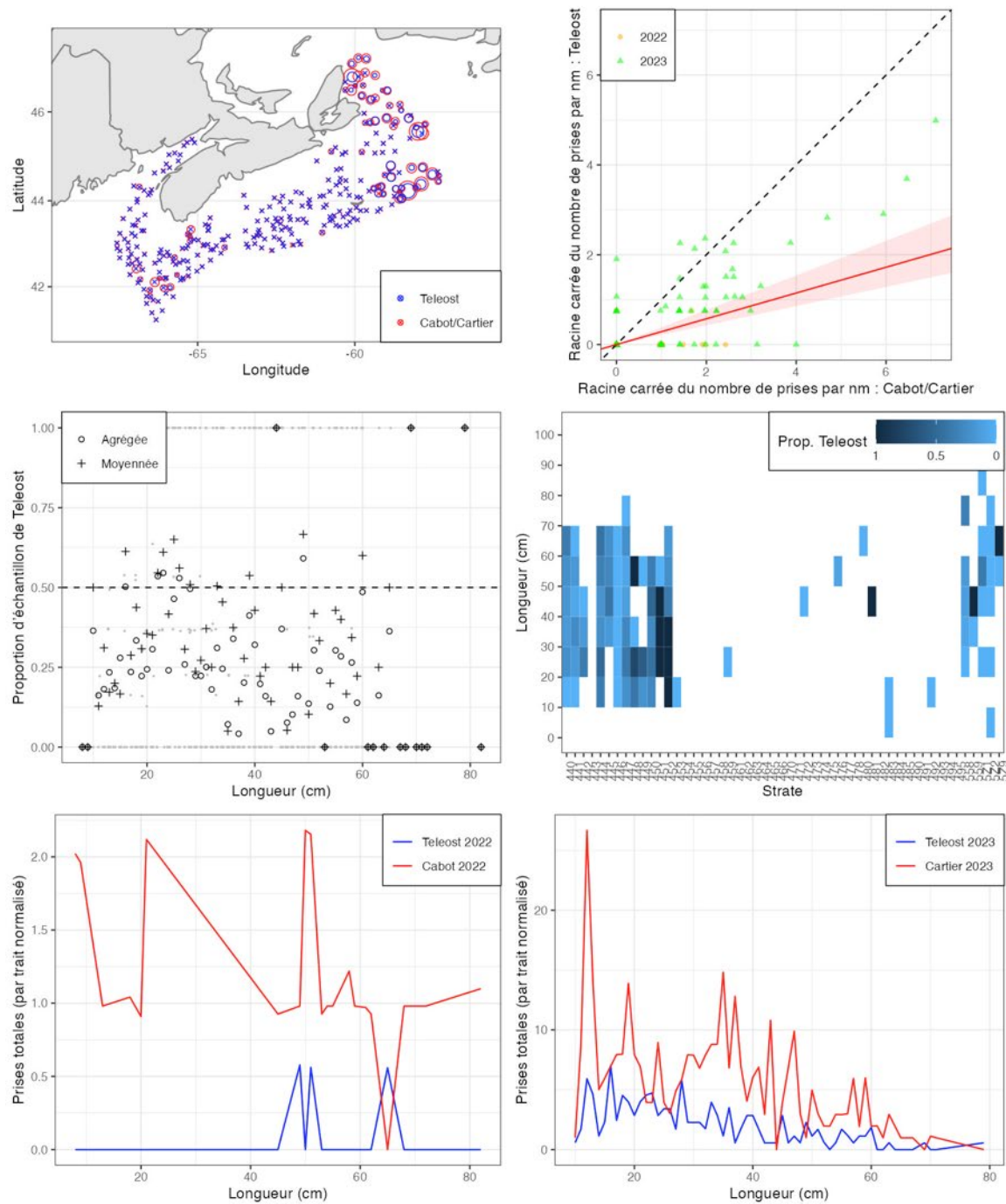


Figure 34a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Amblyraja radiata* (201).

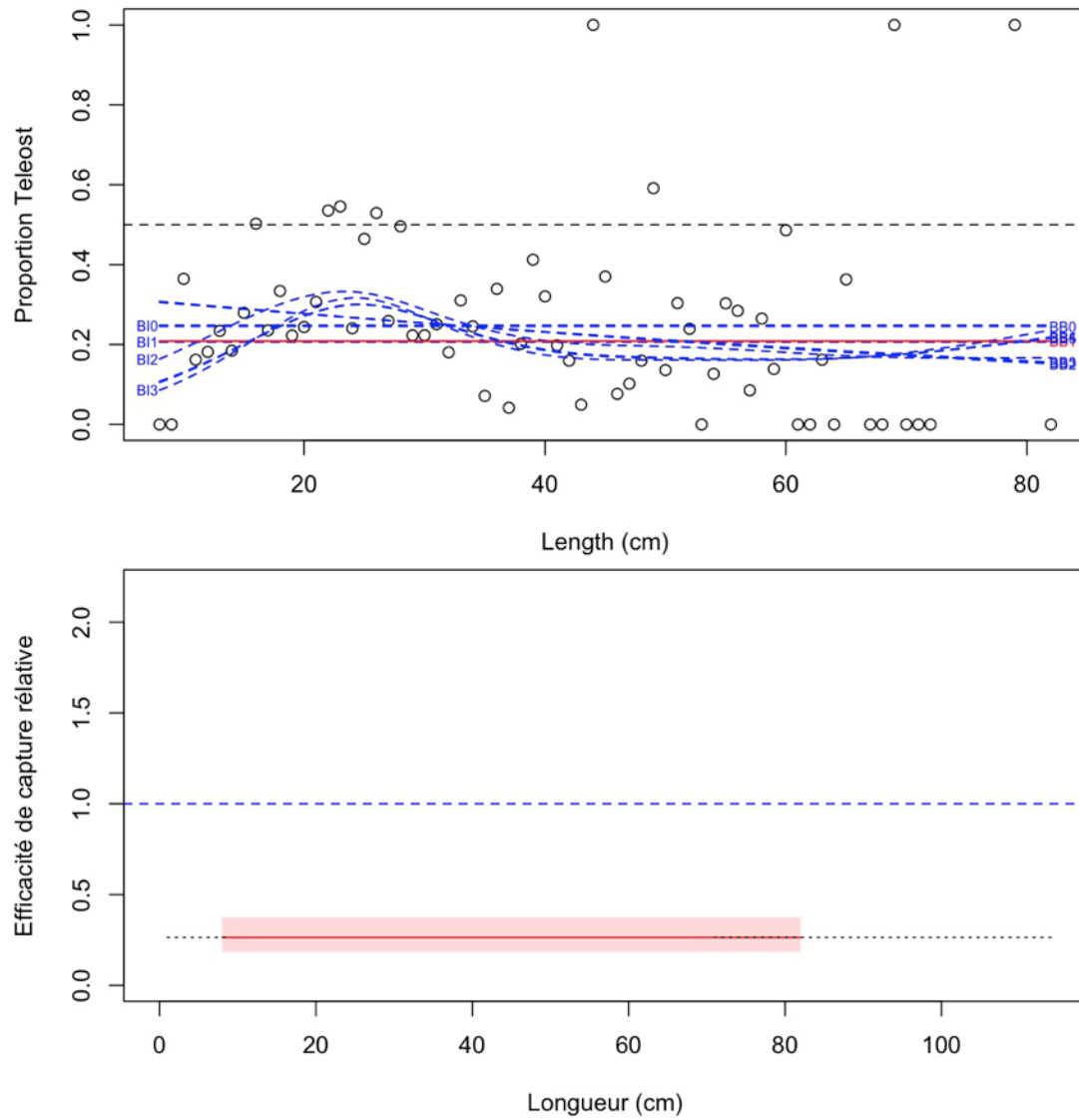


Figure 34b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Amblyraja radiata* (201).

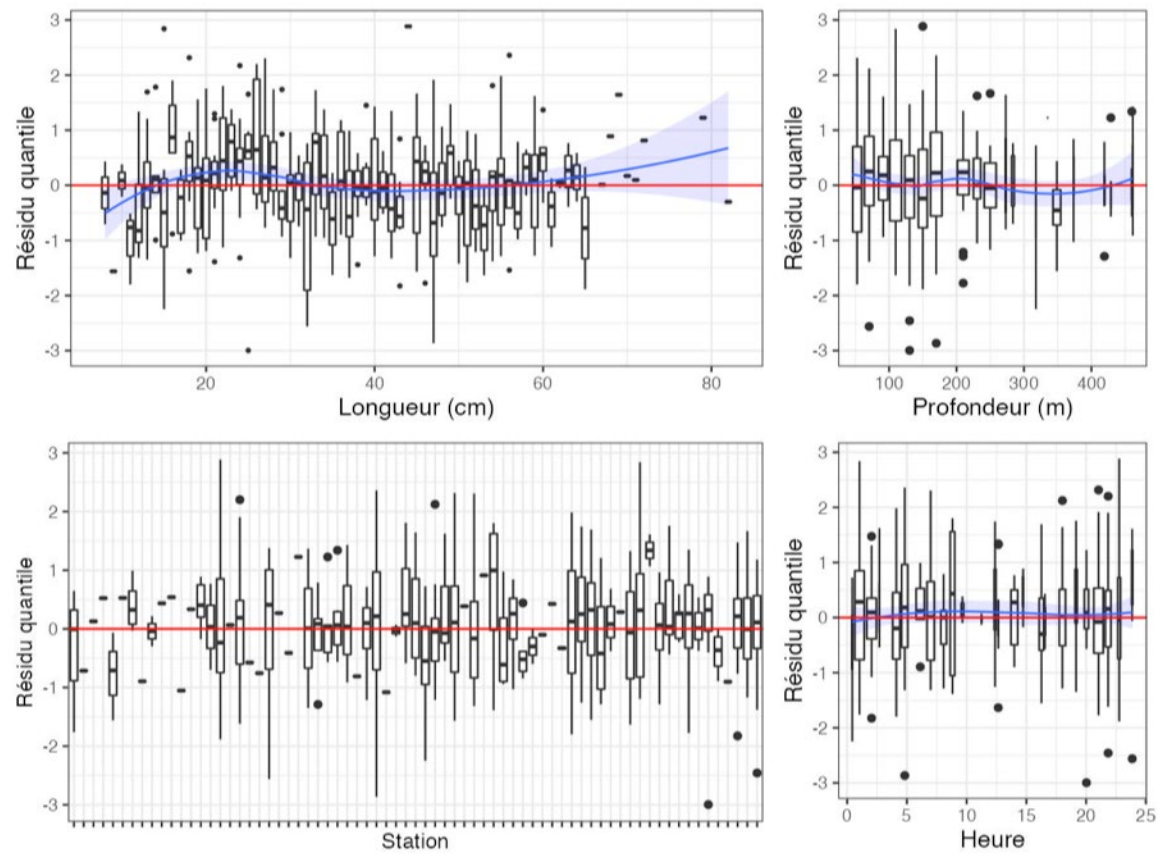


Figure 34c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Amblyraja radiata* (201).

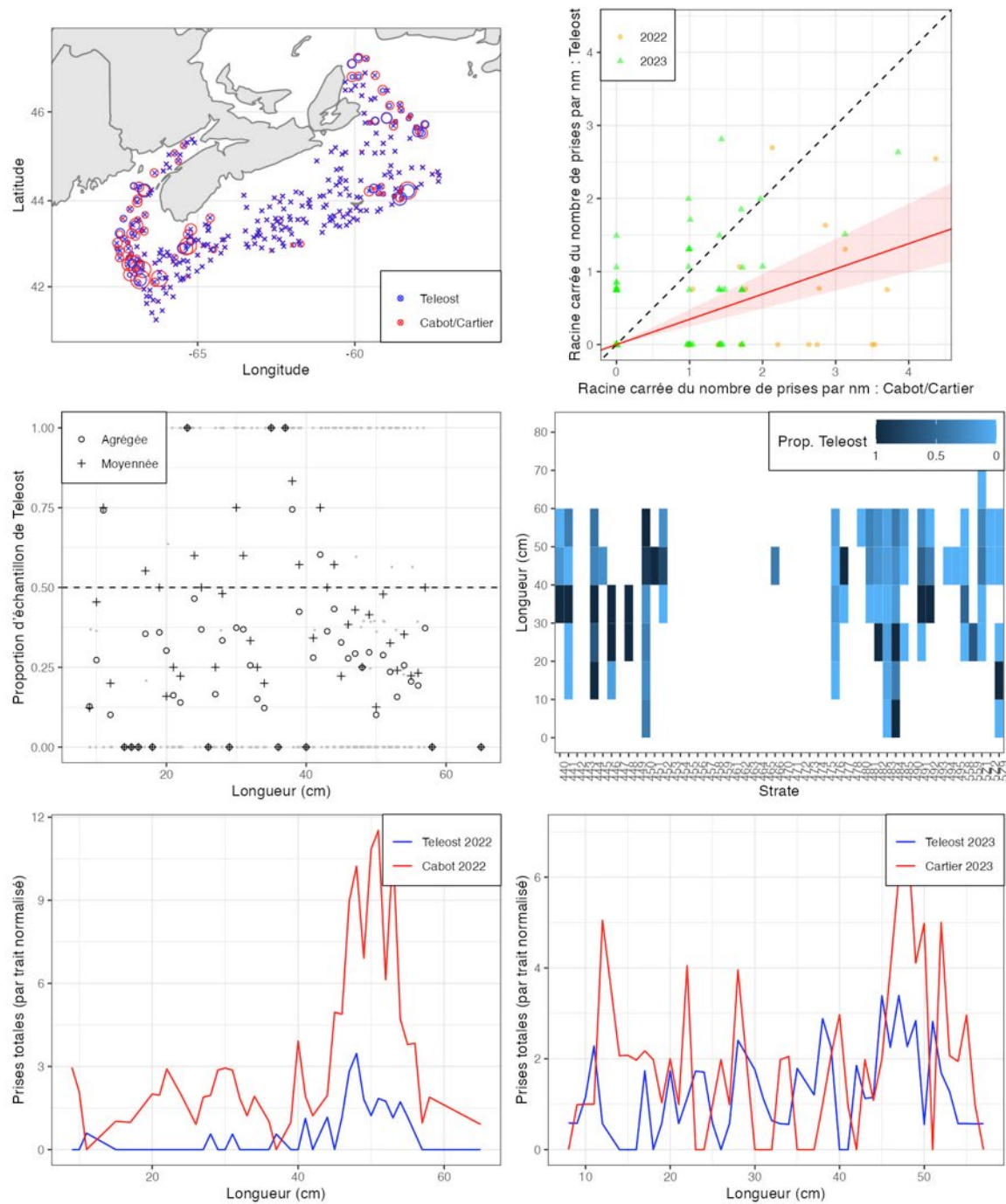


Figure 35a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Malacoraja senta* (202).

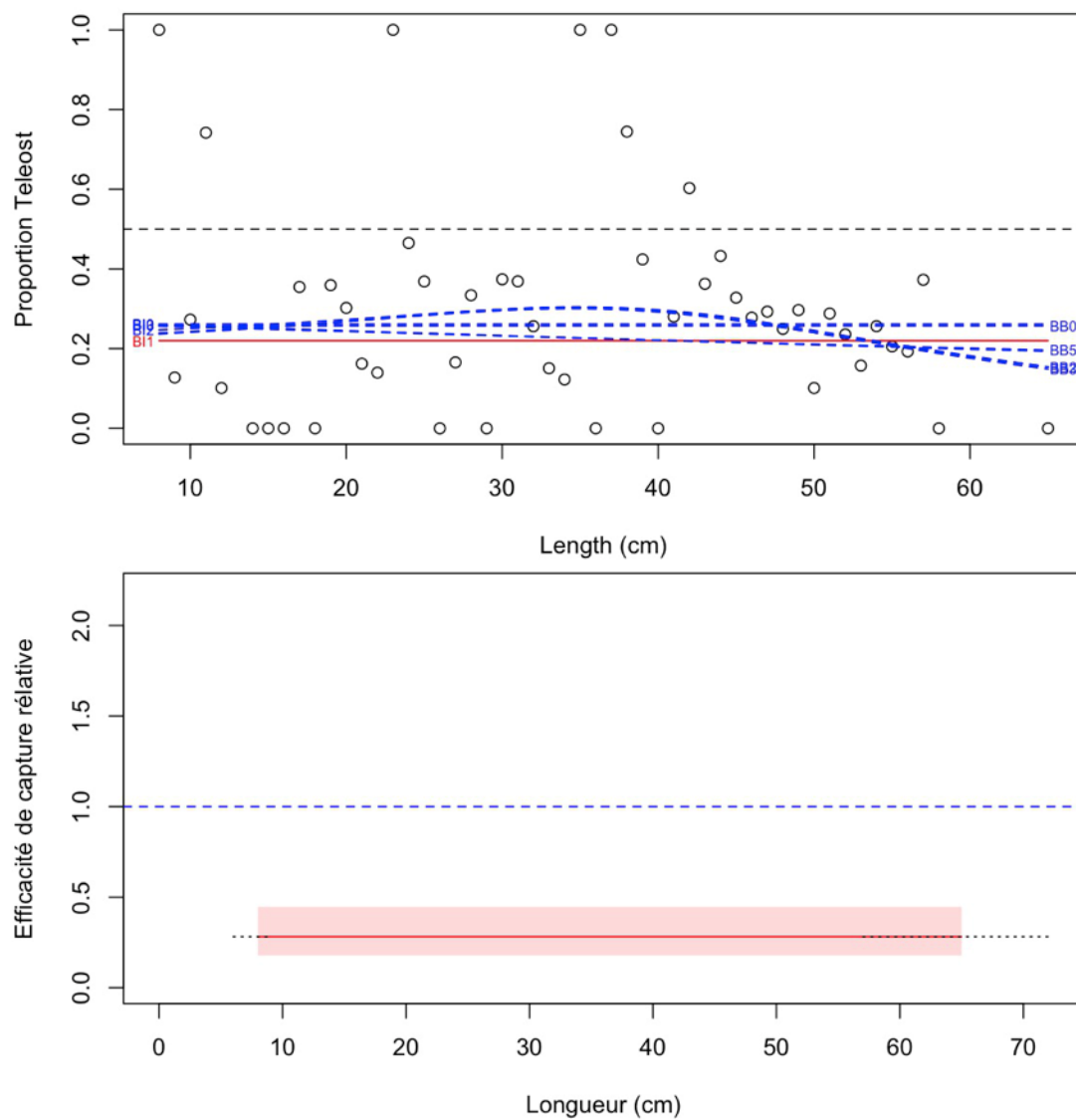


Figure 35b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Malacoraja senta* (202).

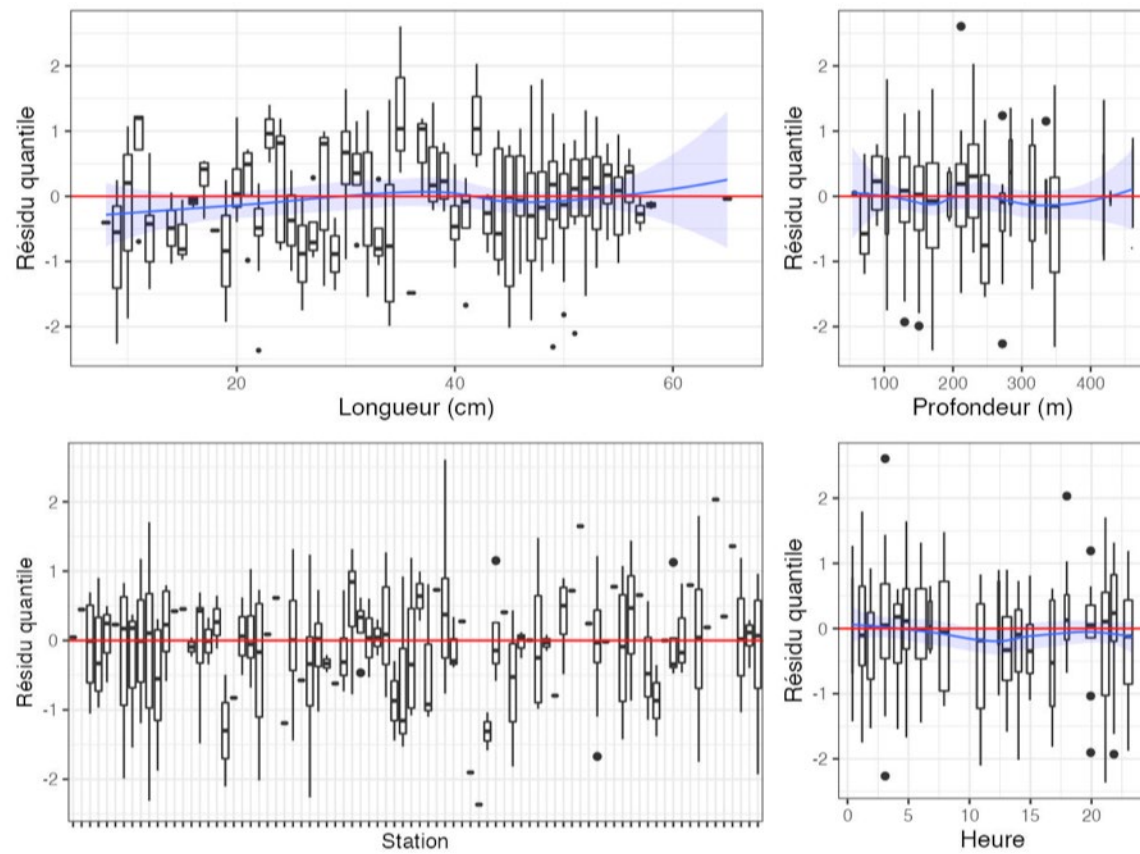


Figure 35c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Malacoraja senta* (202).

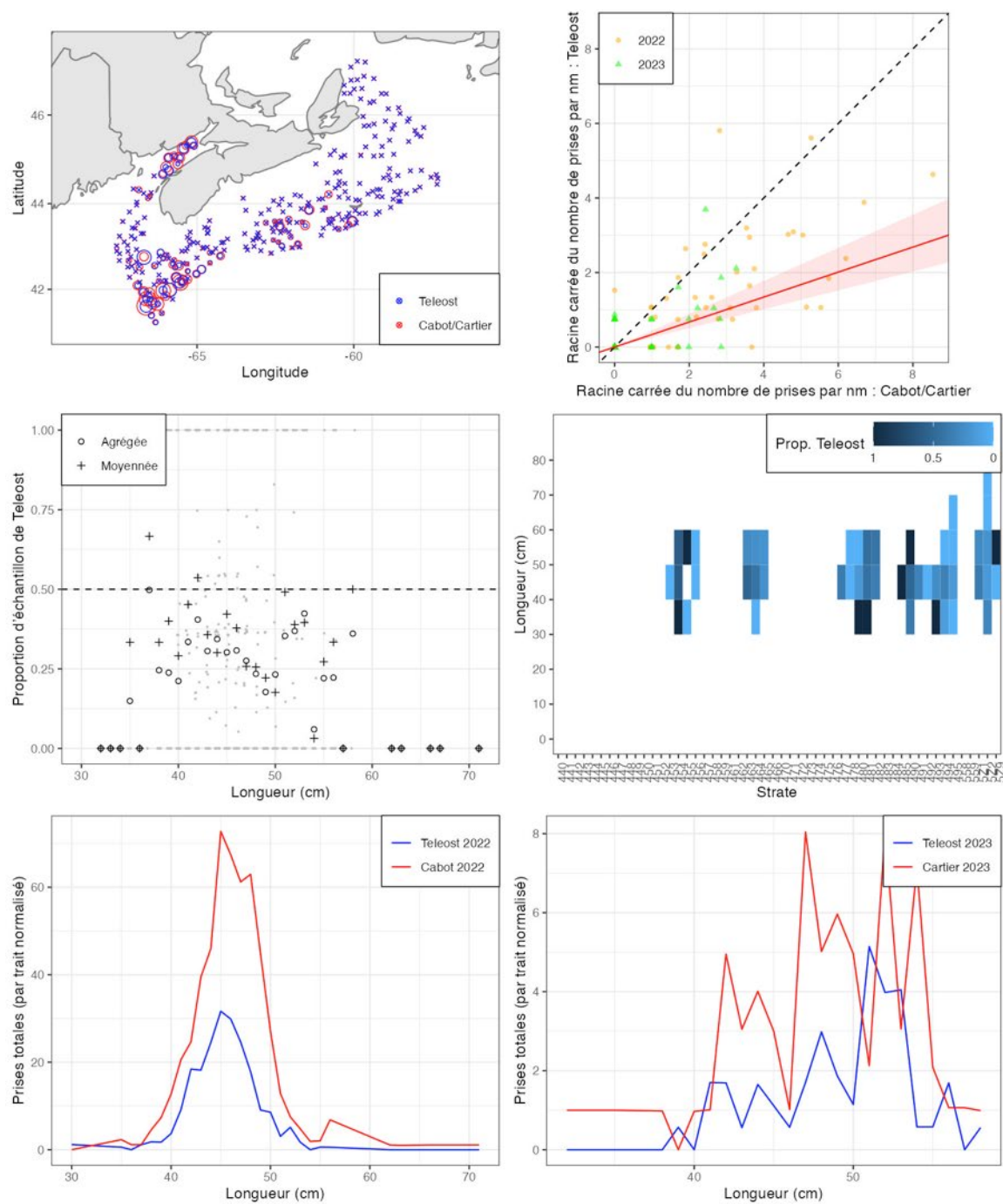


Figure 36a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Leucoraja erinacea* (203).

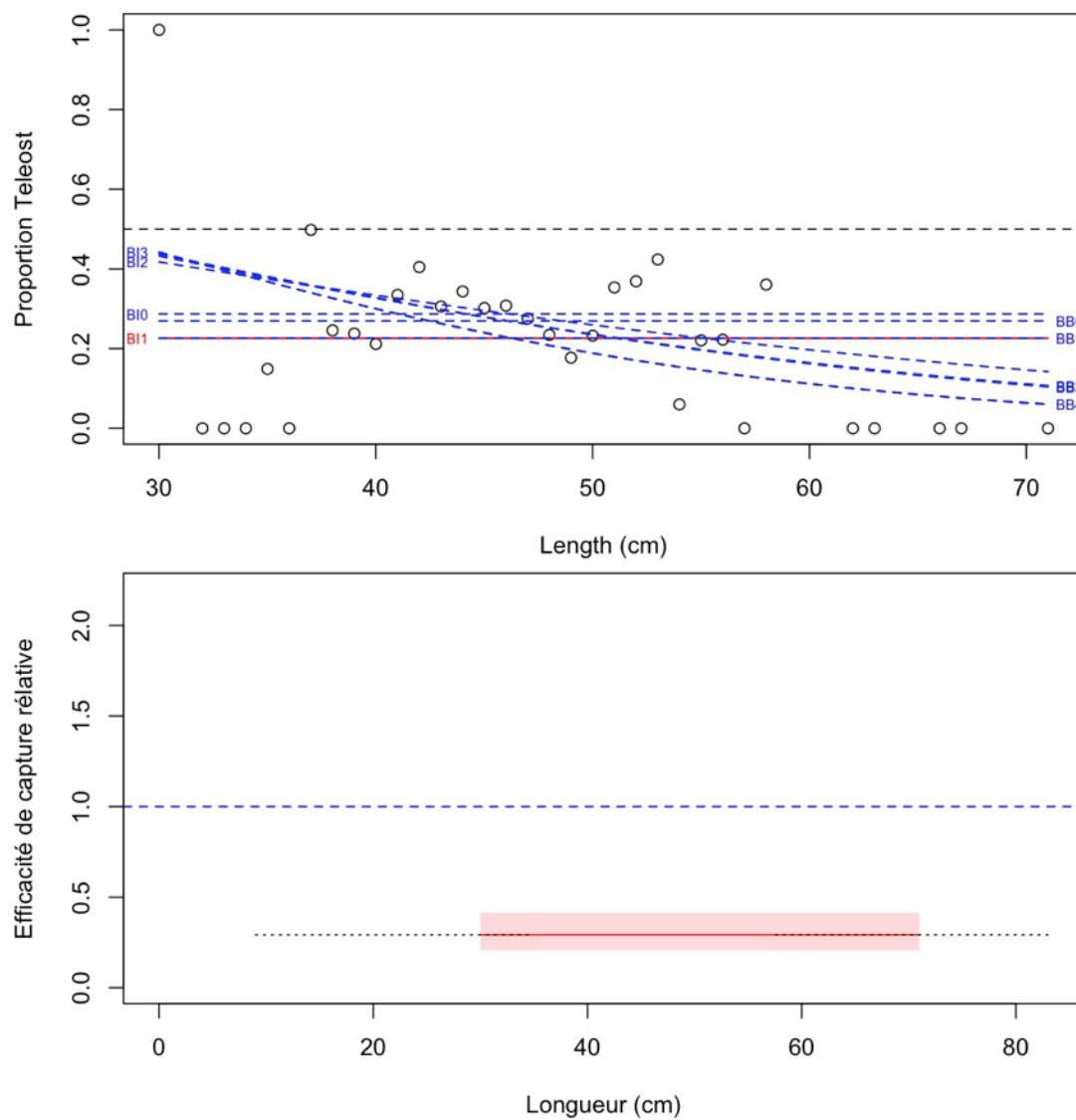


Figure 36b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Leucoraja erinacea* (203).

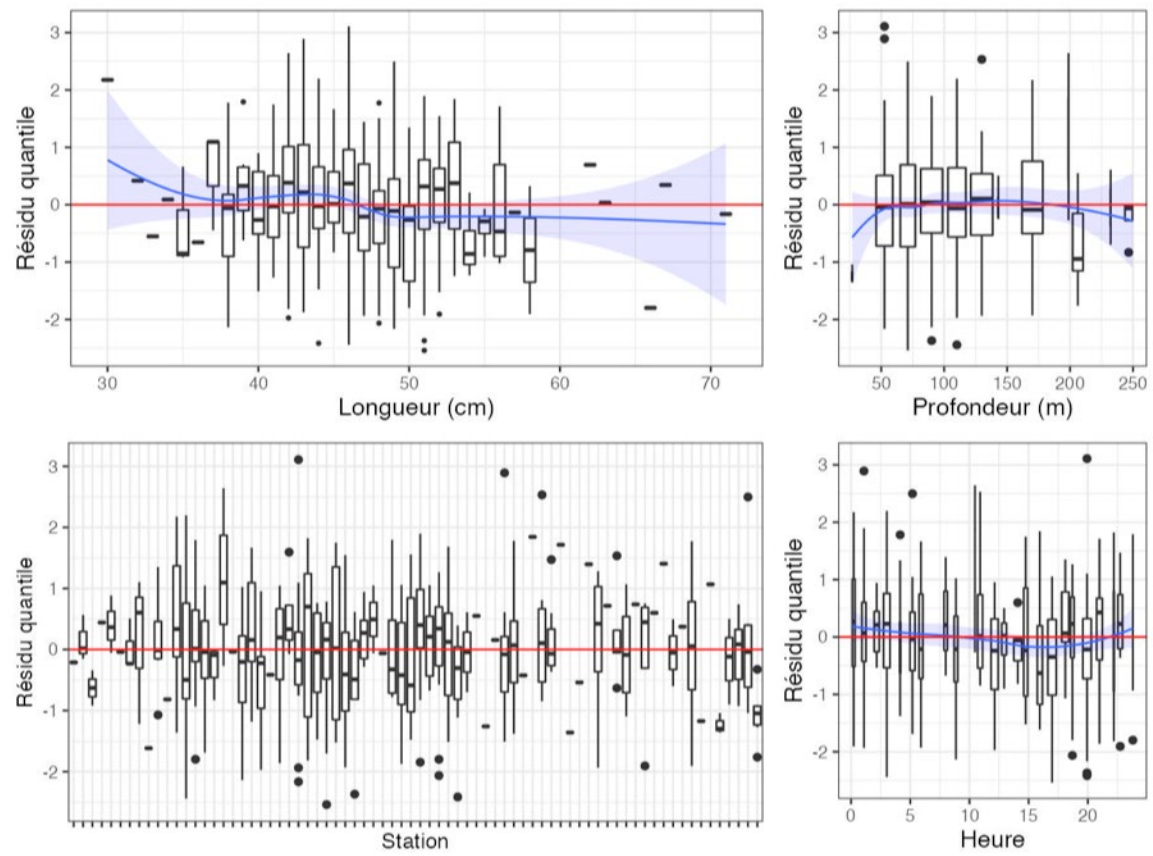


Figure 36c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Leucoraja erinacea* (203).

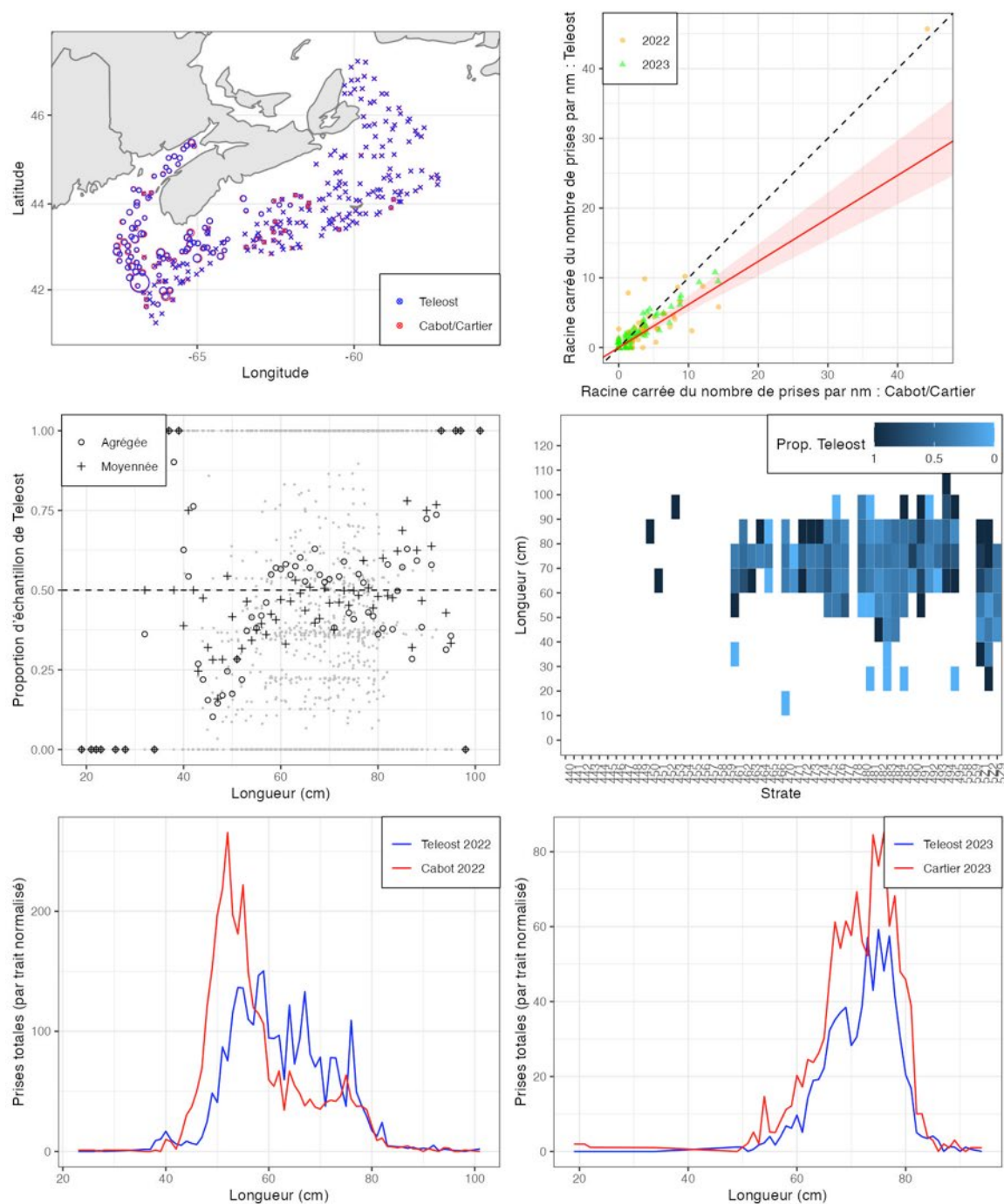


Figure 37a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Squalus acanthias* (220).

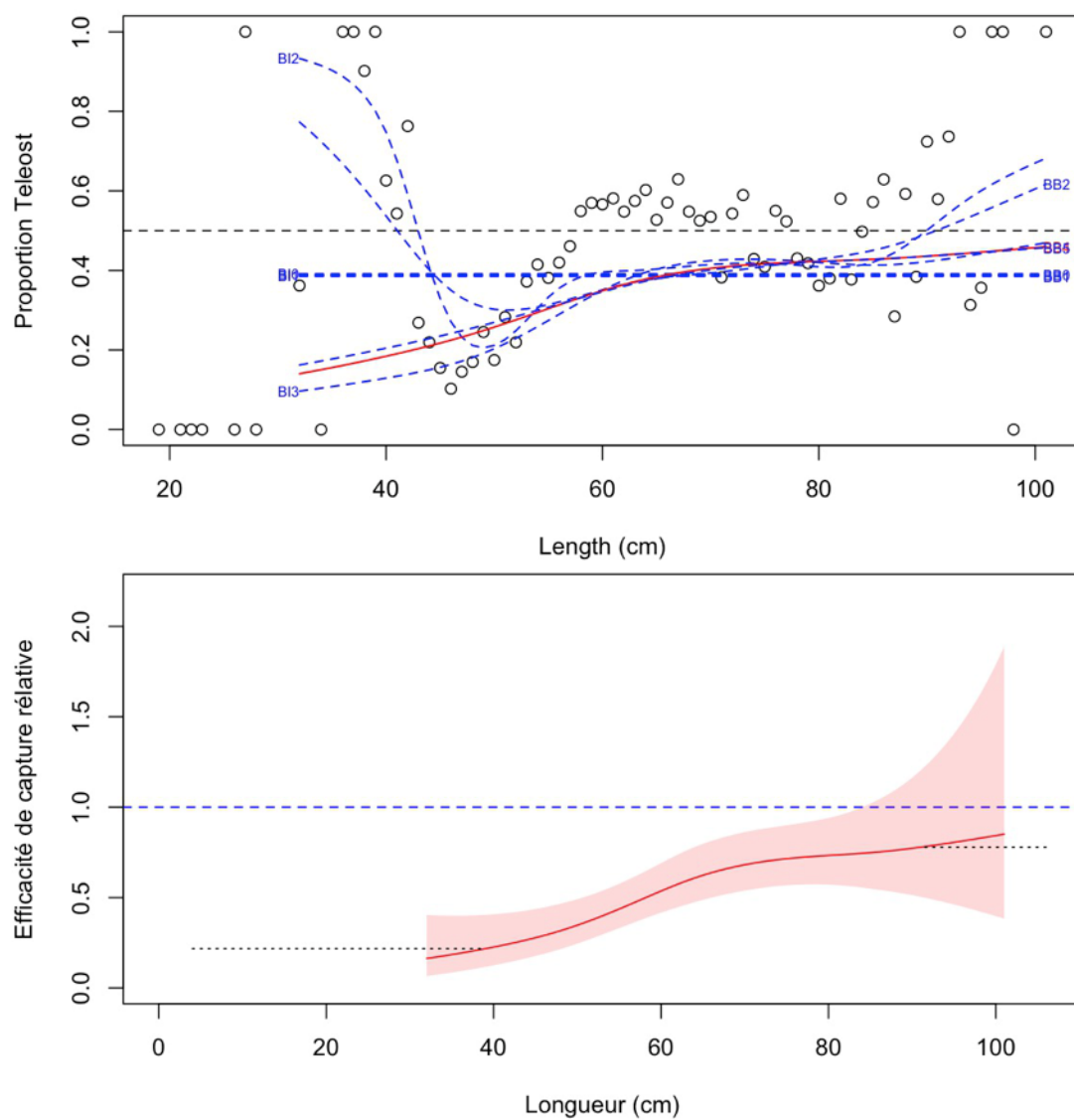


Figure 37b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Squalus acanthias* (220).

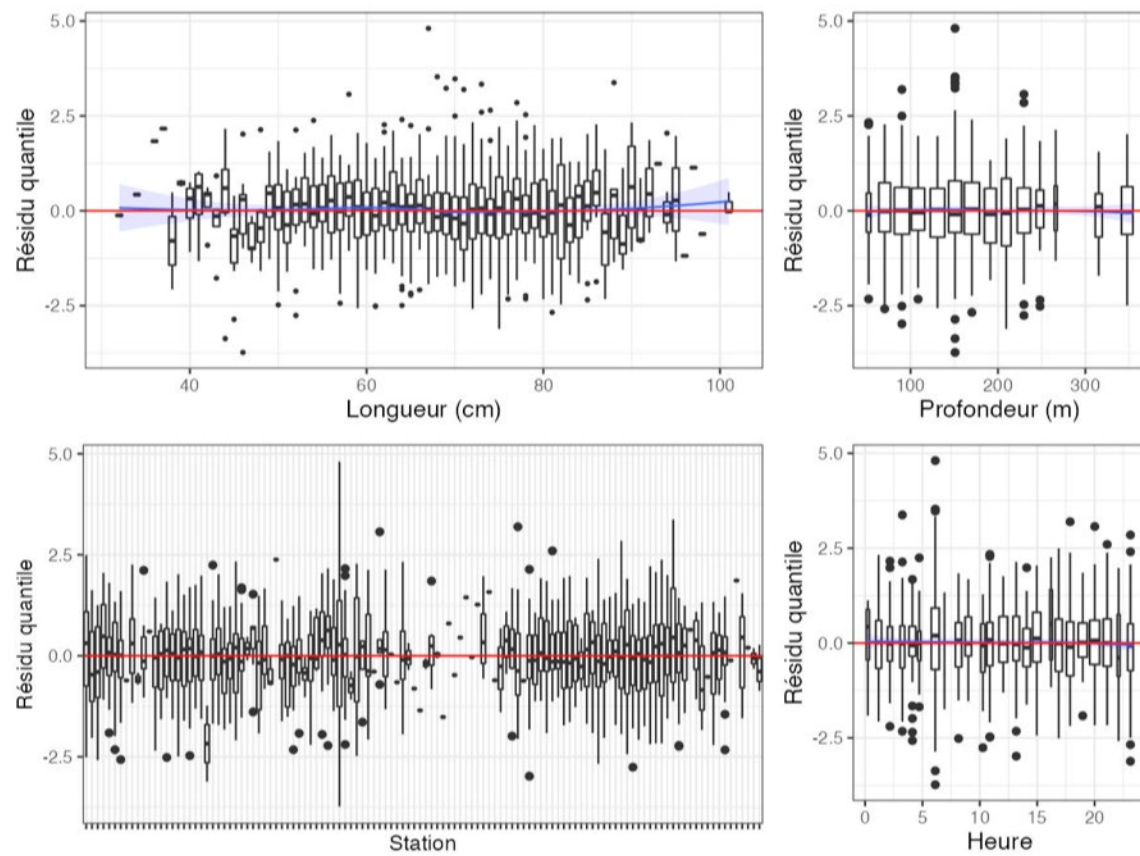


Figure 37c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Squalus acanthias* (220).

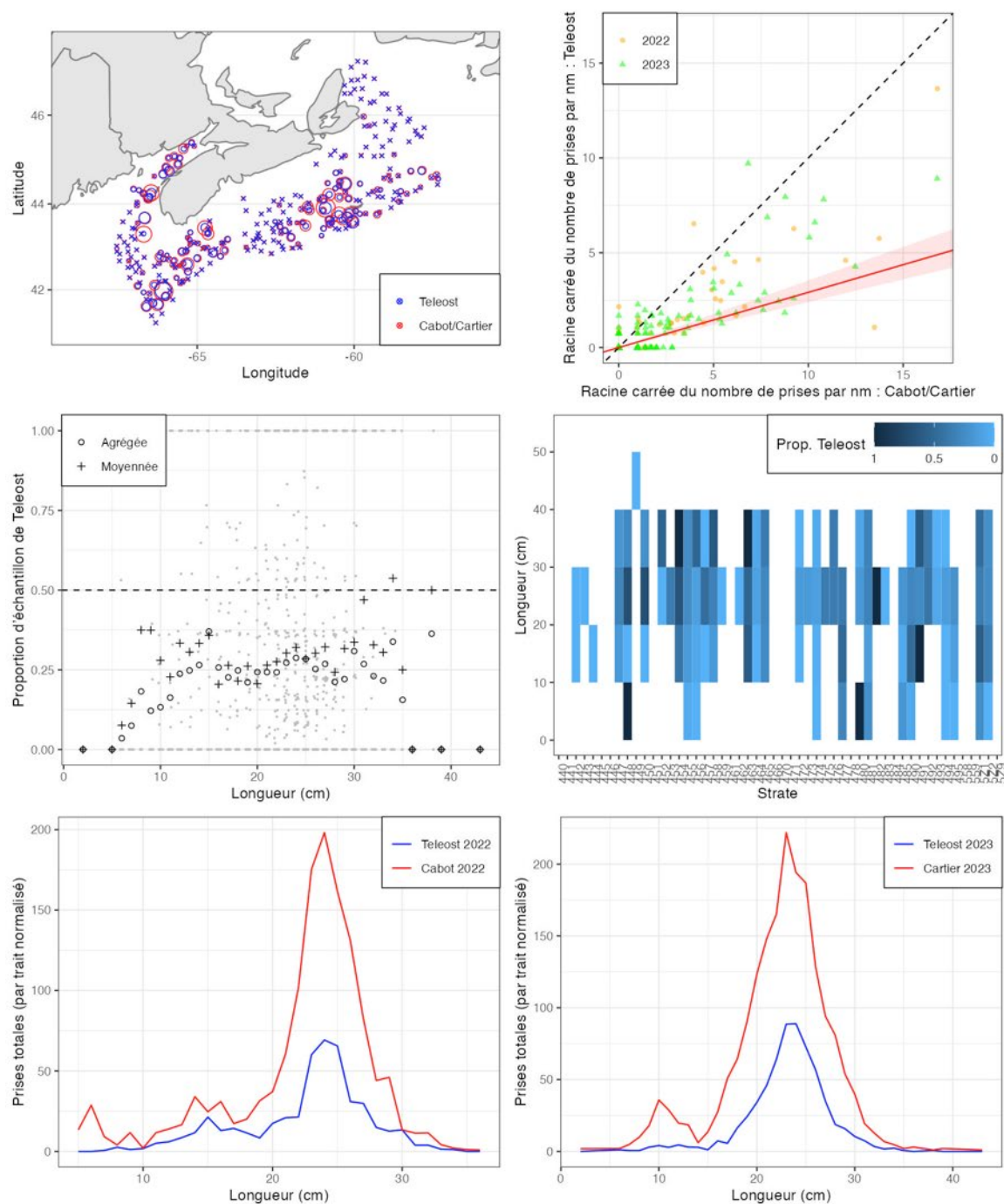


Figure 38a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

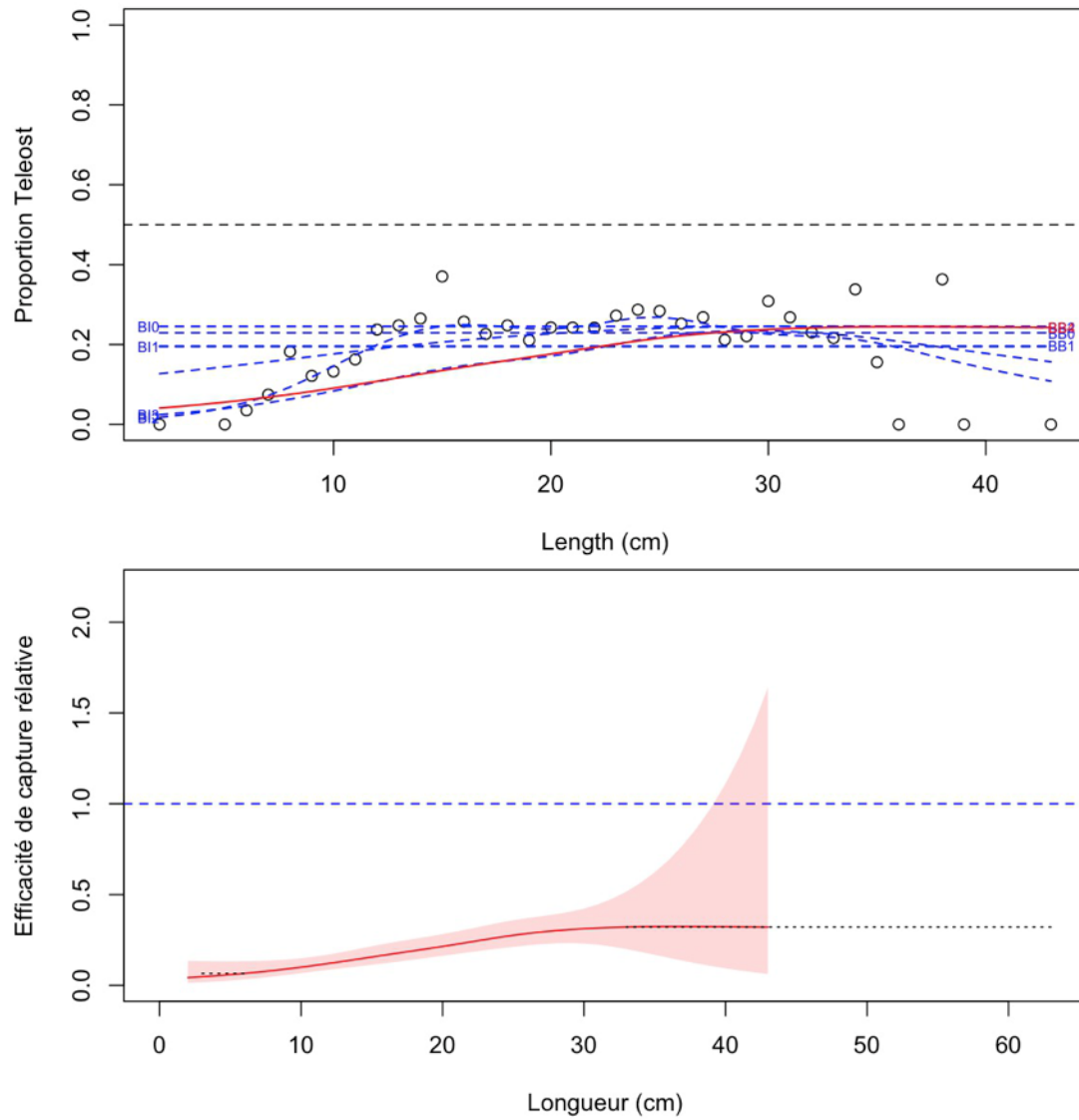


Figure 38b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

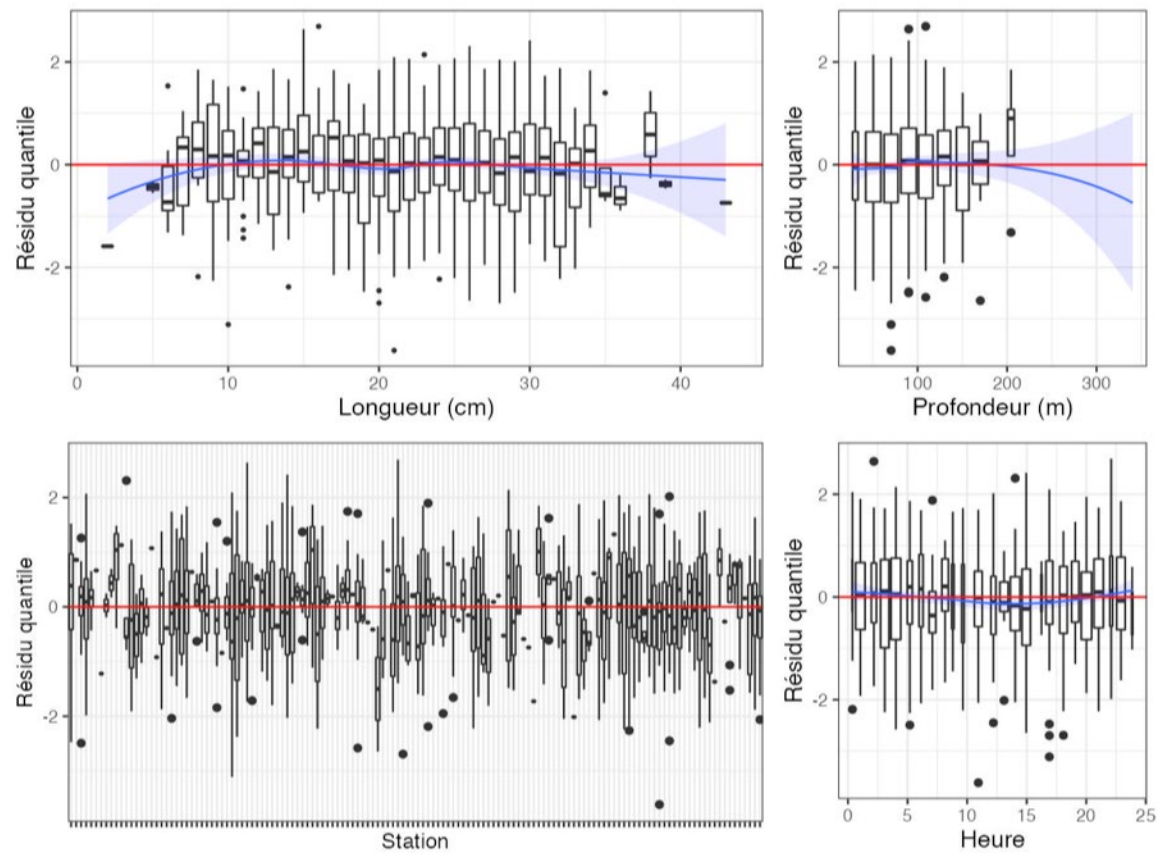


Figure 38c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Myoxocephalus octodecemspinosus* (300).

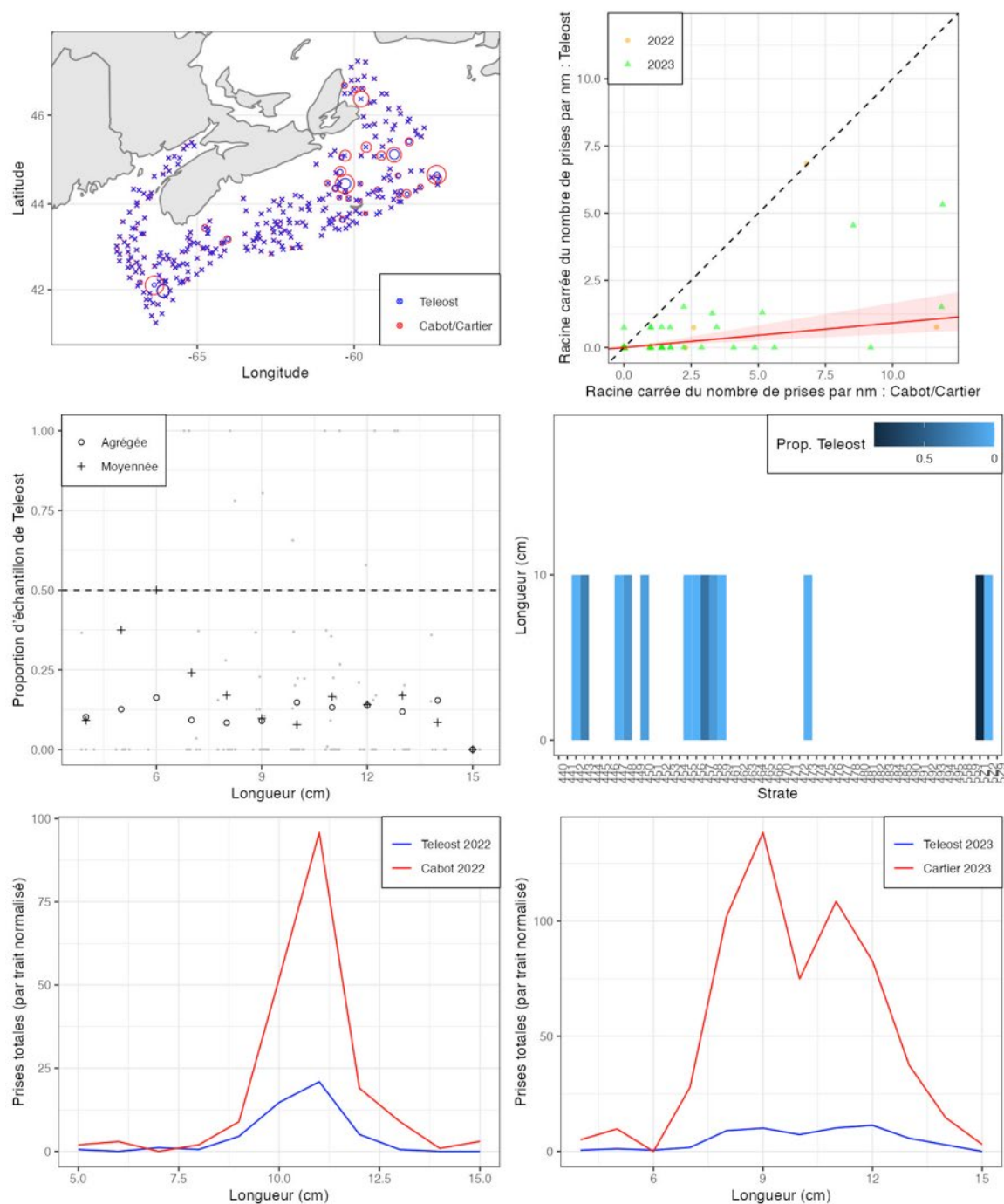


Figure 39a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Triglops murrayi* (304).

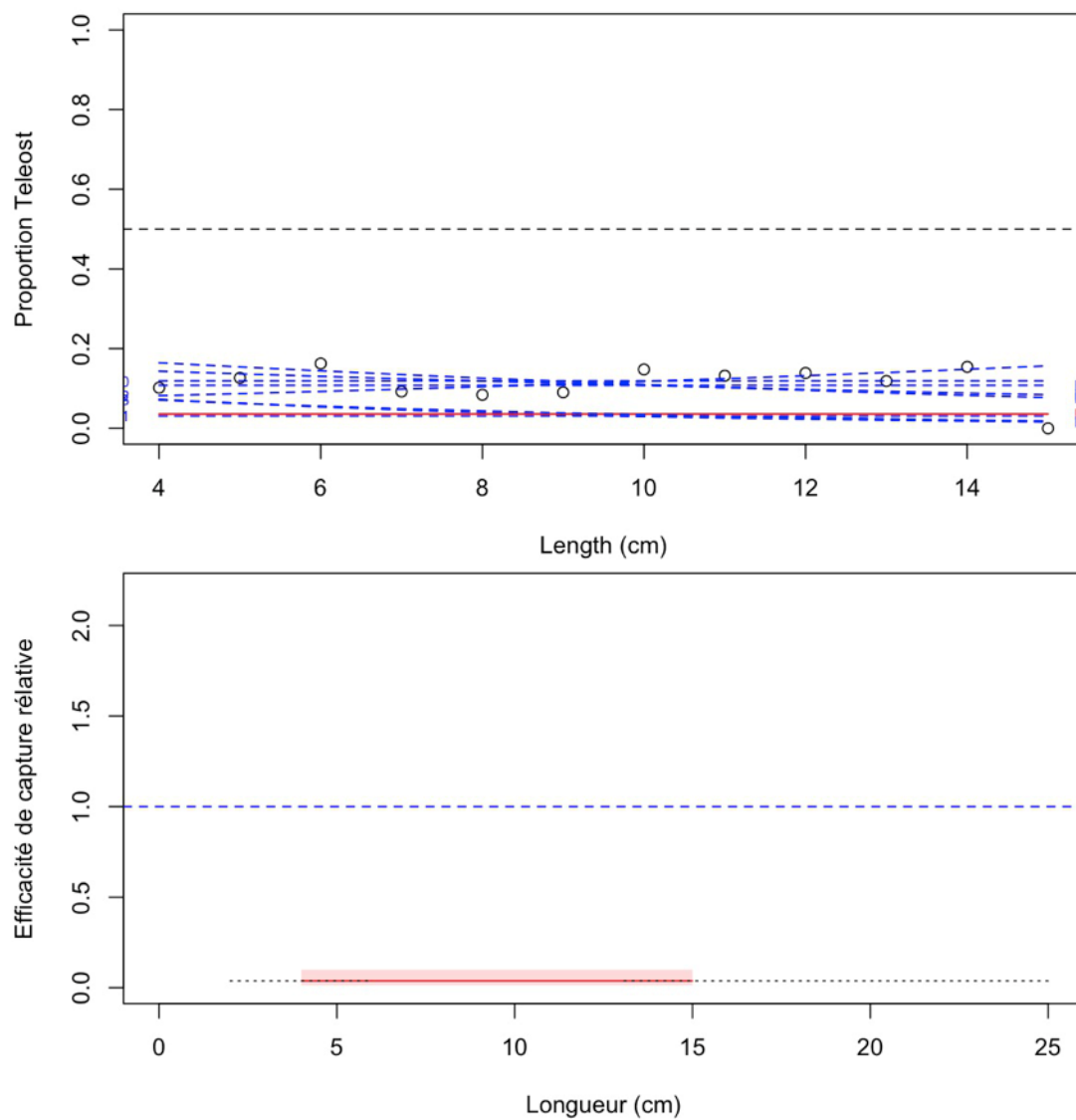


Figure 39b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Triglops murrayi* (304).

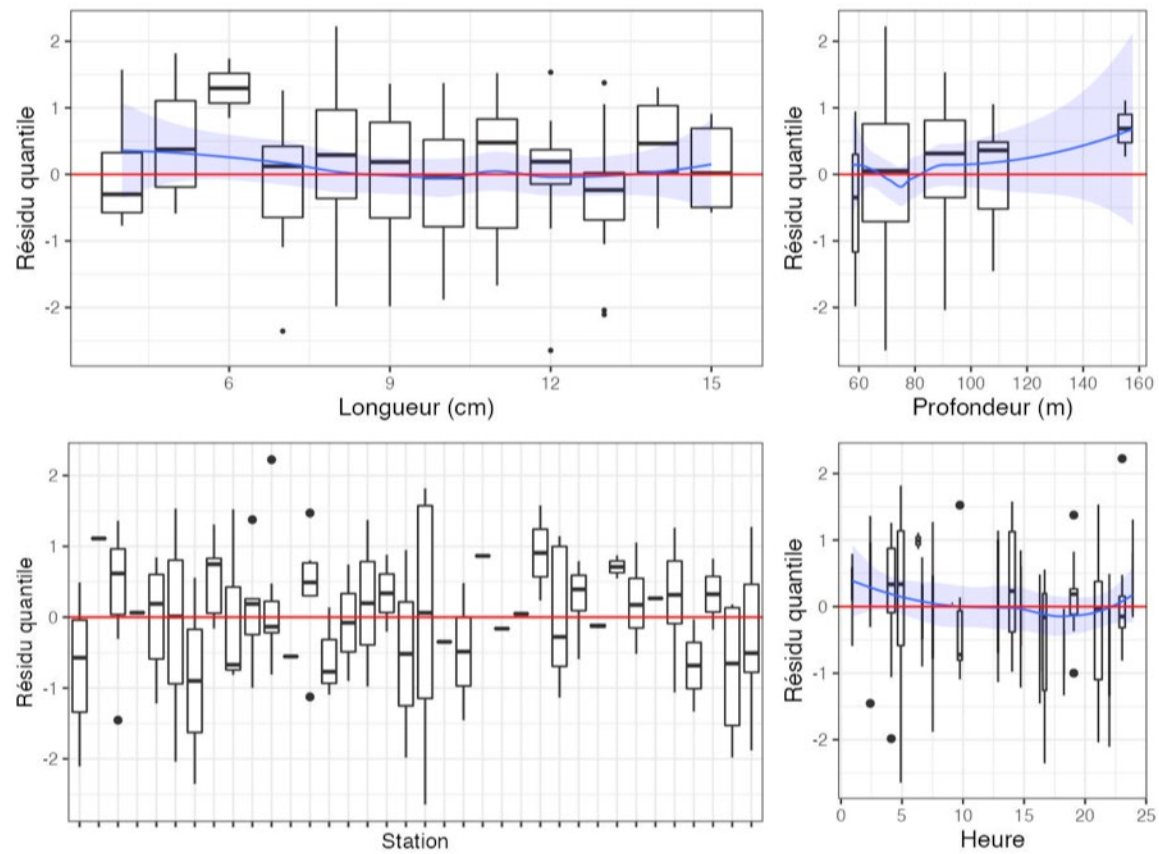


Figure 39c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Triglops murrayi* (304).

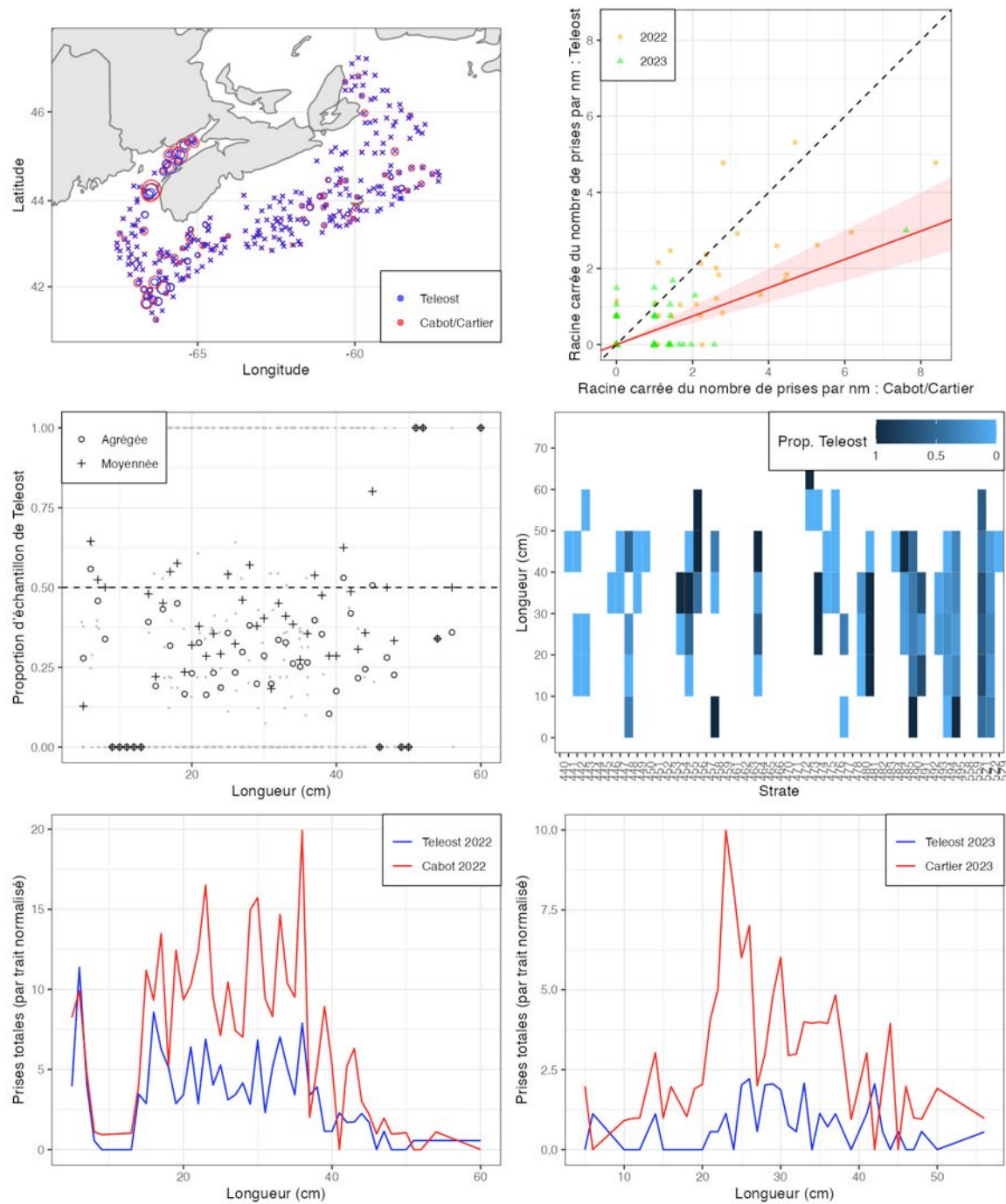


Figure 40a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hemitripterus americanus* (320).

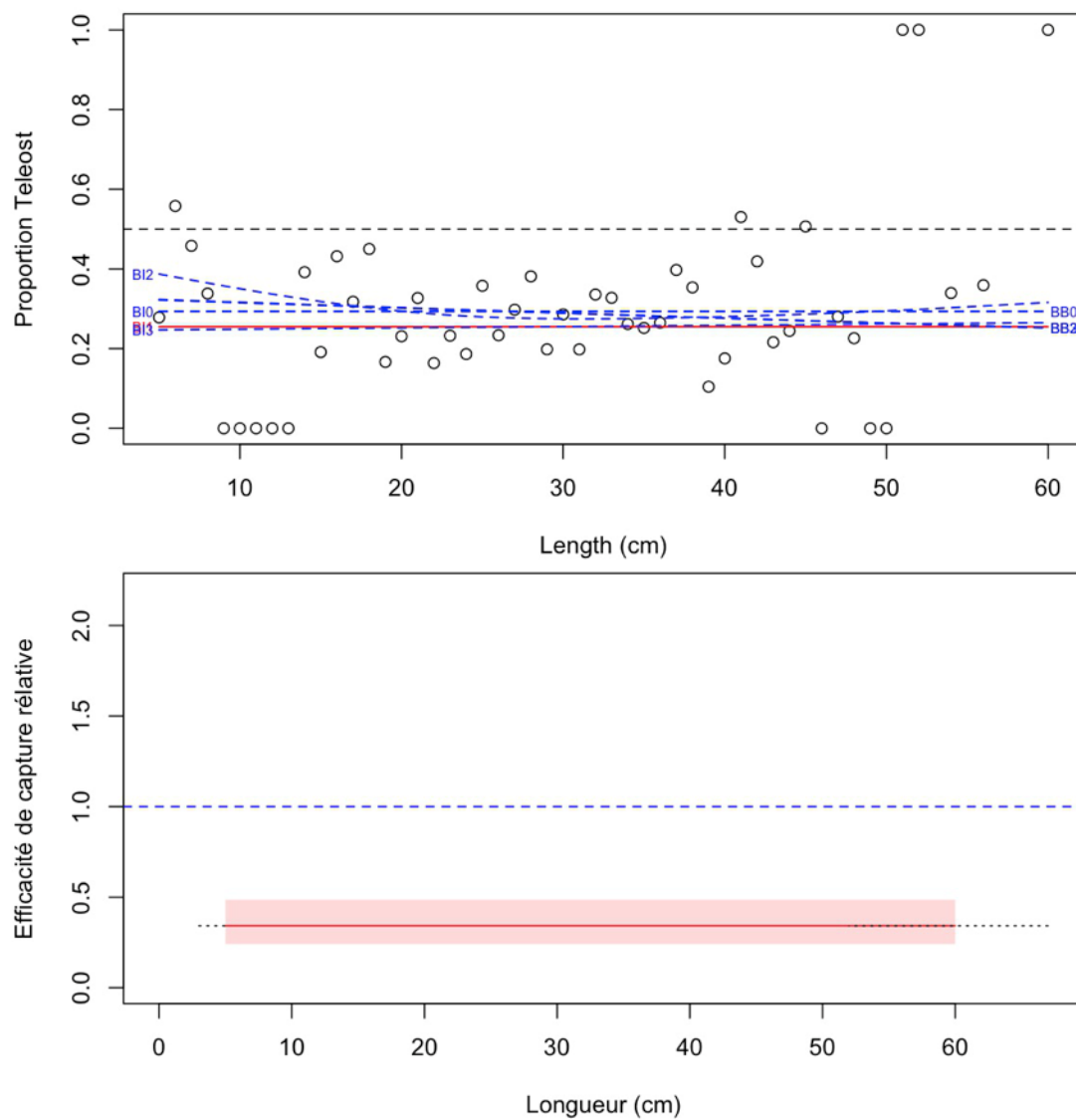


Figure 40b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hemitripterus americanus* (320).

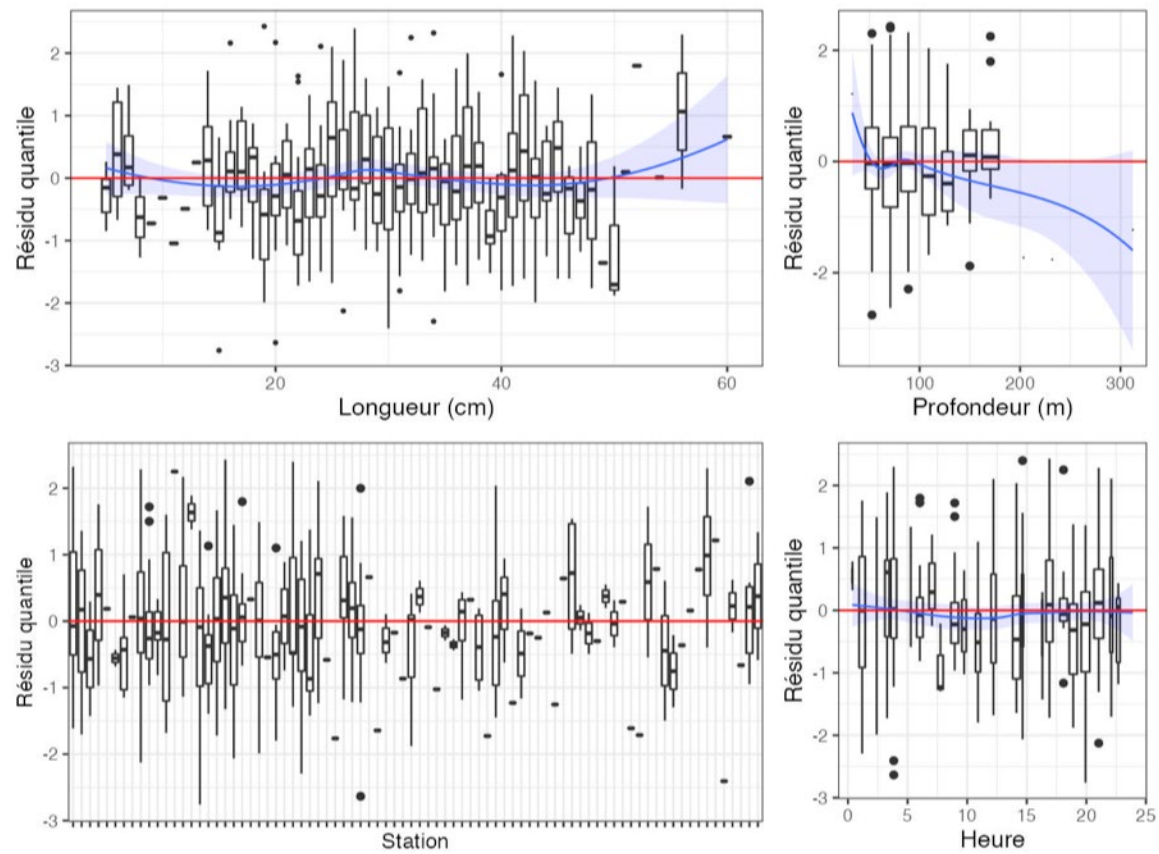


Figure 40c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hemitripterus americanus* (320).

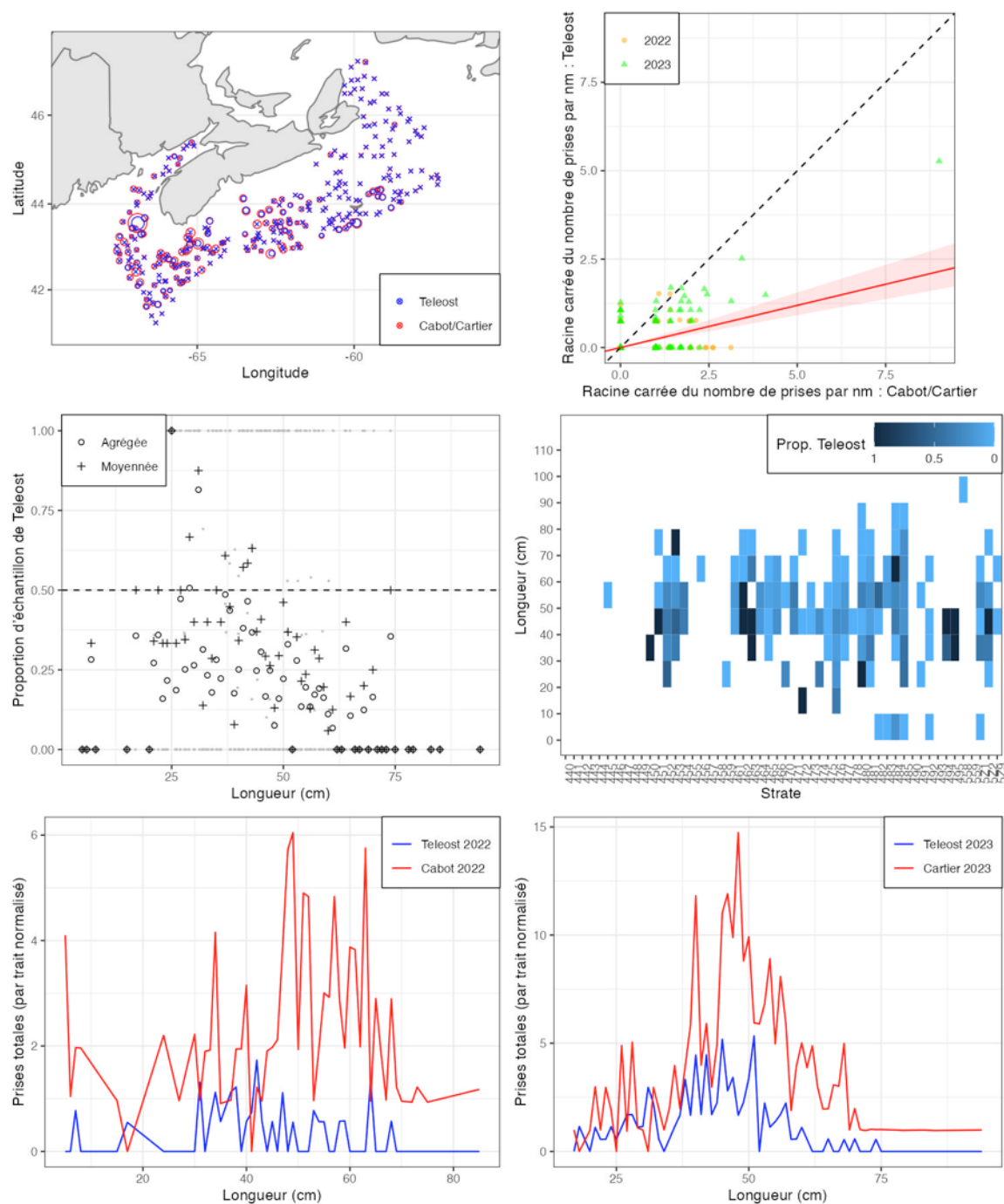


Figure 41a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lophius americanus* (400).

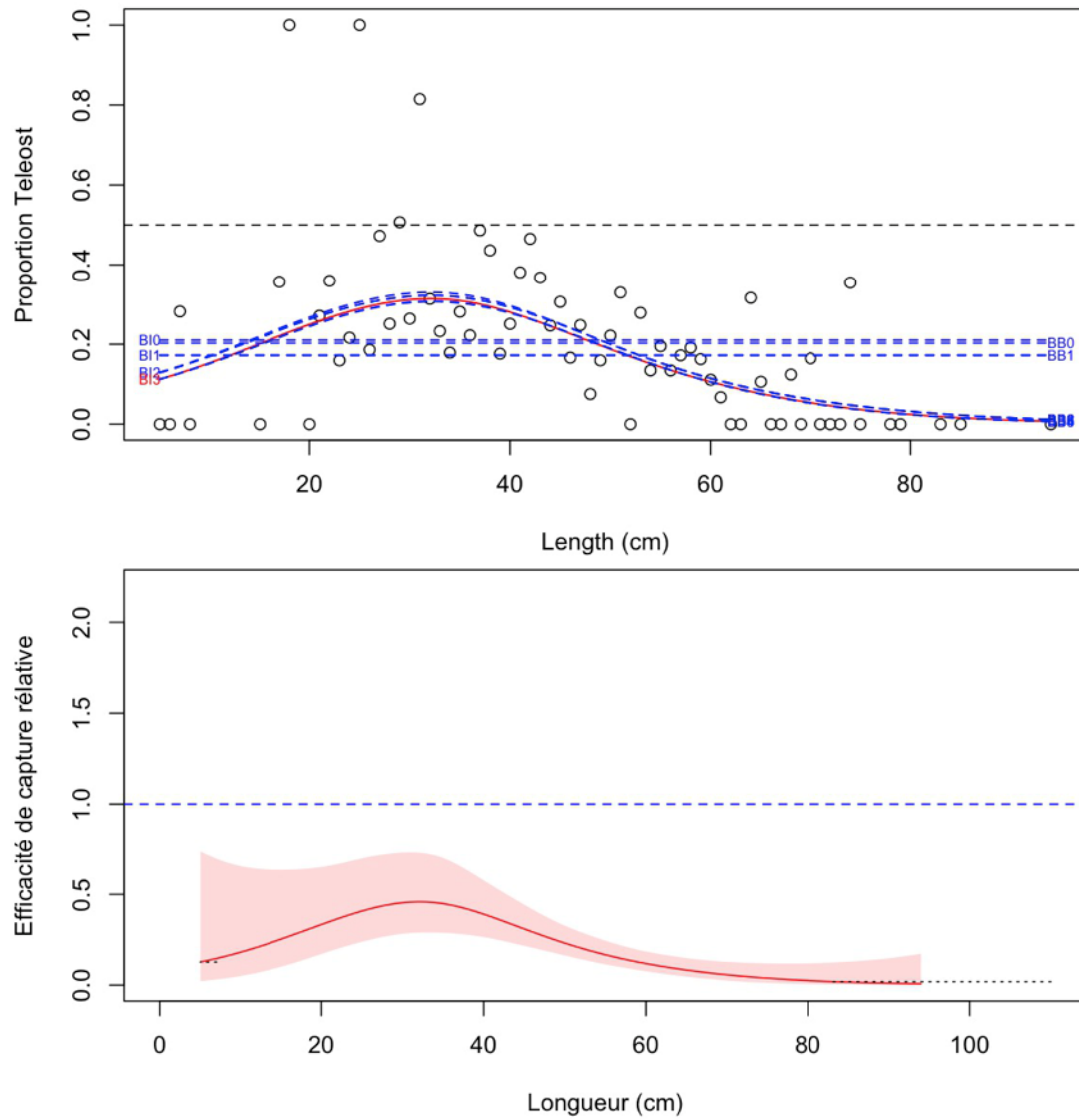


Figure 41b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Lophius americanus* (400).

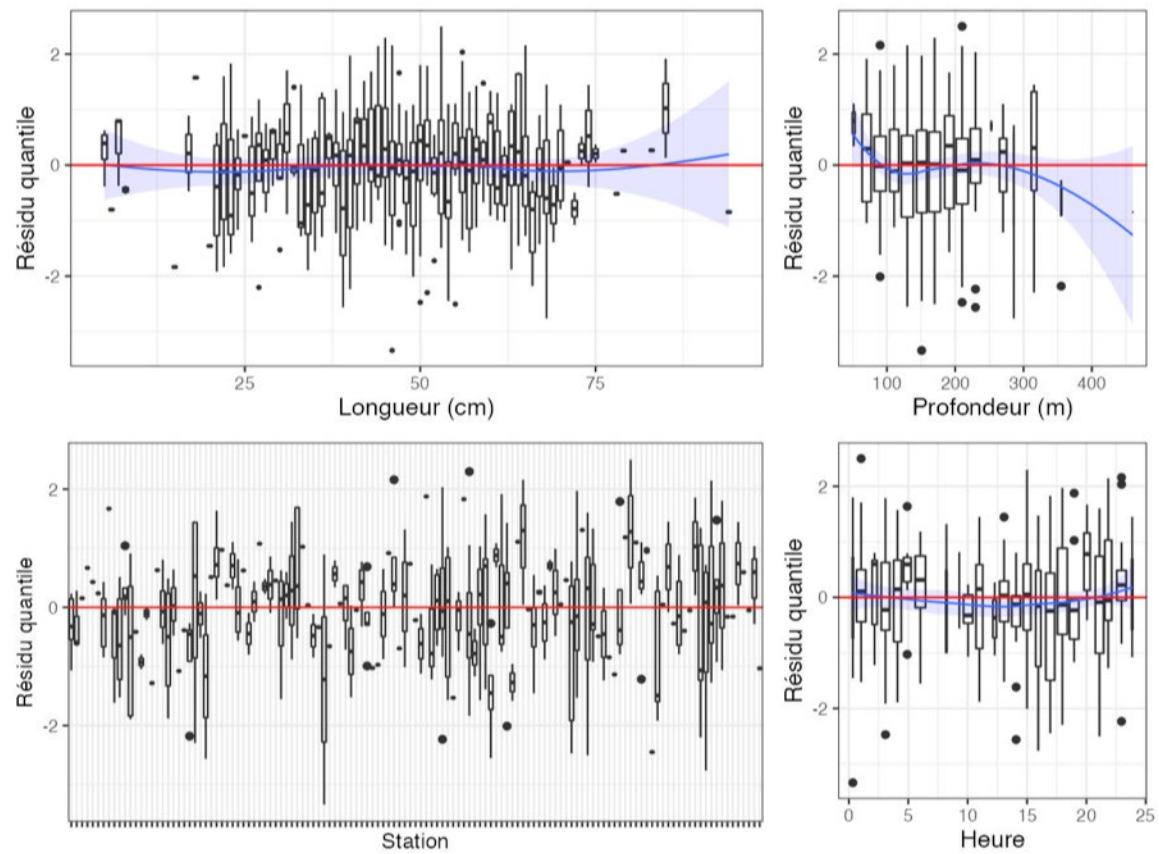


Figure 41c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Lophius americanus* (400).

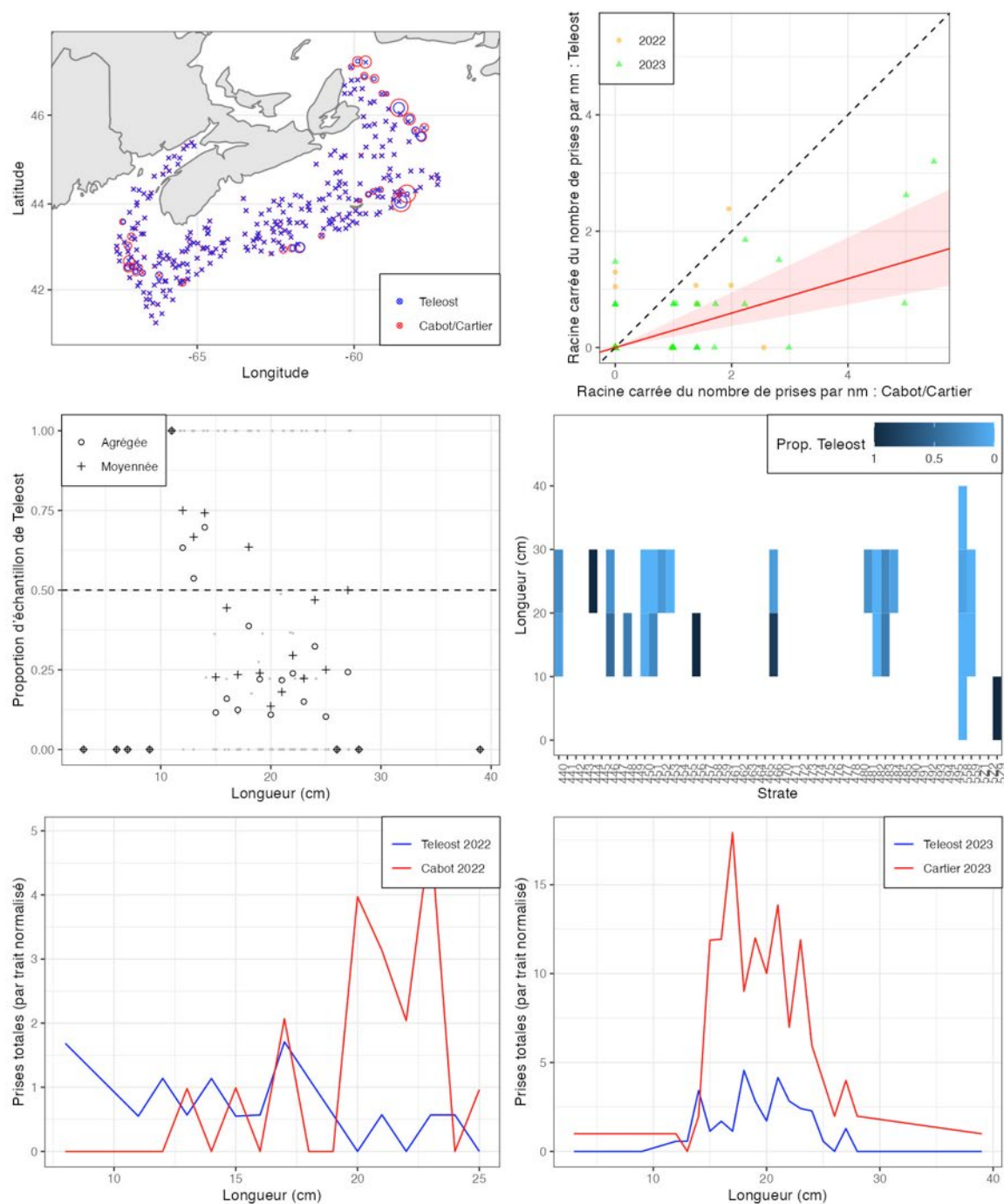


Figure 42a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Notolepis rissoi* (712).

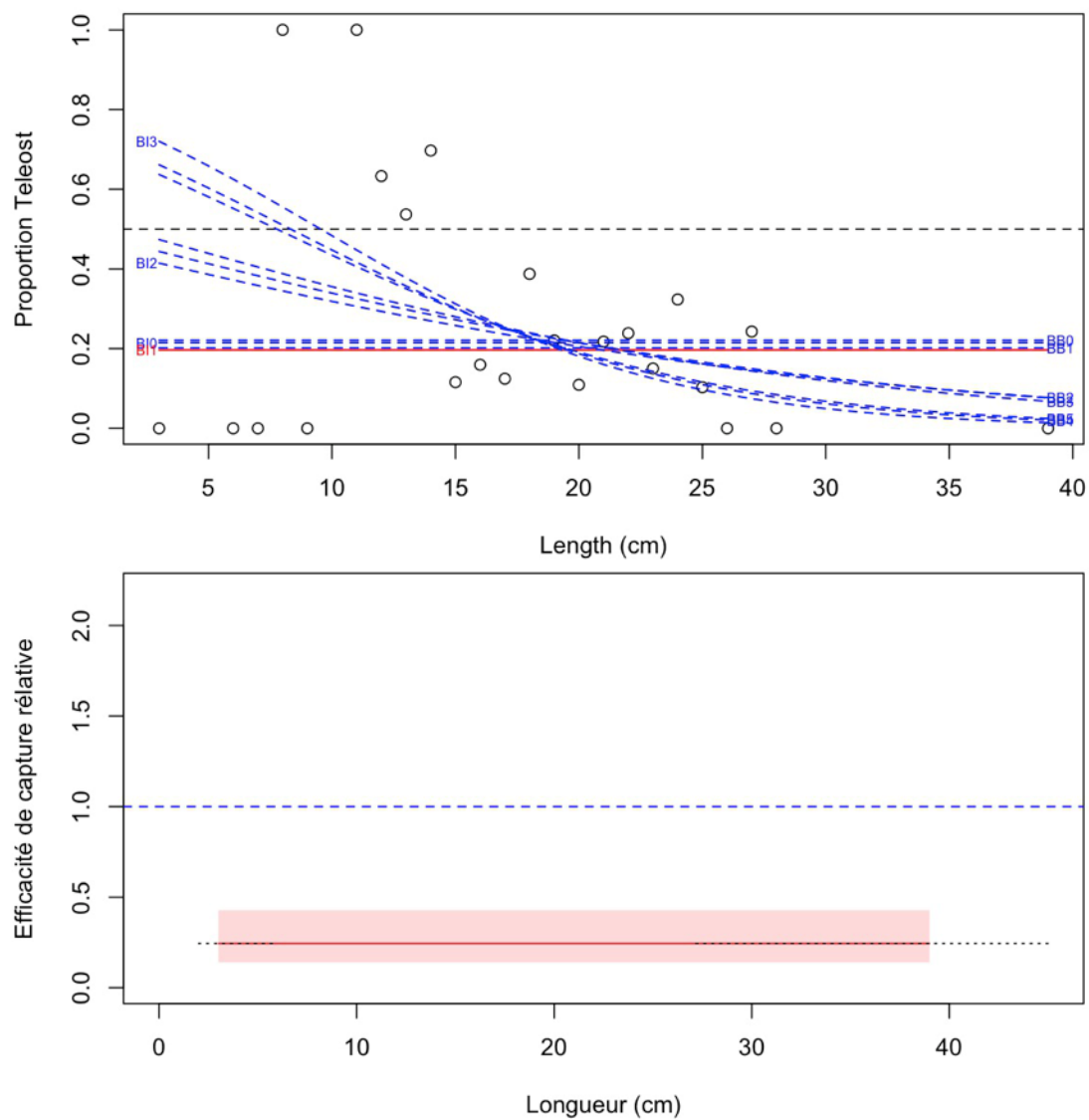


Figure 42b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Notolepis rissoi* (712).

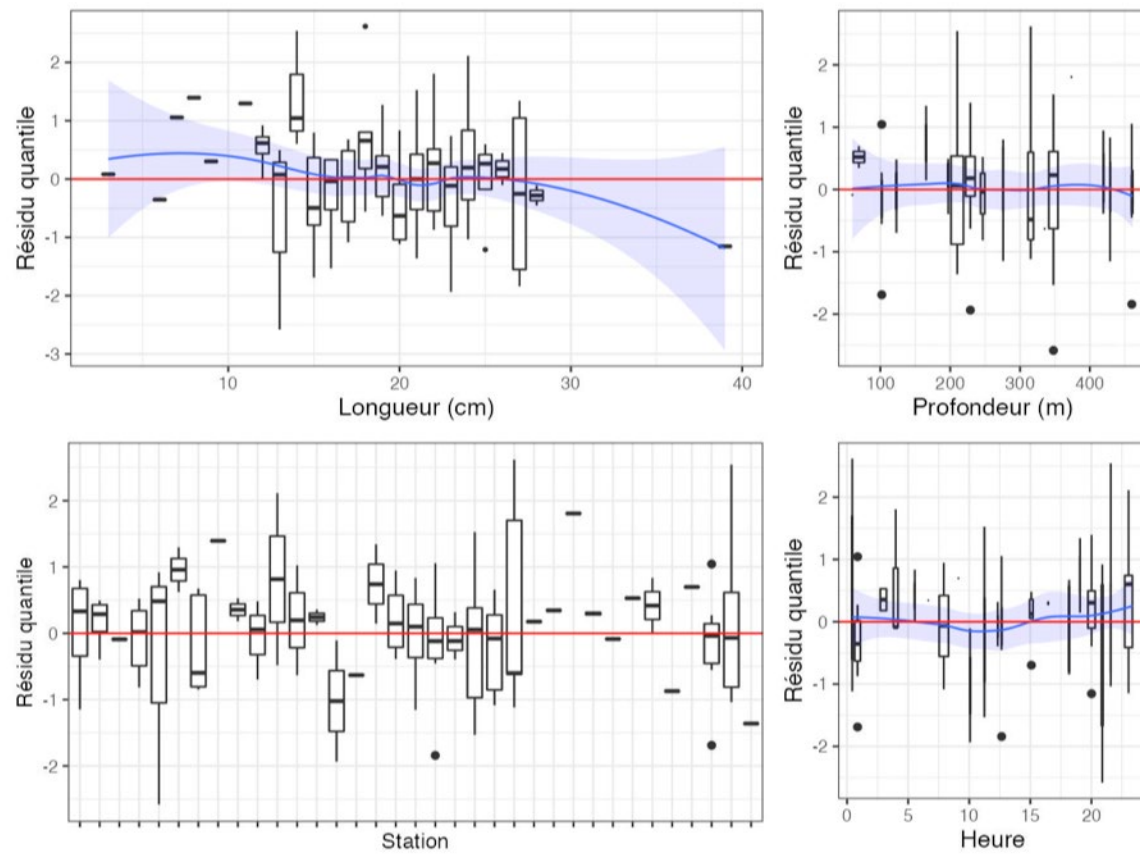


Figure 42c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Notolepis rissoi* (712).

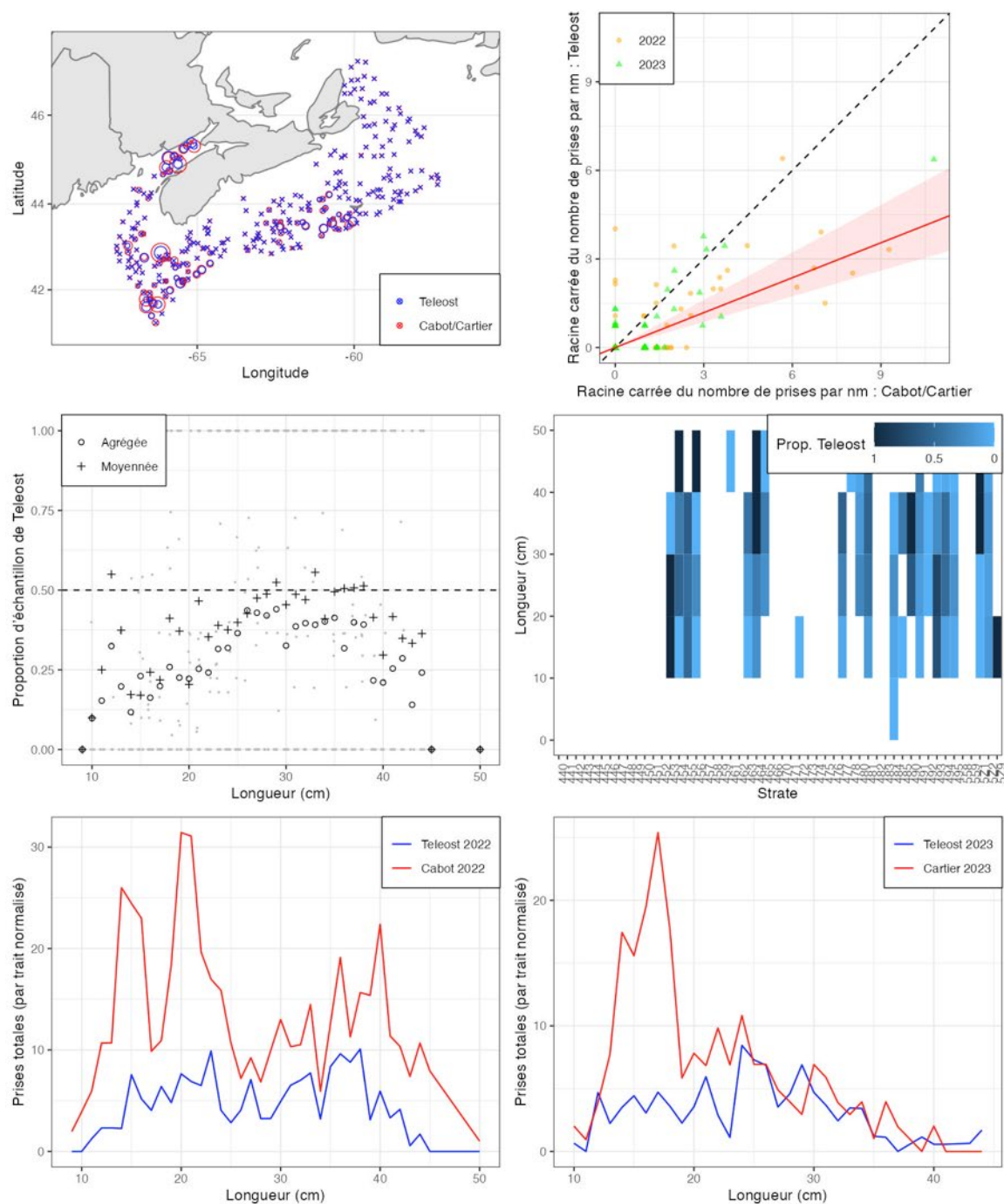


Figure 43a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Leucoraja* sp. (1191).

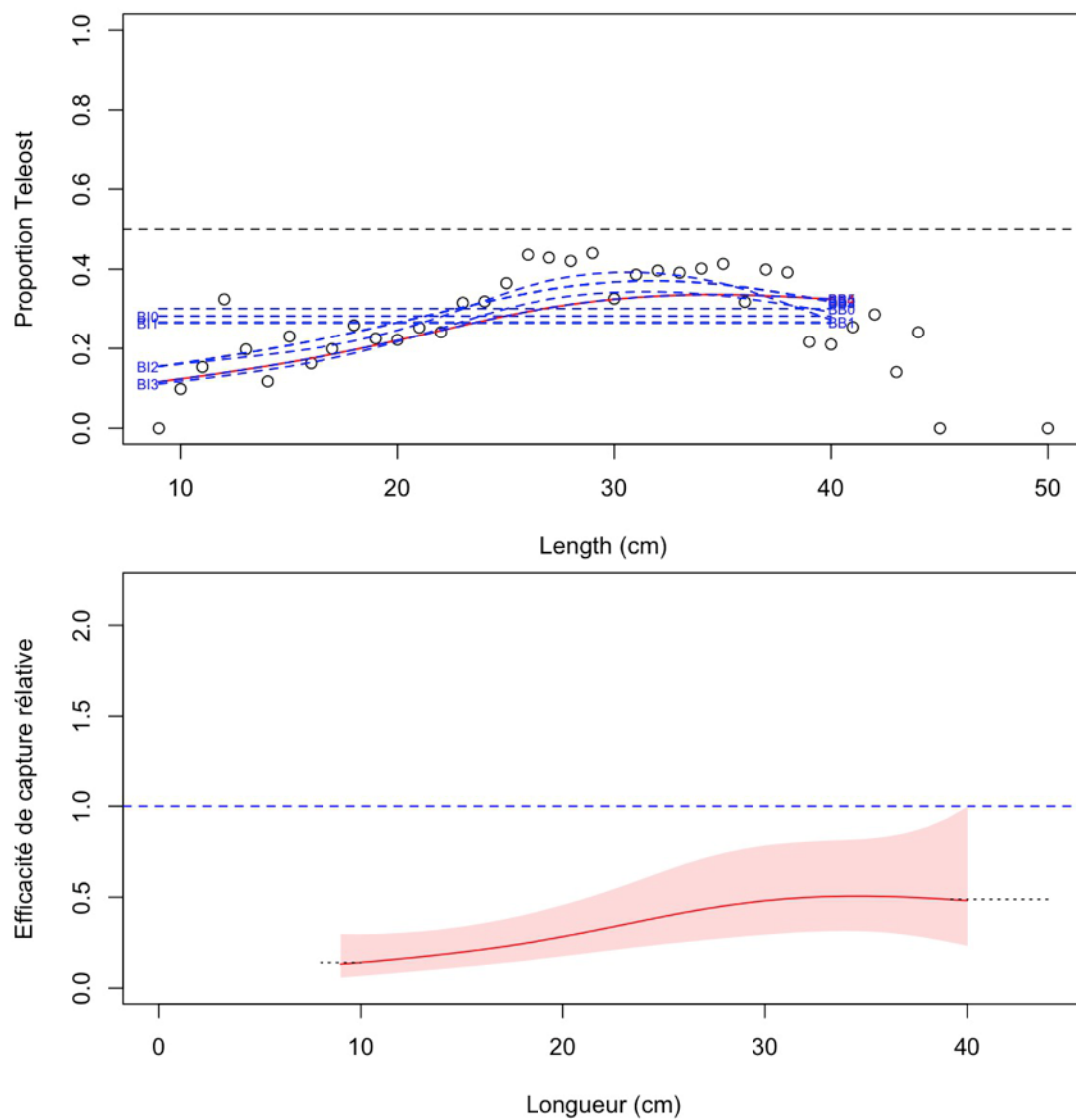


Figure 43b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Leucoraja* sp. (1191).

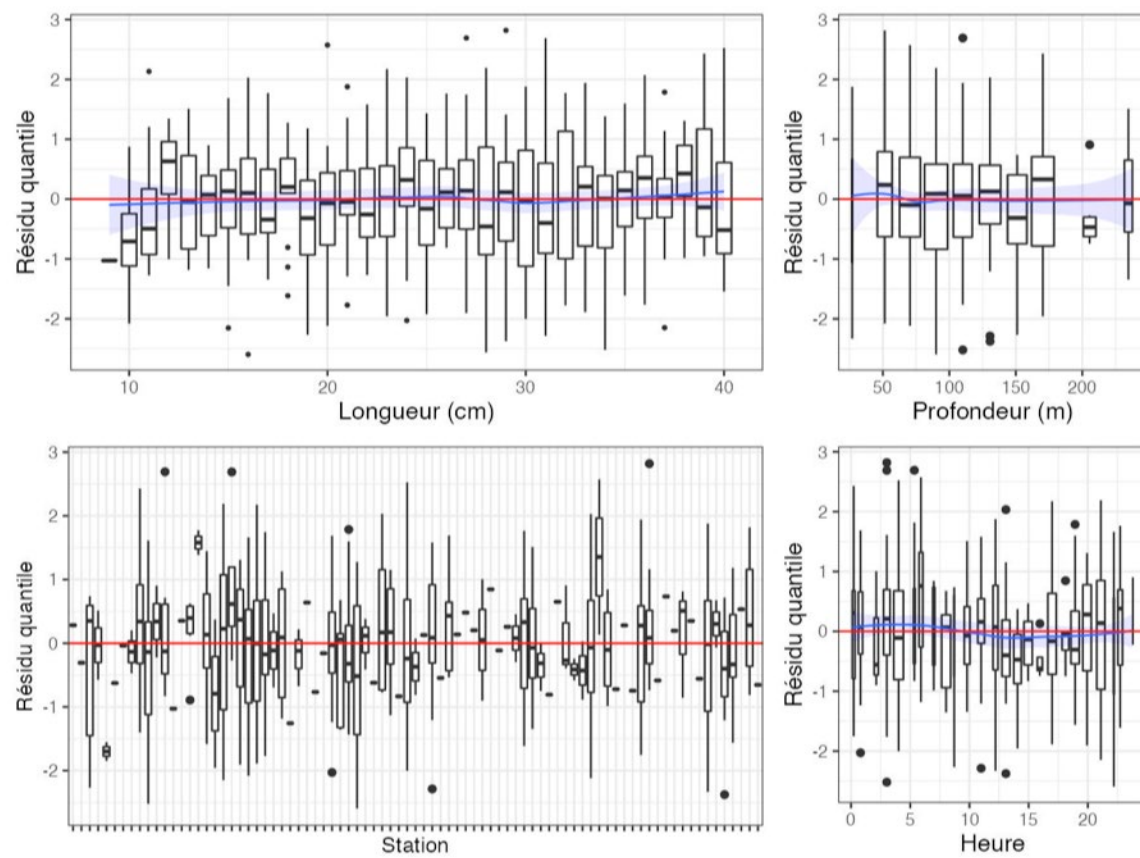


Figure 43c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Leucoraja sp.* (1191).

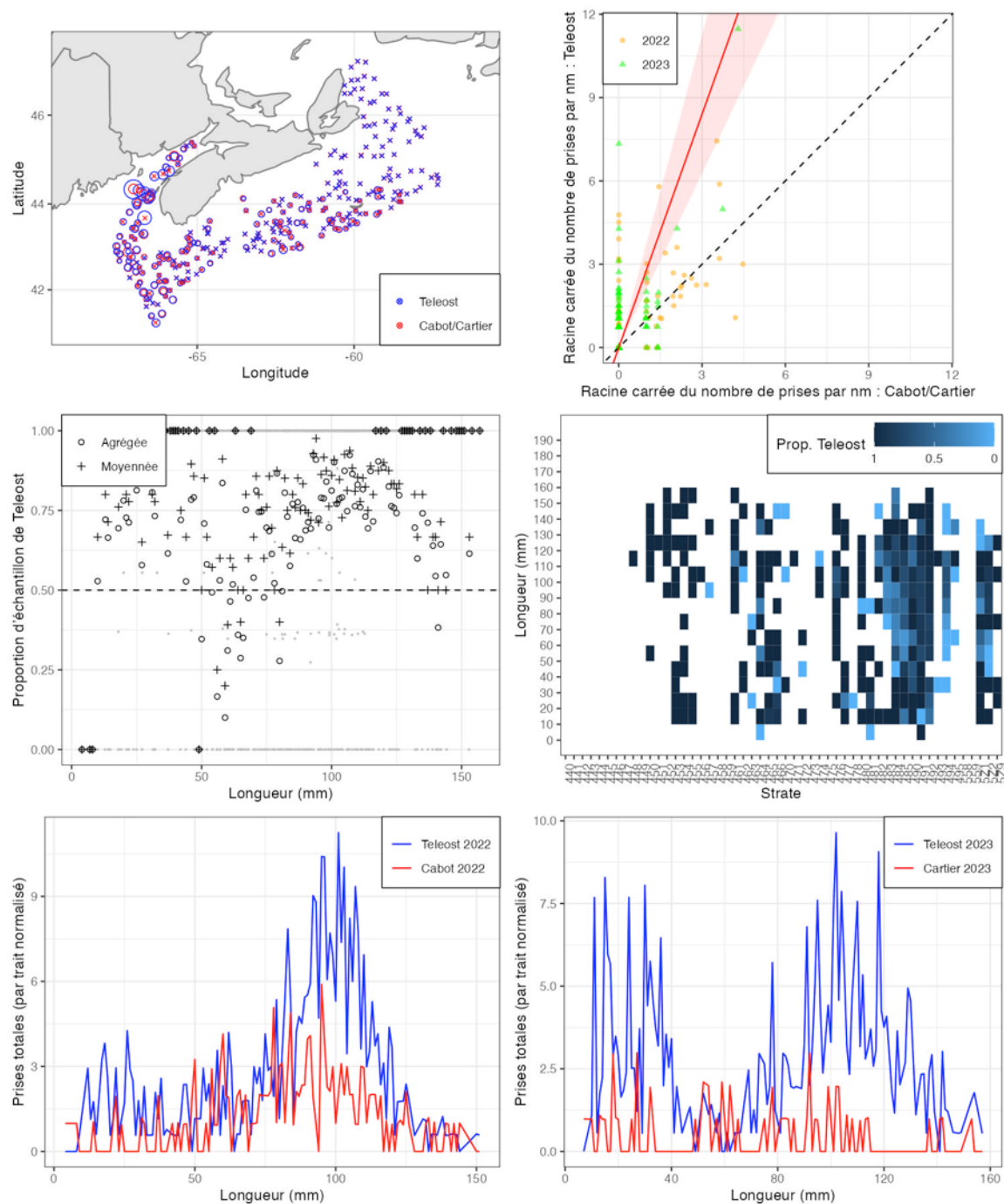


Figure 44a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Cancer borealis* (2511).

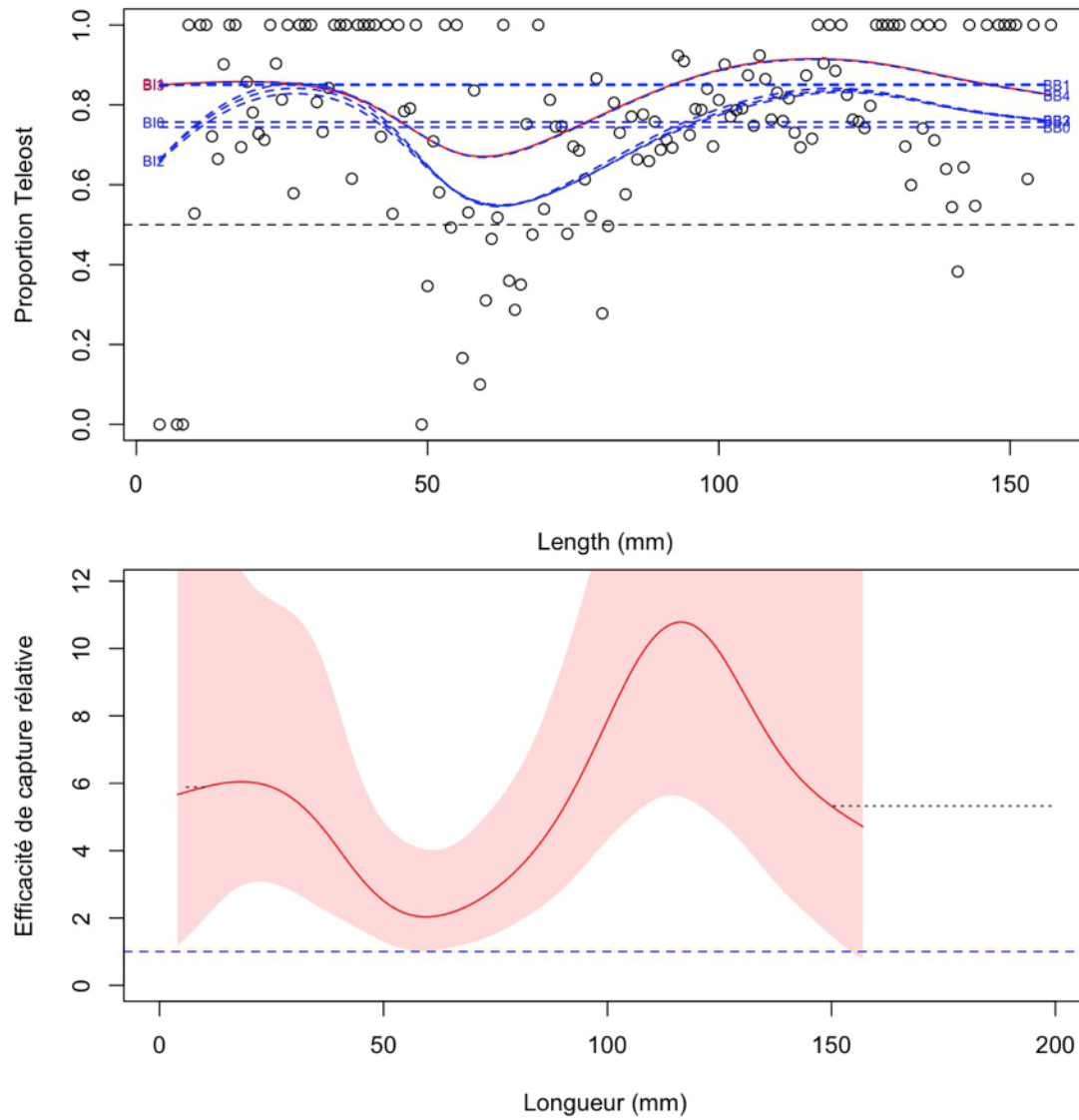


Figure 44b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Cancer borealis* (2511).

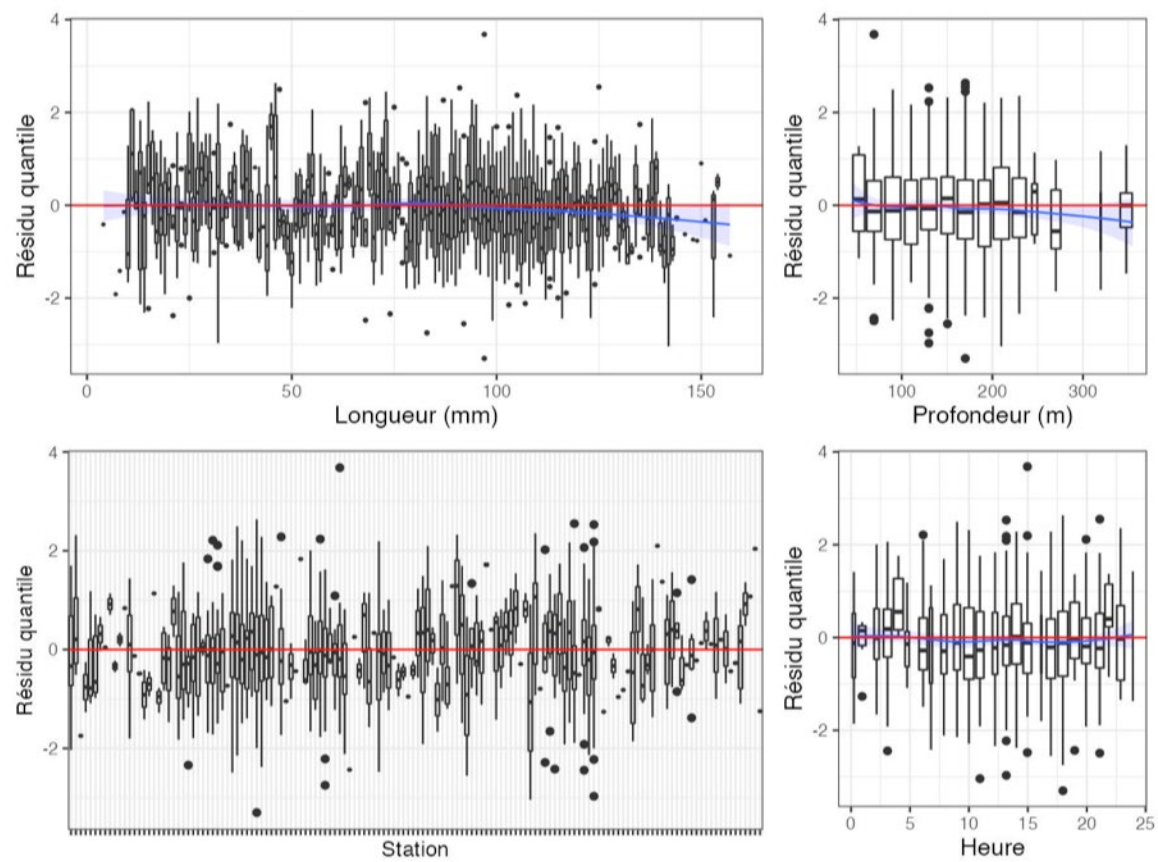


Figure 44c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Cancer borealis* (2511).

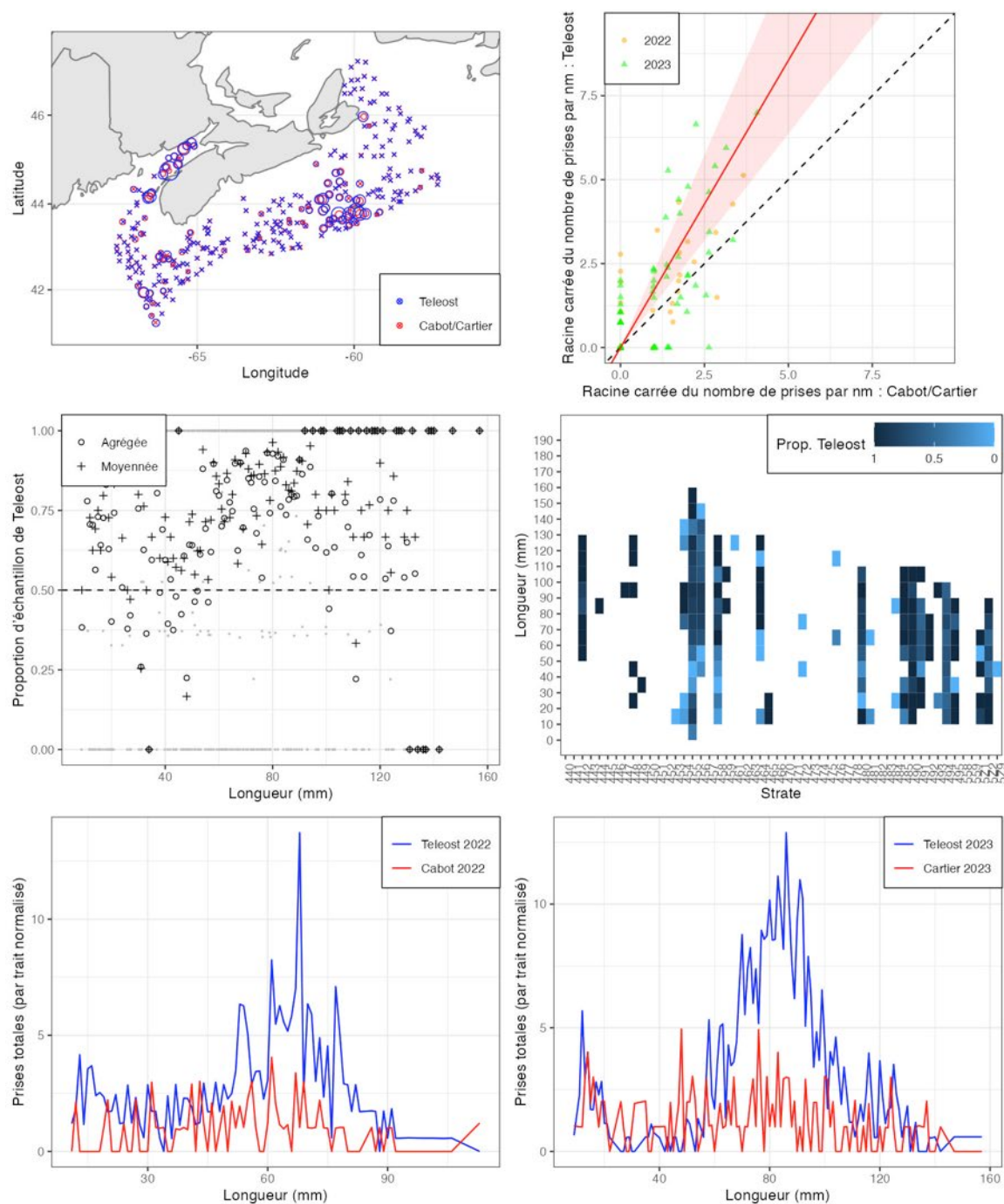


Figure 45a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Cancer irroratus* (2513).

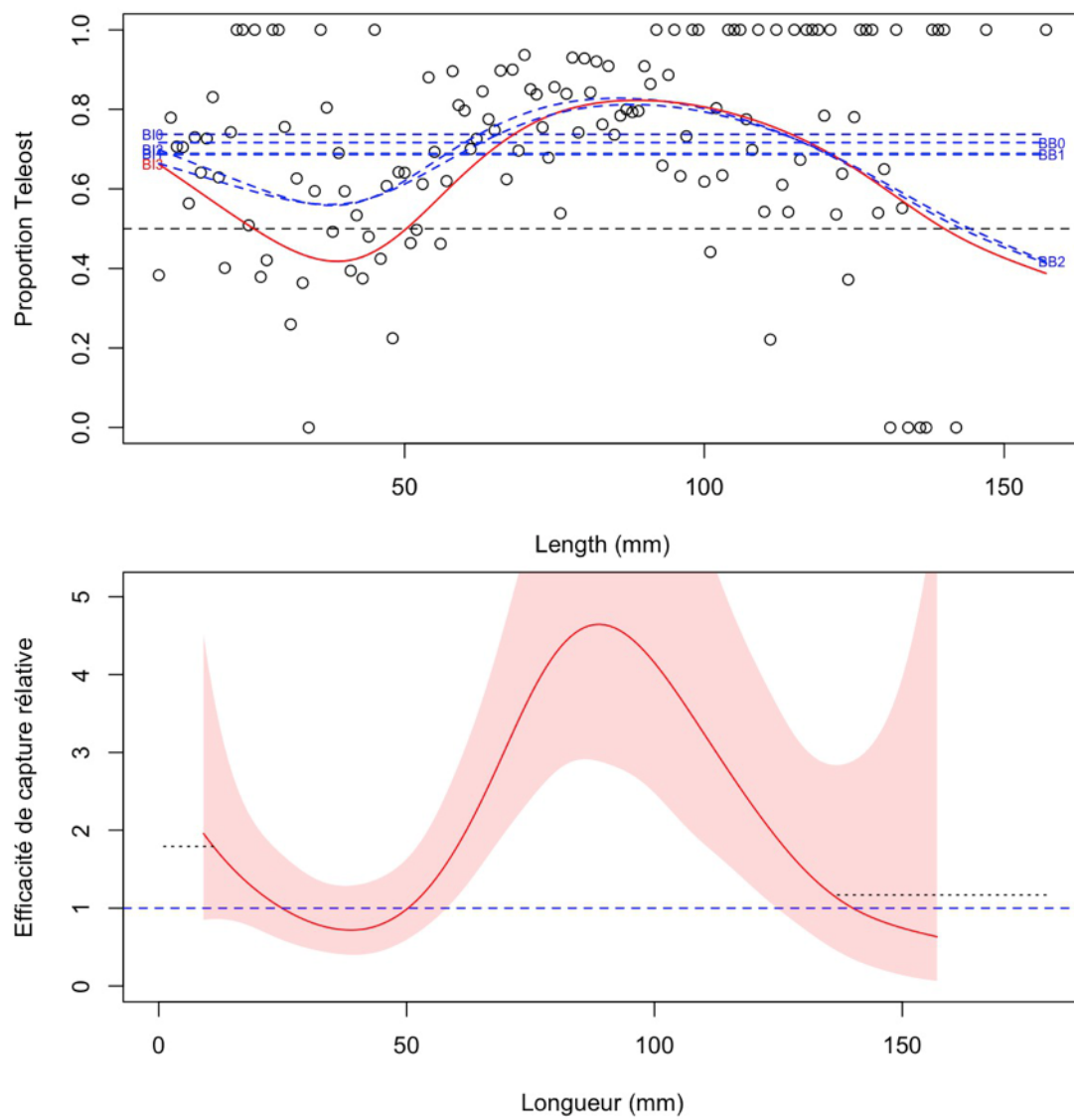


Figure 45b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Cancer irroratus* (2513).

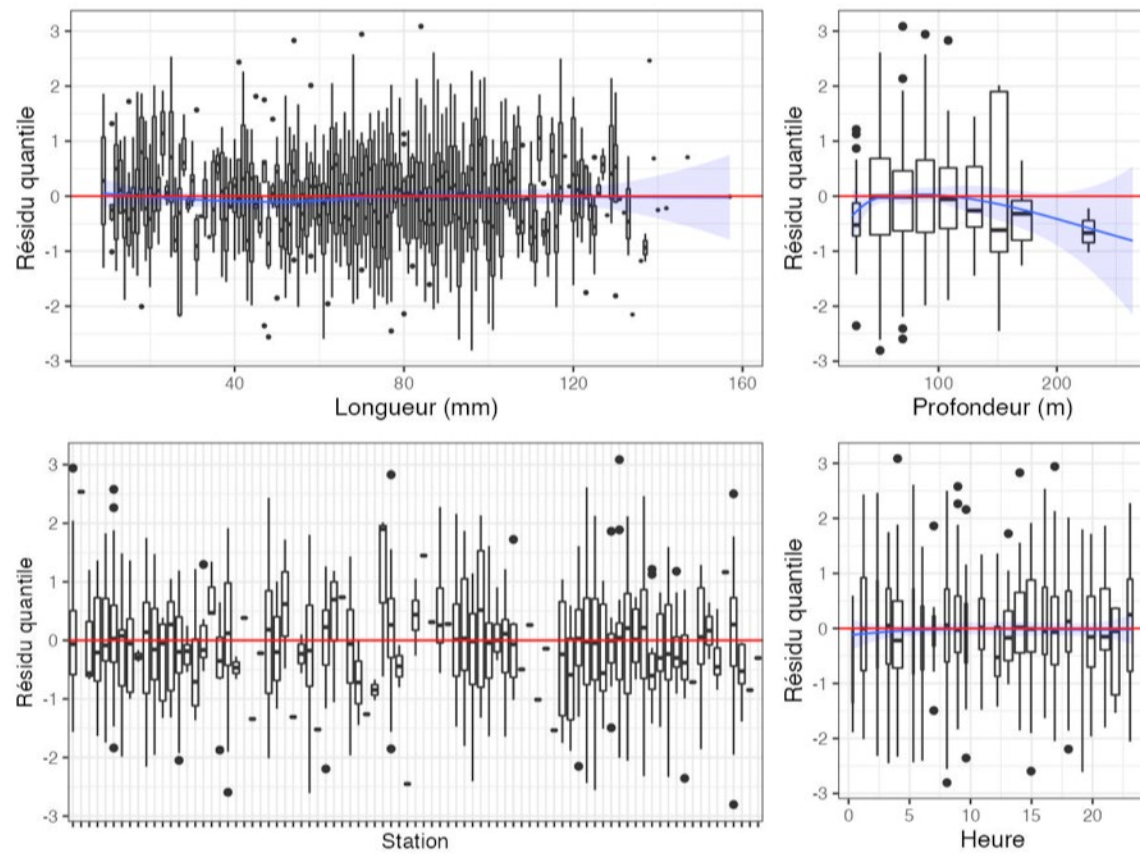


Figure 45c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Cancer irroratus* (2513).

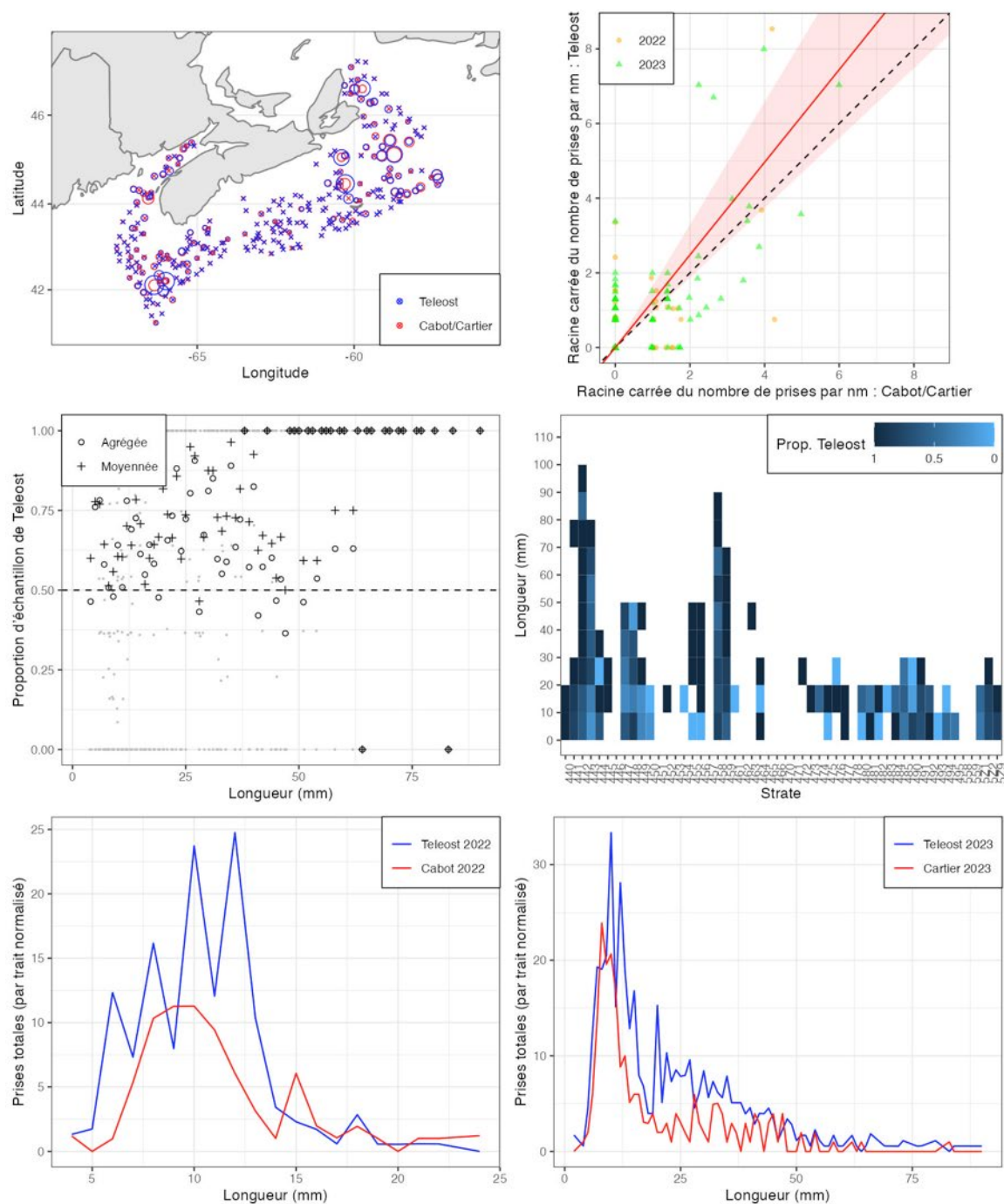


Figure 46a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hyas* sp. (2520).

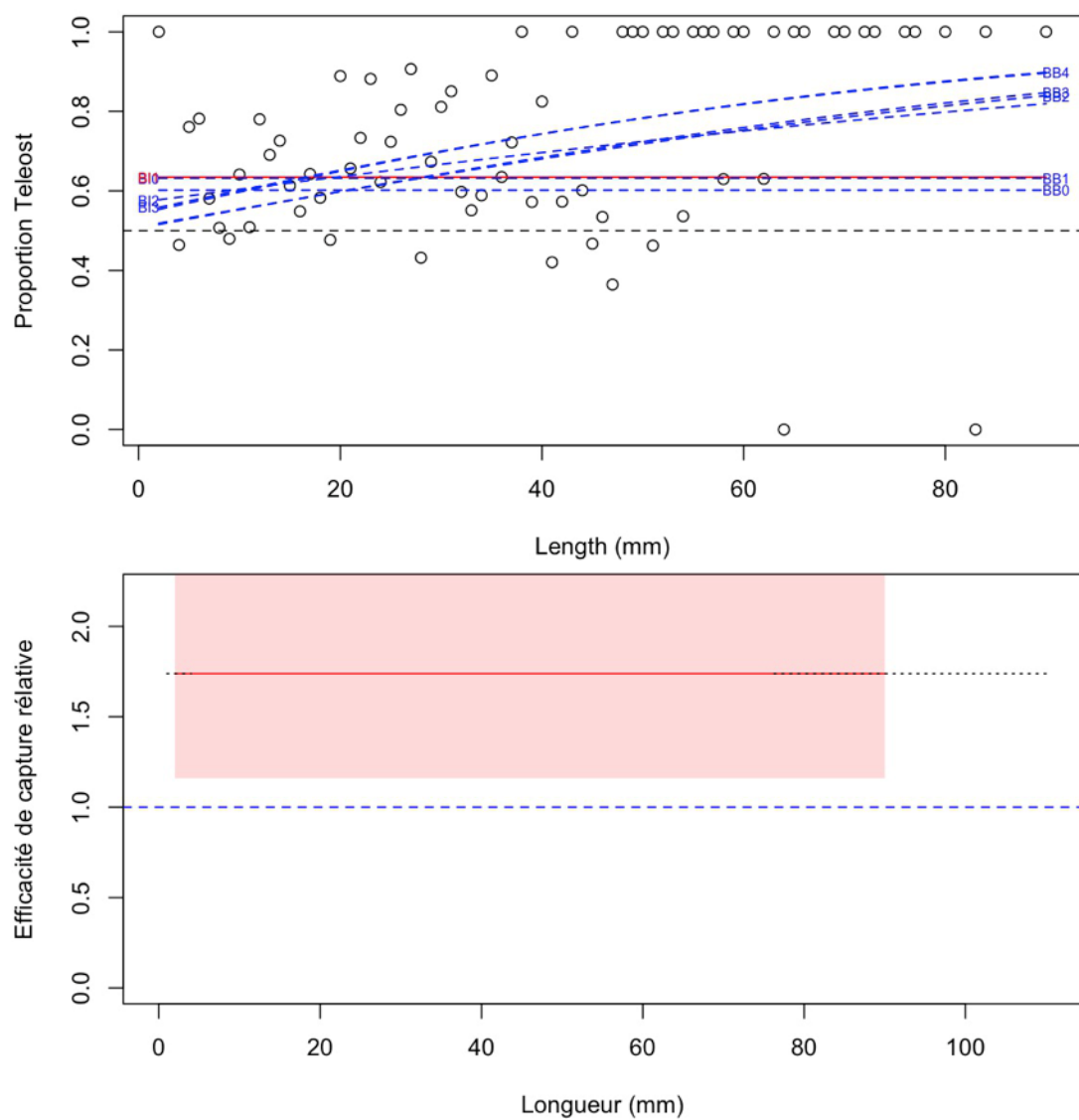


Figure 46b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Hyas* sp. (2520).

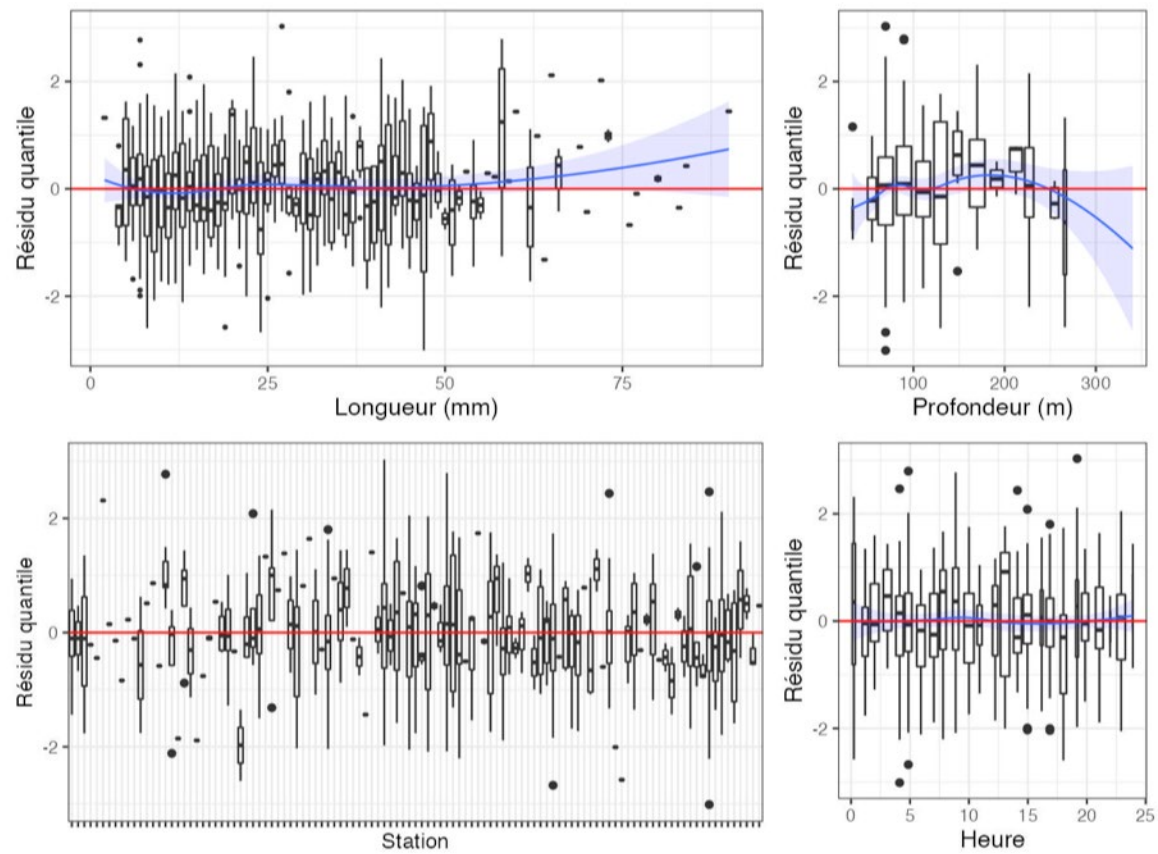


Figure 46c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Hyas sp. (2520)*.

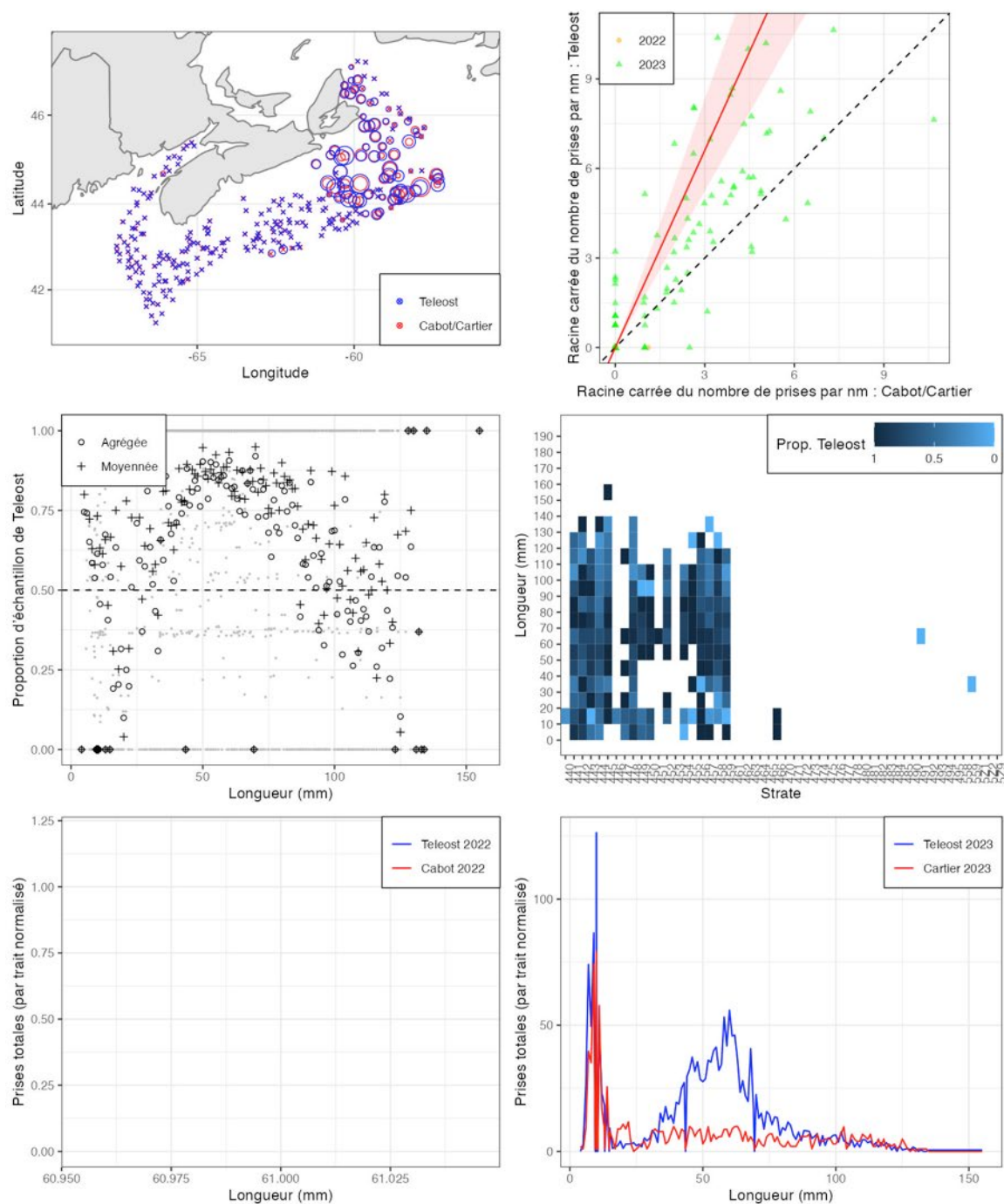


Figure 47a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Chionoecetes opilio* (2526).

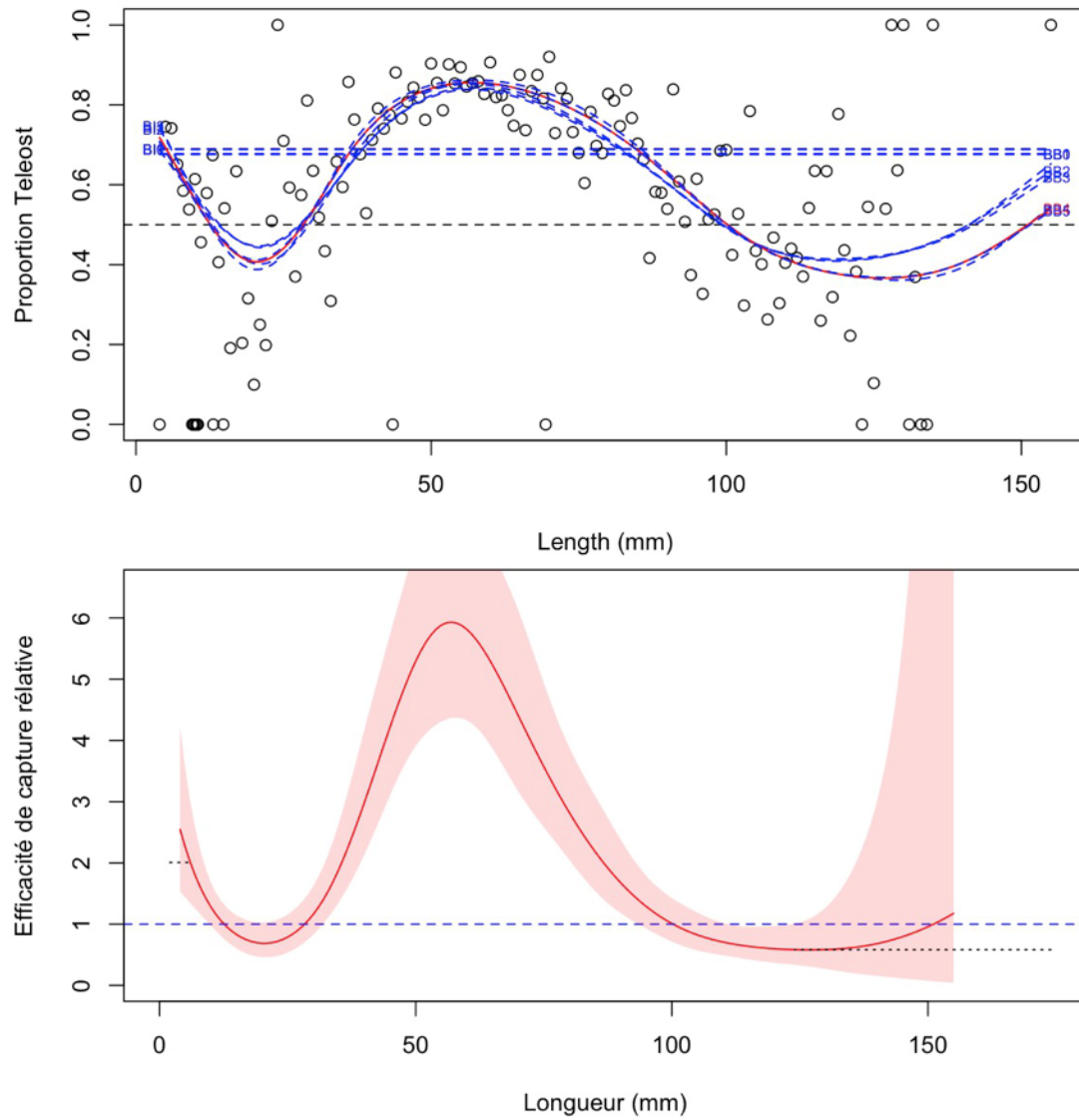


Figure 47b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Chionoecetes opilio* (2526).

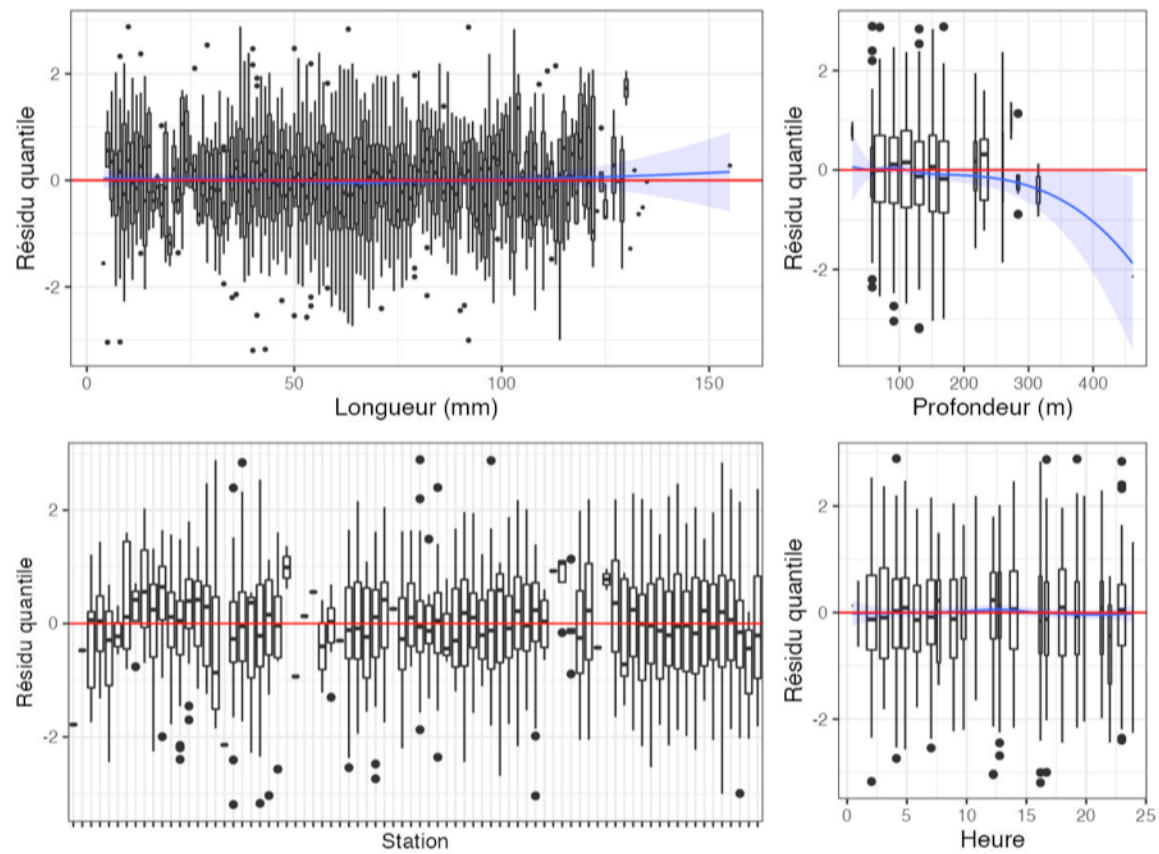


Figure 47c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Chionoecetes opilio* (2526).

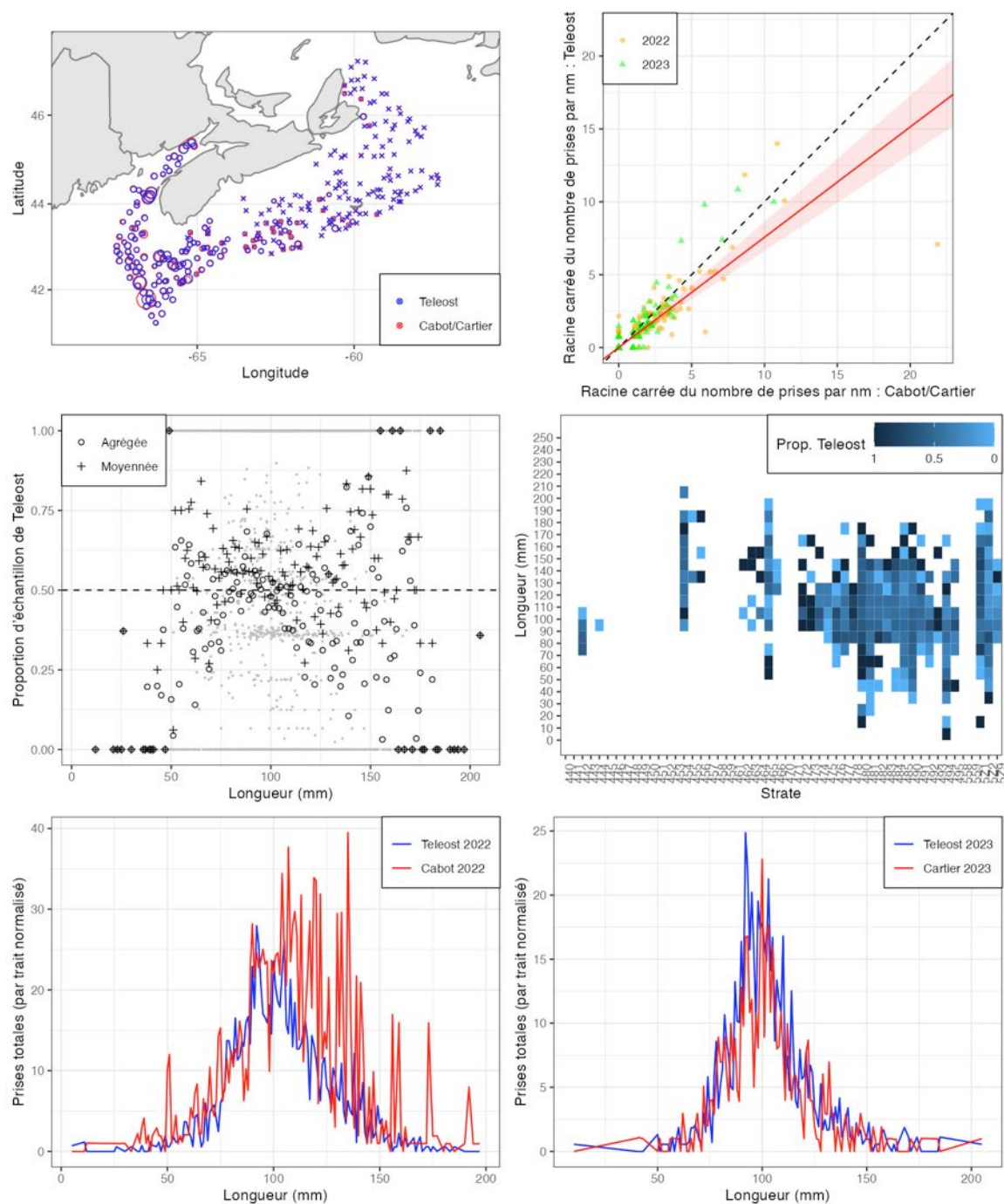


Figure 48a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Homarus americanus* (2550).

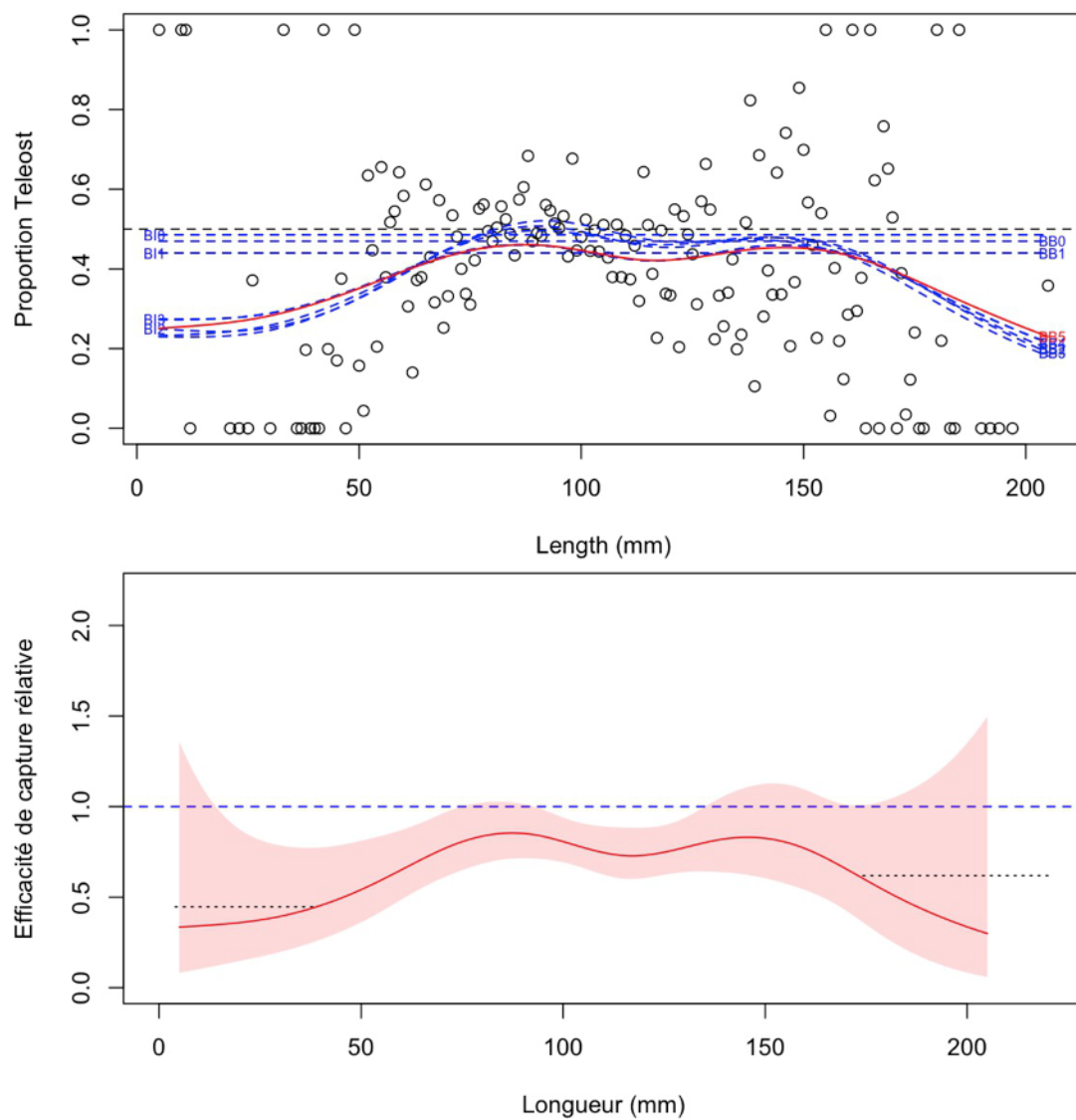


Figure 48b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Homarus americanus* (2550).

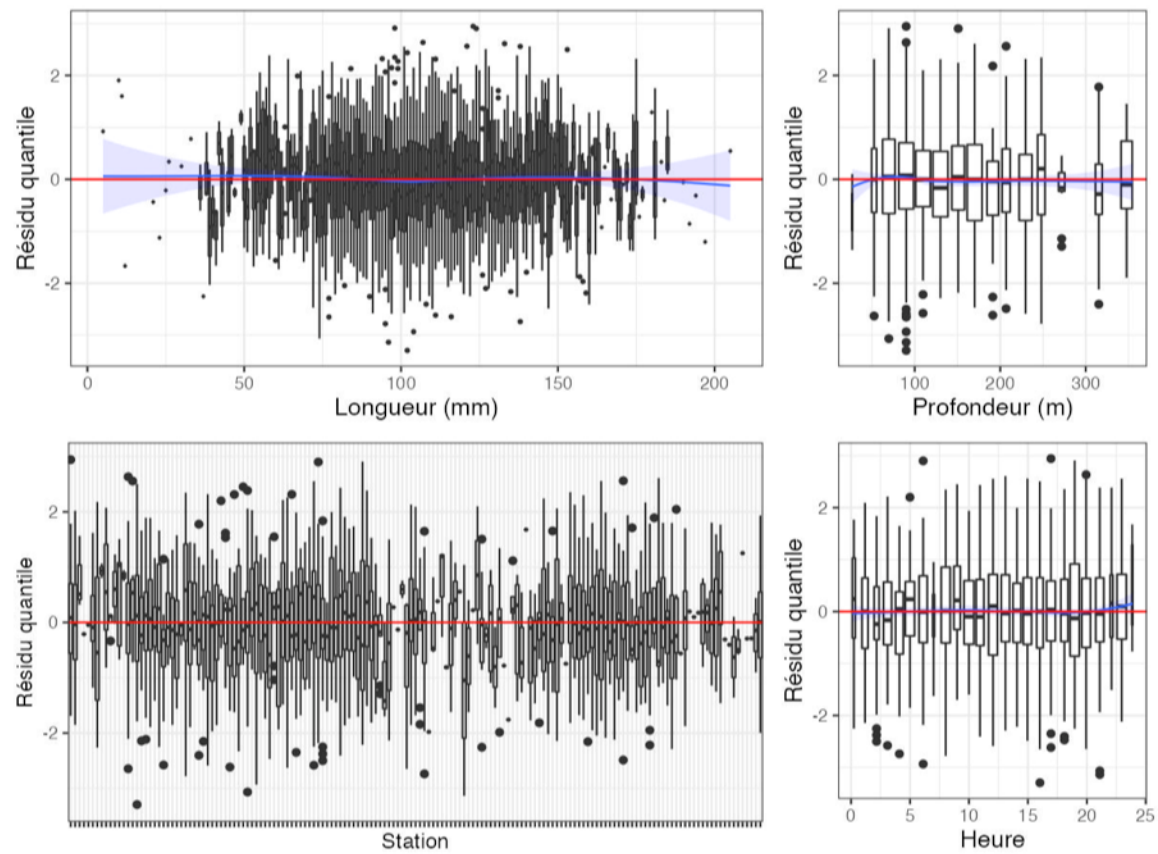


Figure 48c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Homarus americanus* (2550).

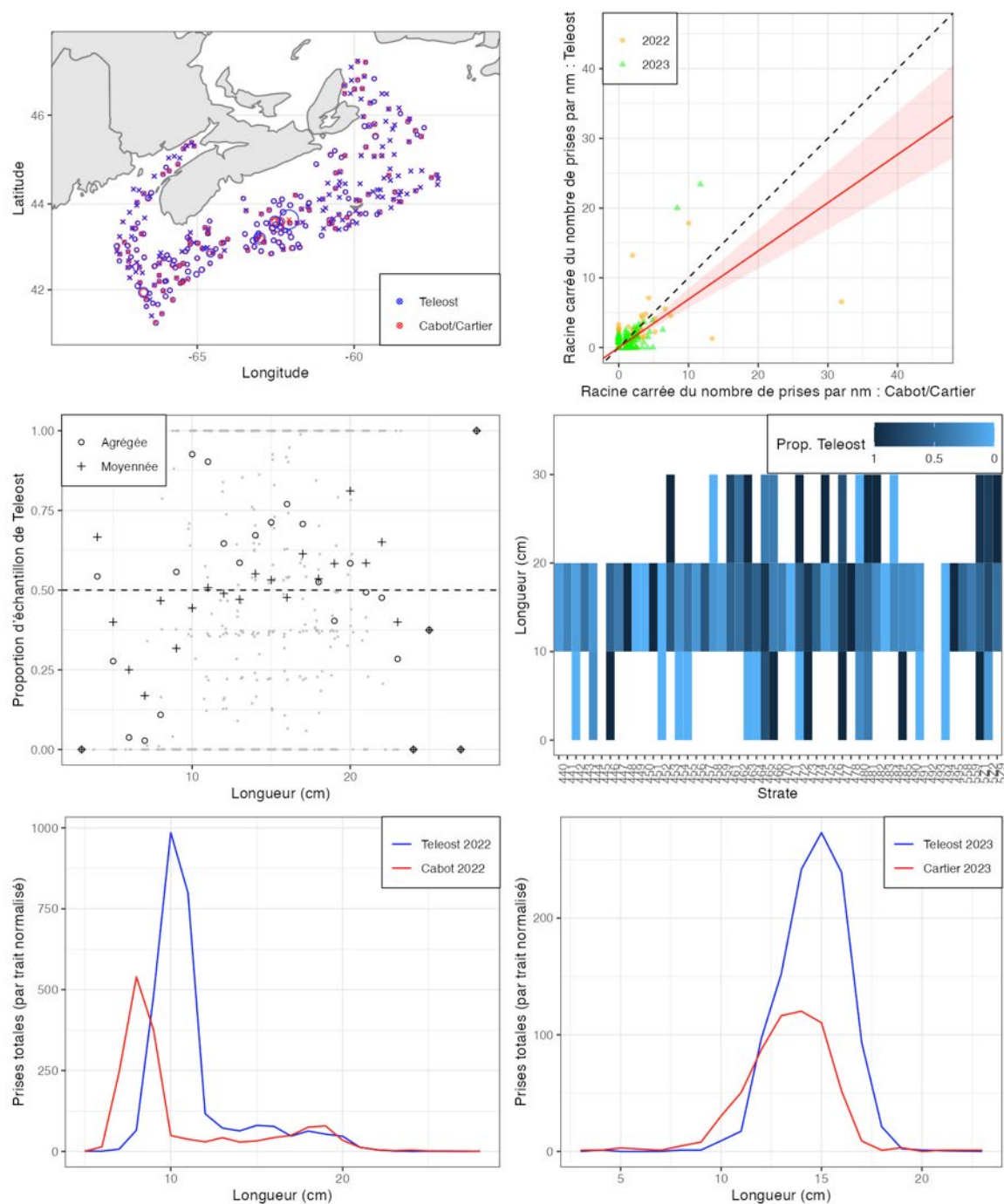


Figure 49a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Illex illecebrosus* (4511).

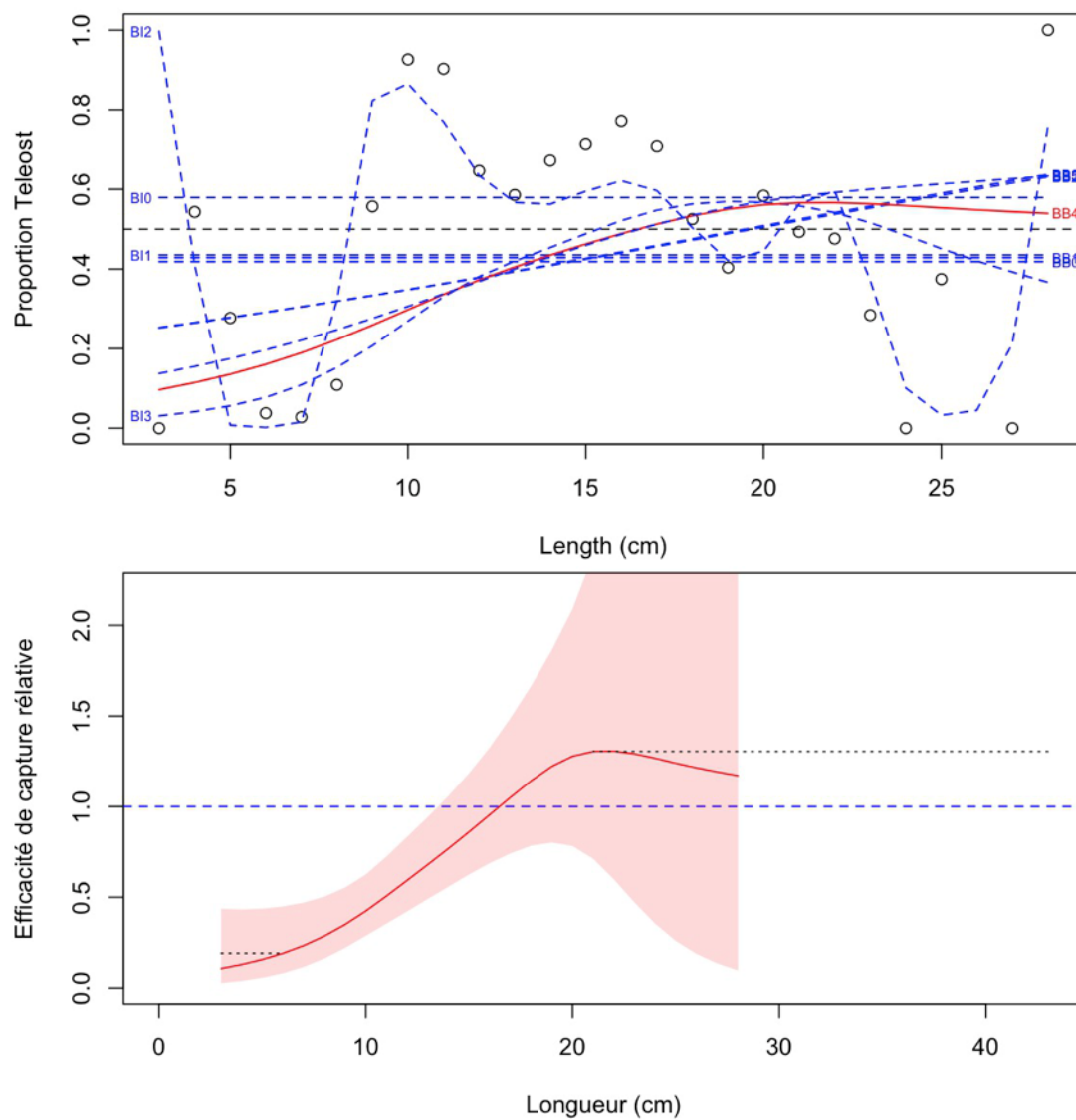


Figure 49b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Illex illecebrosus* (4511).

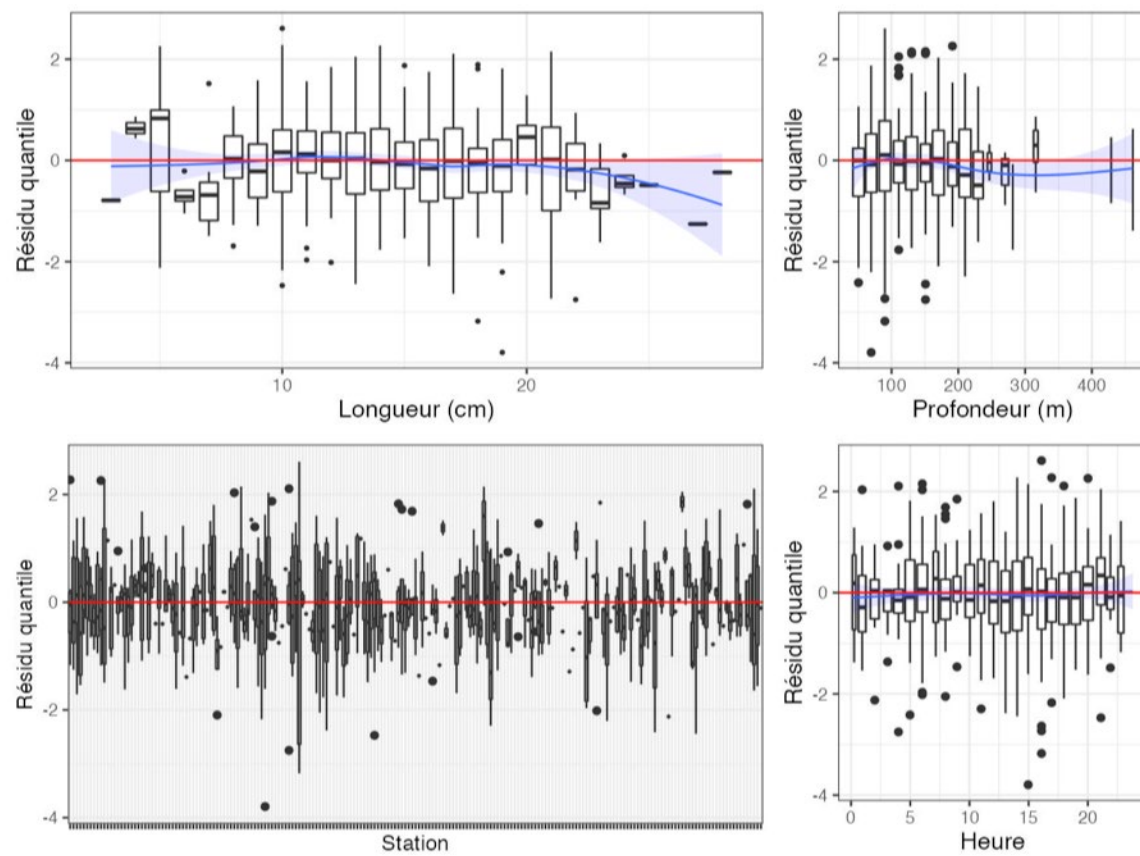


Figure 49c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Illex illecebrosus* (4511).

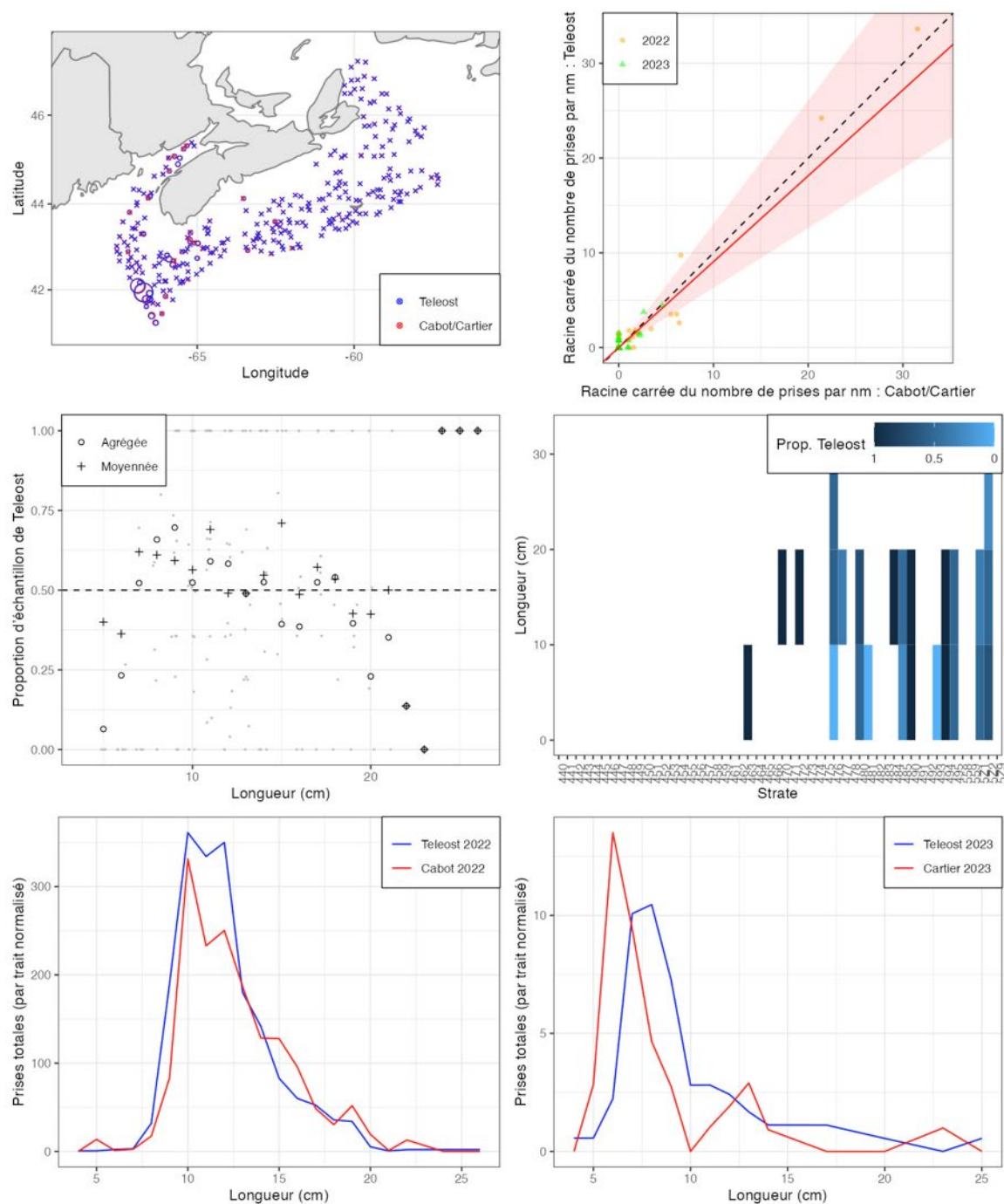


Figure 50a. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Loligo pealeii* (4512).

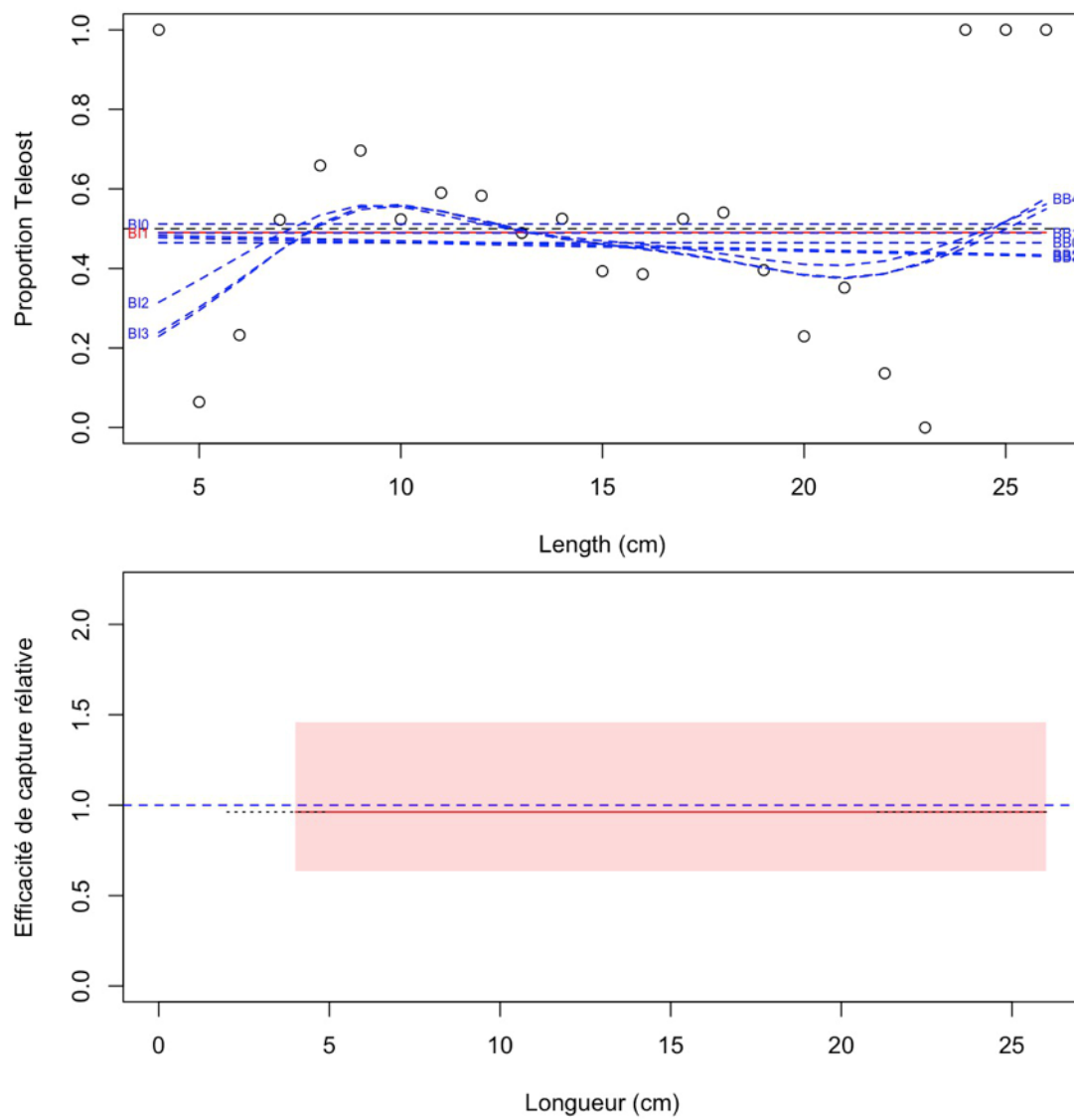


Figure 50b. Ajustements du modèle et étalonnage fondé sur la longueur sélectionné pour *Loligo pealeii* (4512).

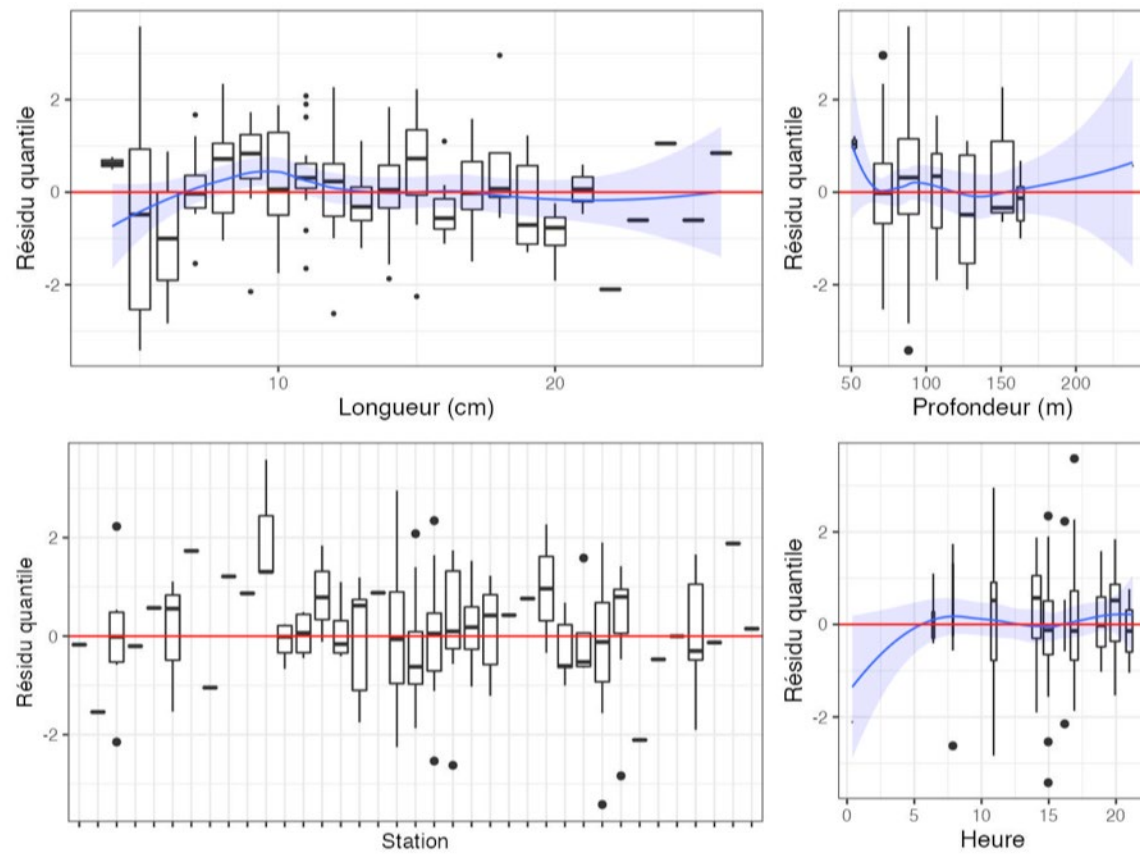


Figure 50c. Quantiles des résidus randomisés et normalisés du modèle sélectionné pour *Loligo pealeii* (4512).

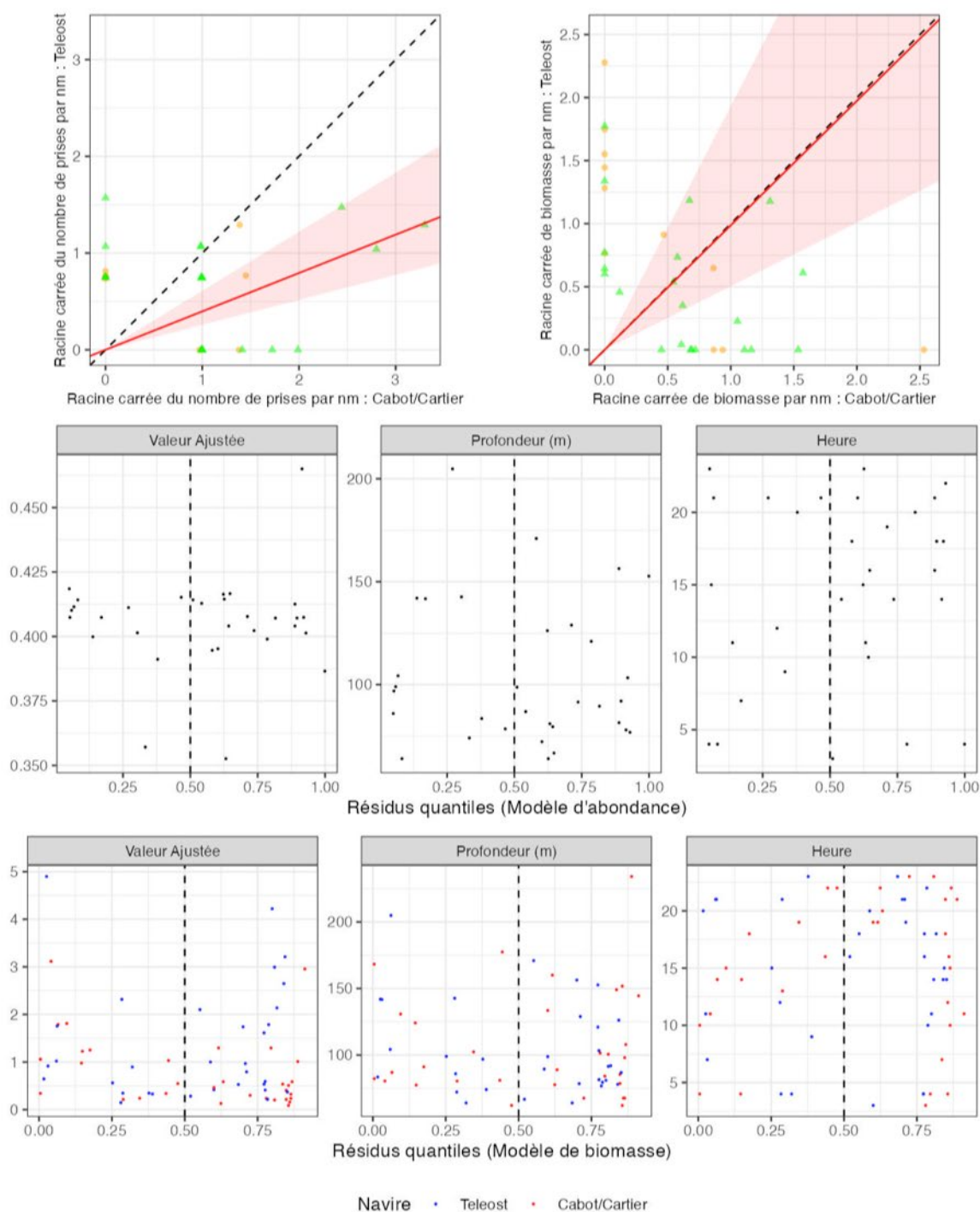


Figure 51. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Anarhichas lupus* (50).

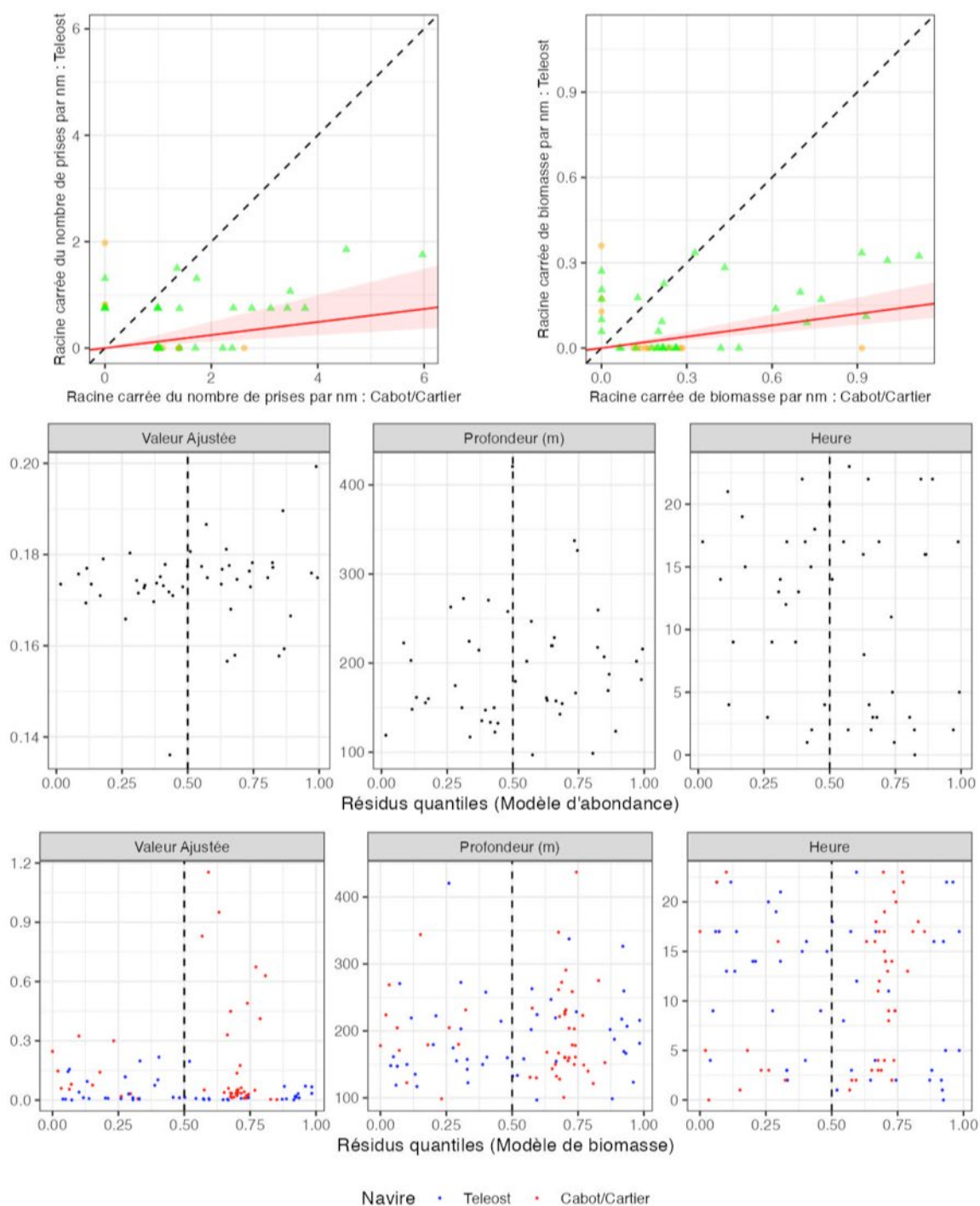


Figure 52. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Enchelyopus cimbrius* (114).

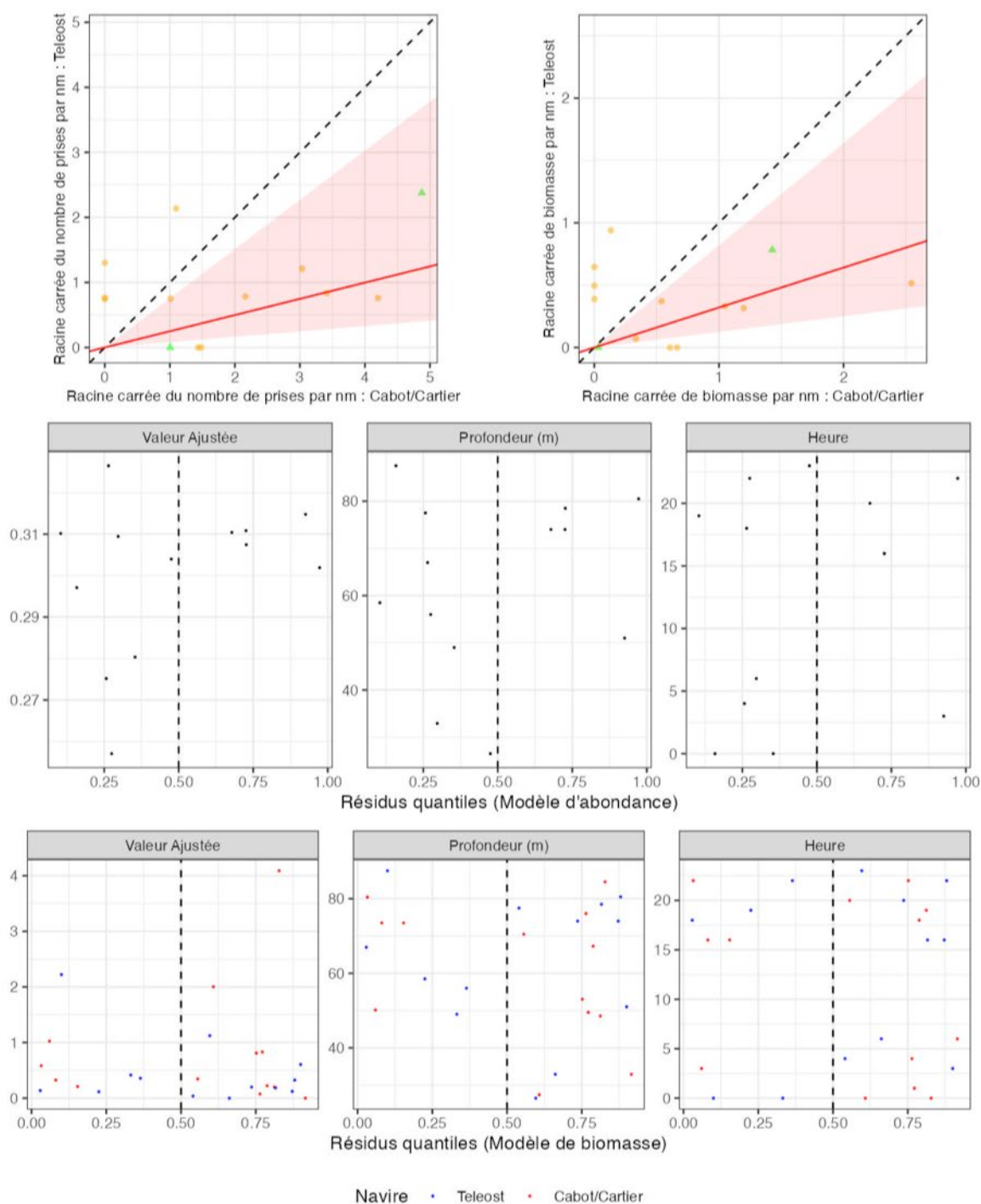


Figure 53. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Scophthalmus aquosus* (143).

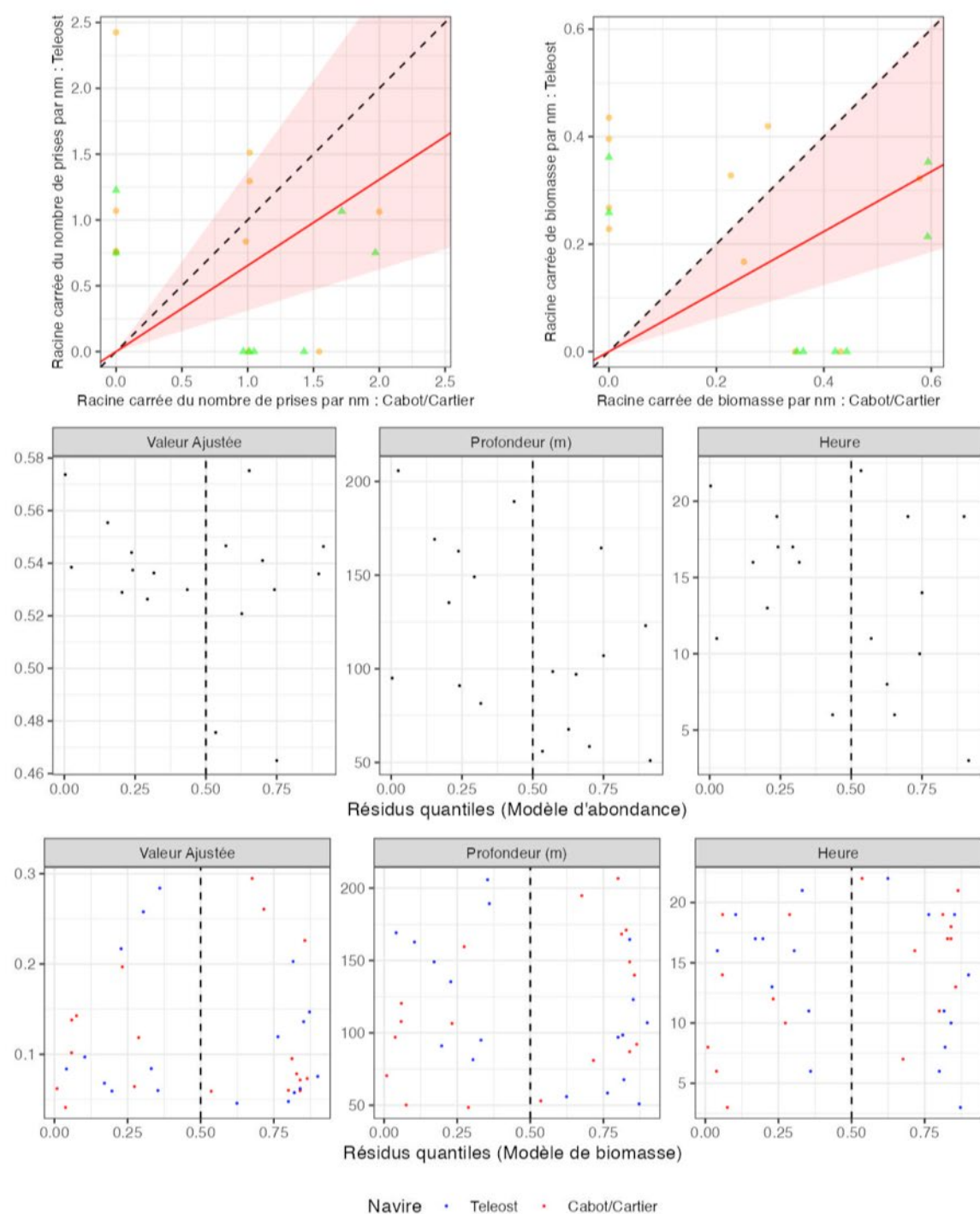


Figure 54. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Alosa aestivalis* (165).

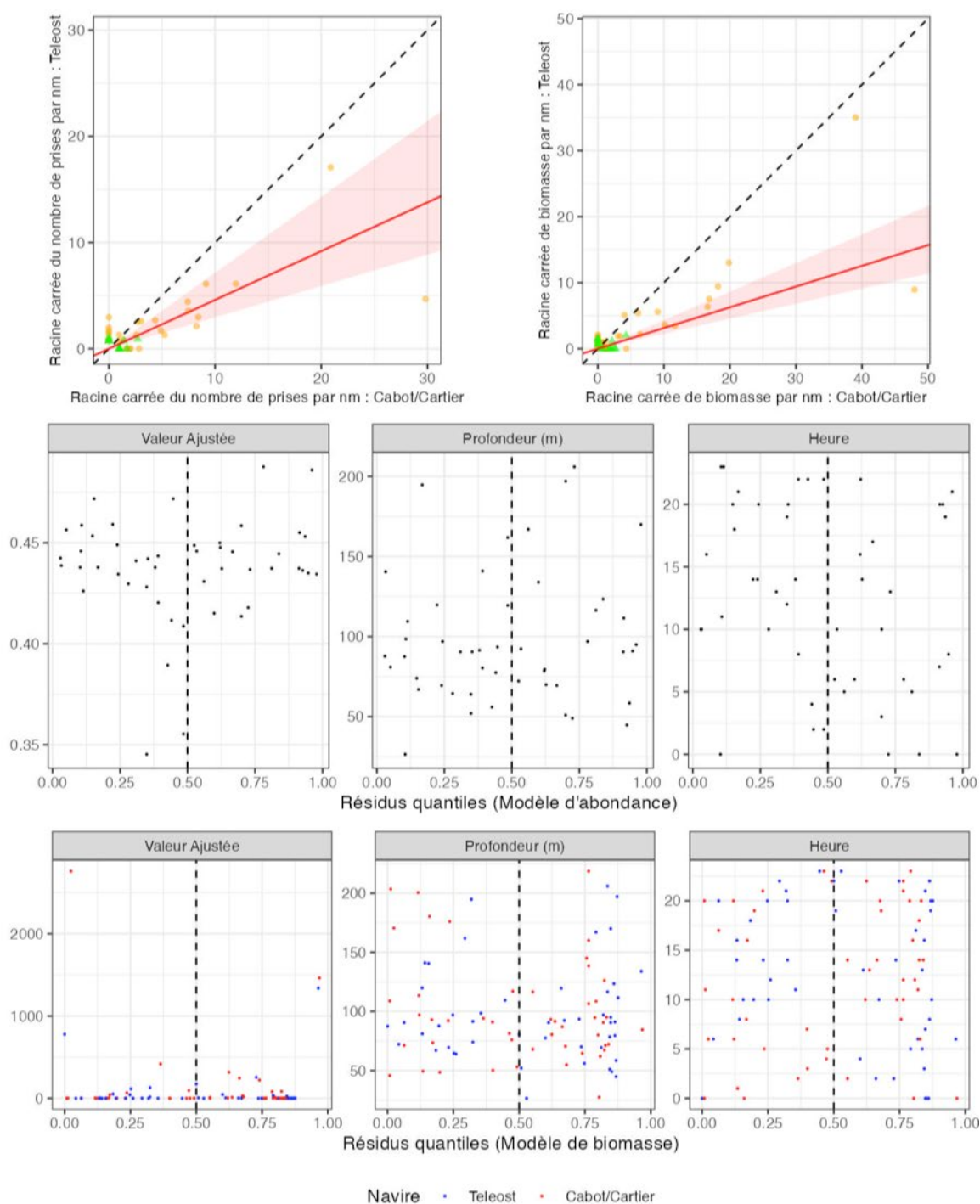


Figure 55. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Leucoraja ocellata* (204).

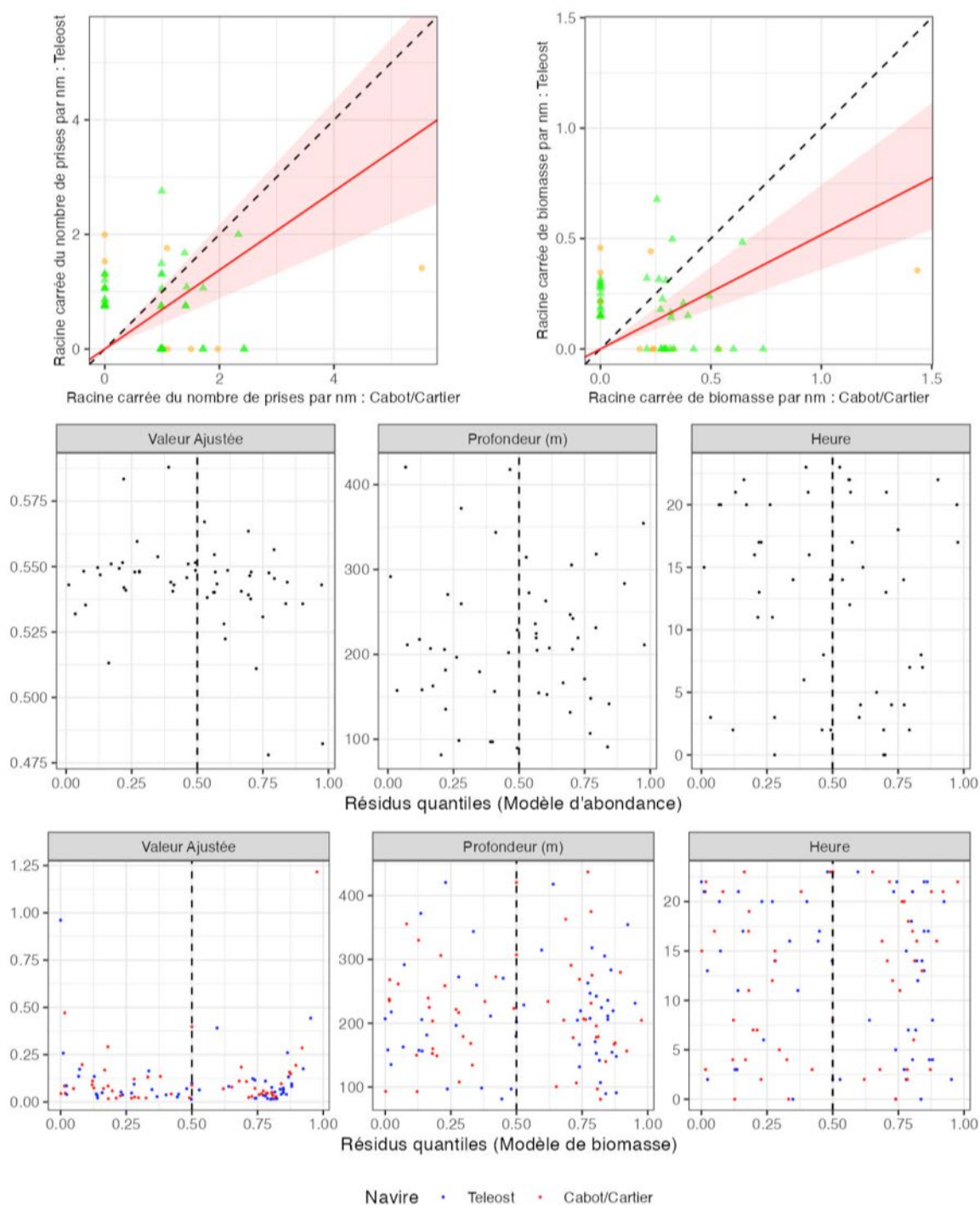


Figure 56. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Myxine glutinosa* (241).

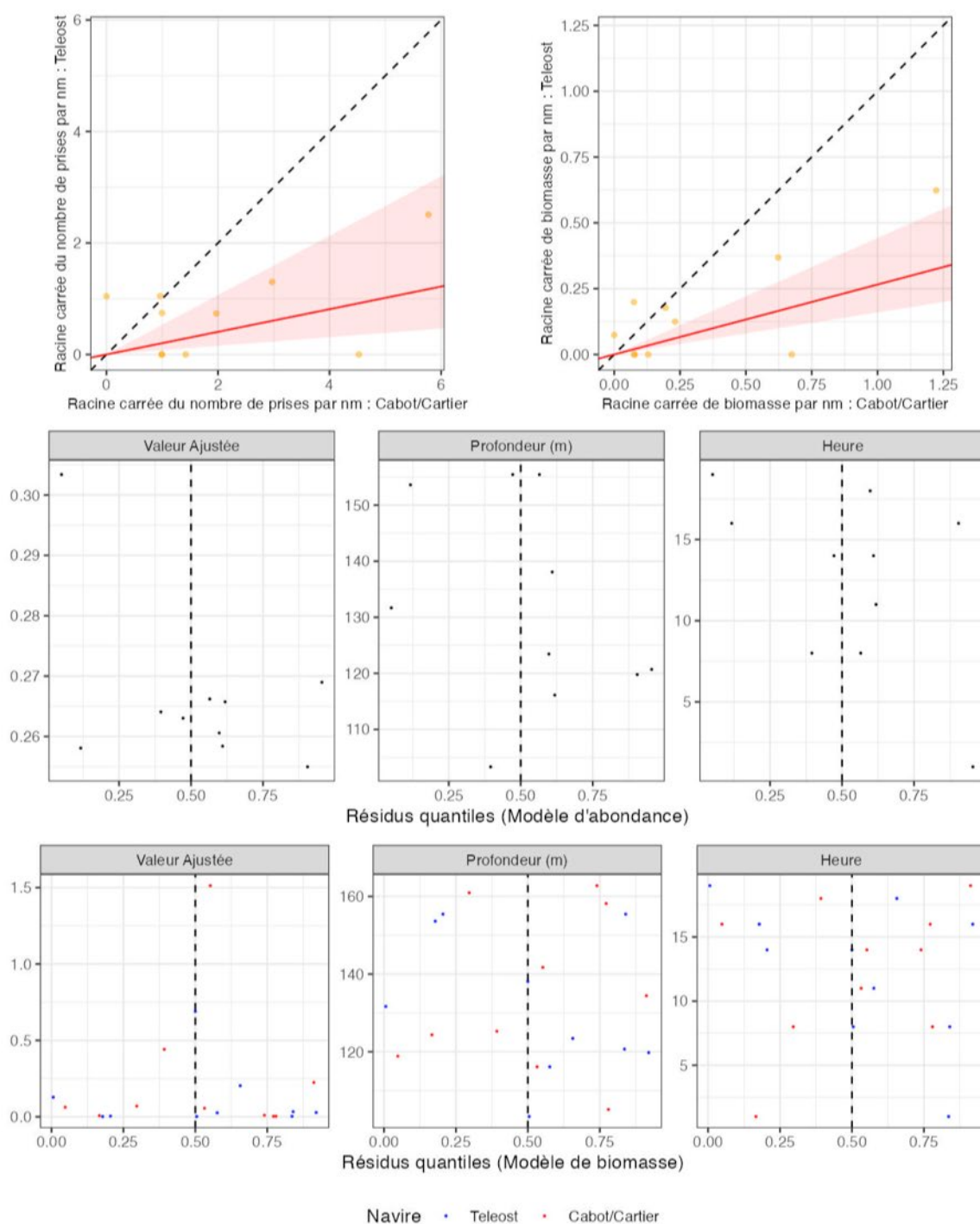


Figure 57. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour Scorpaenidae. (280).

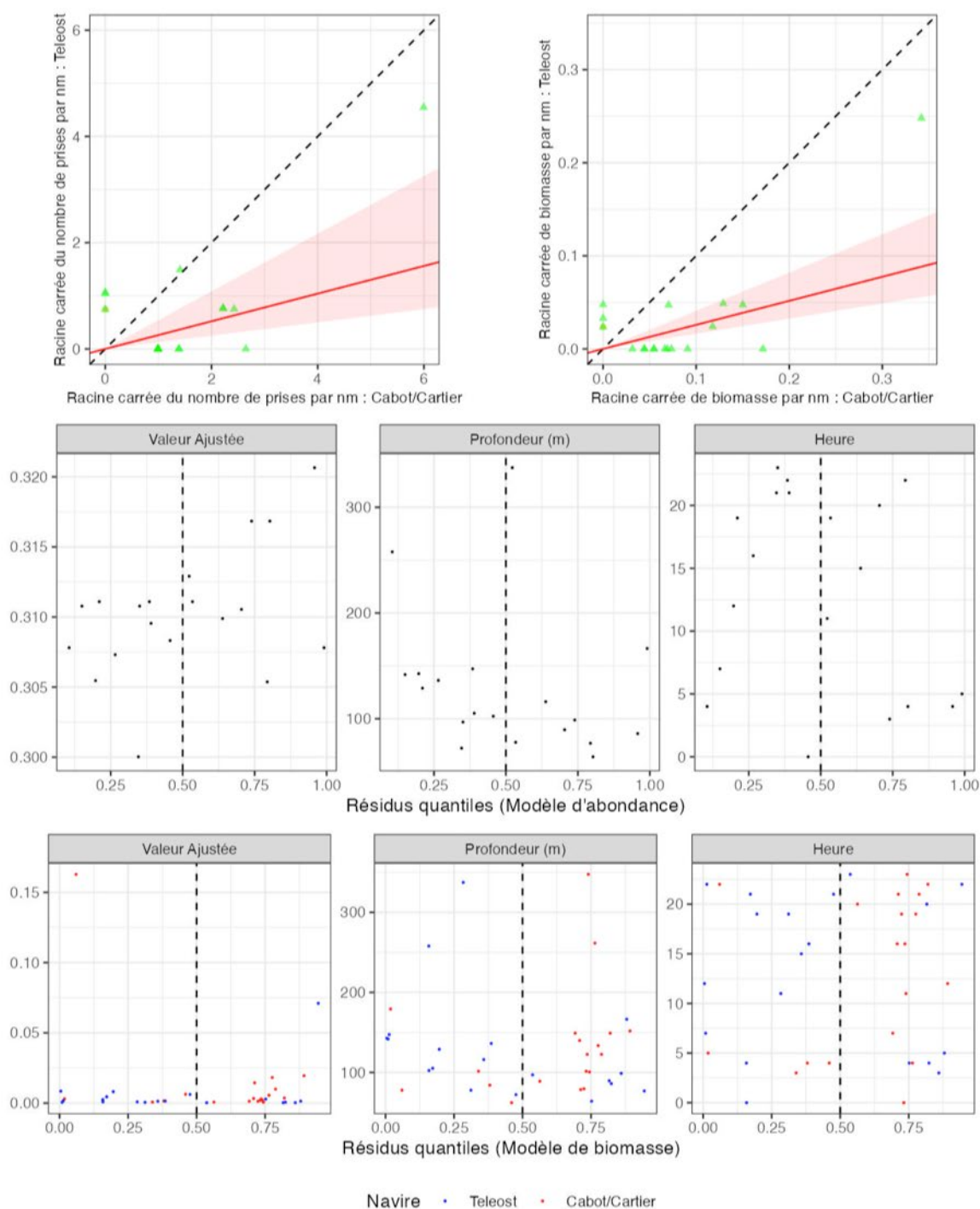


Figure 58. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Ardiellus* sp. (323).

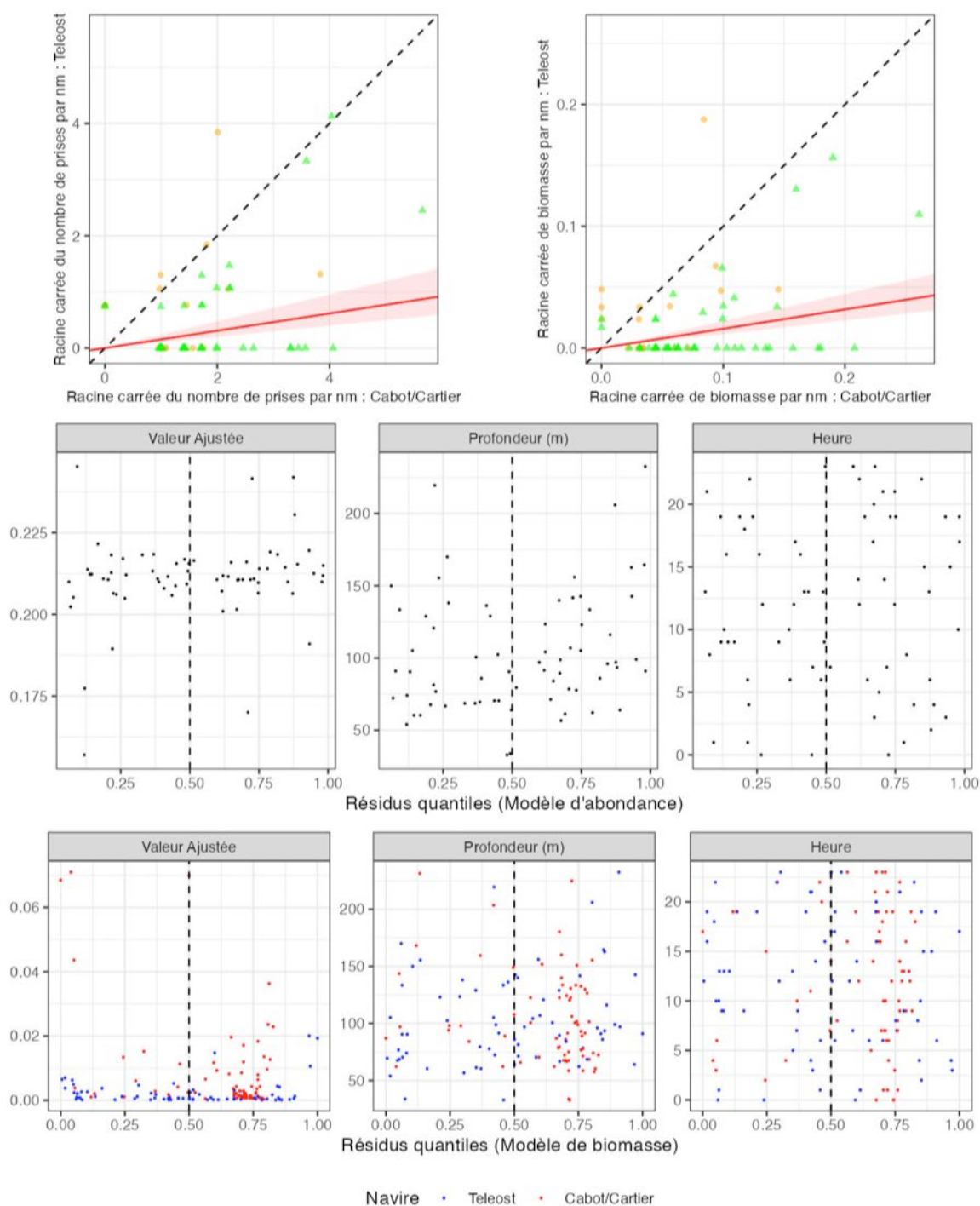


Figure 59. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Aspidocephaloides monopterygius* (340).

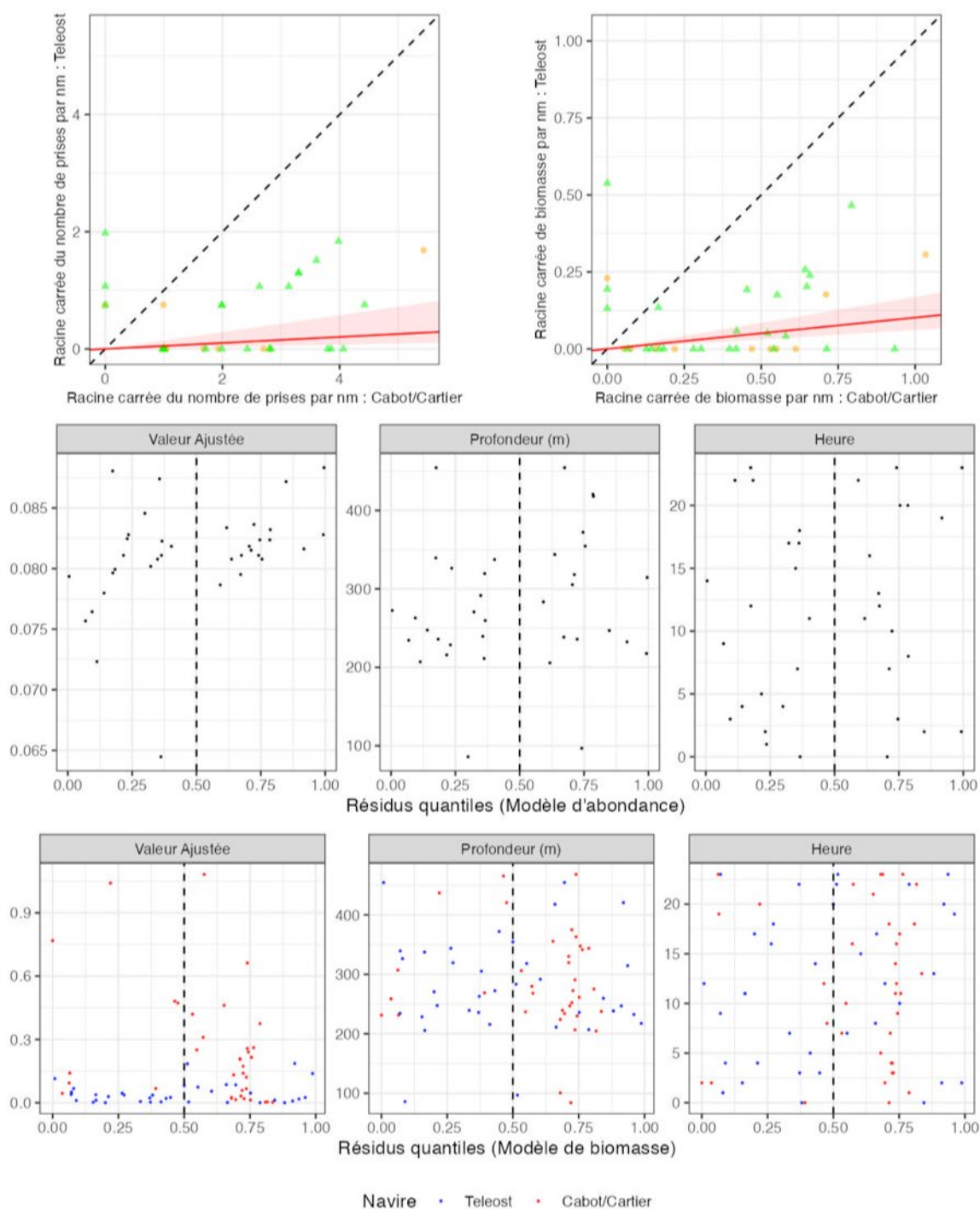


Figure 60. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Nezumia bairdii* (410).

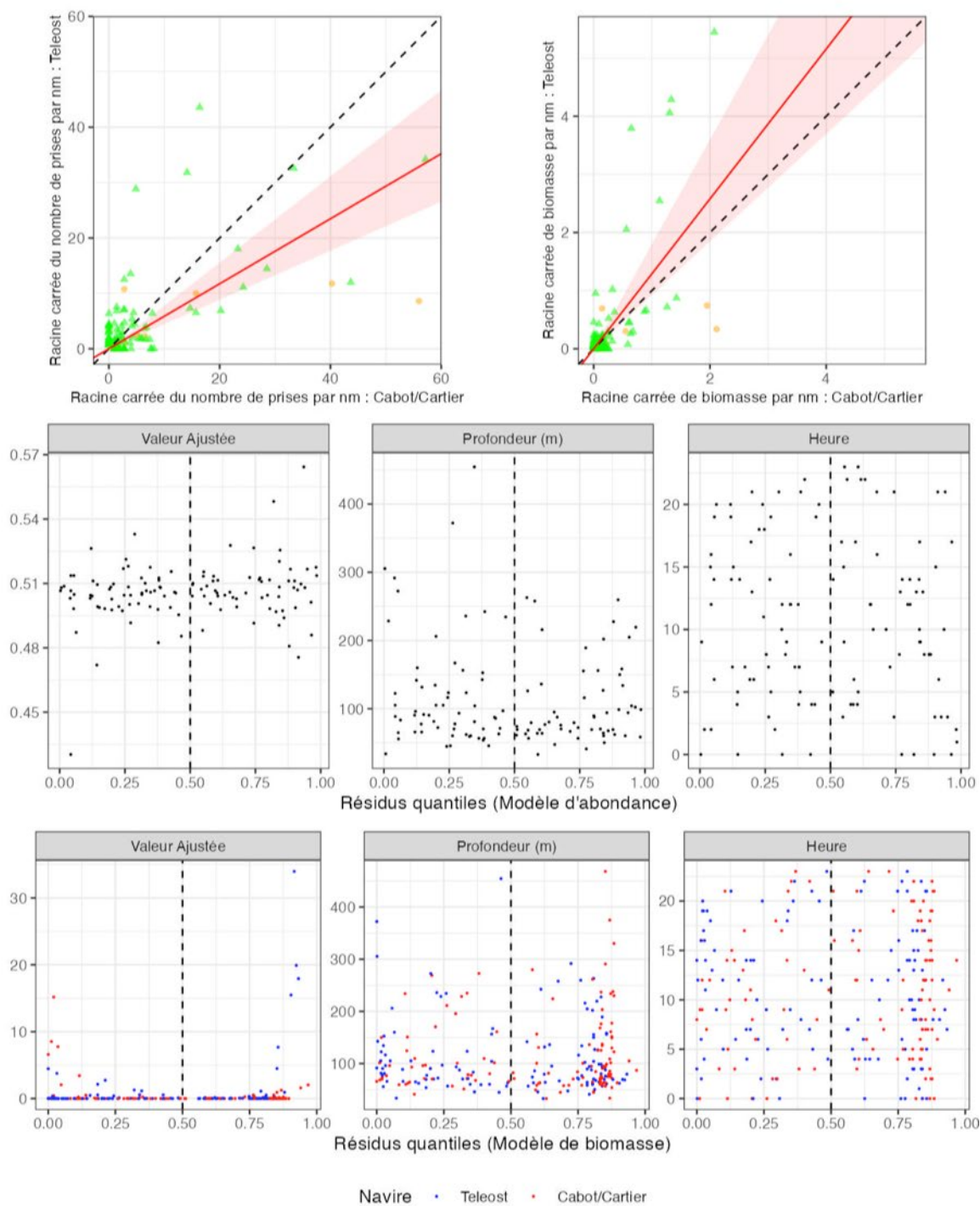


Figure 61. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Ammodytes dubius* (610).

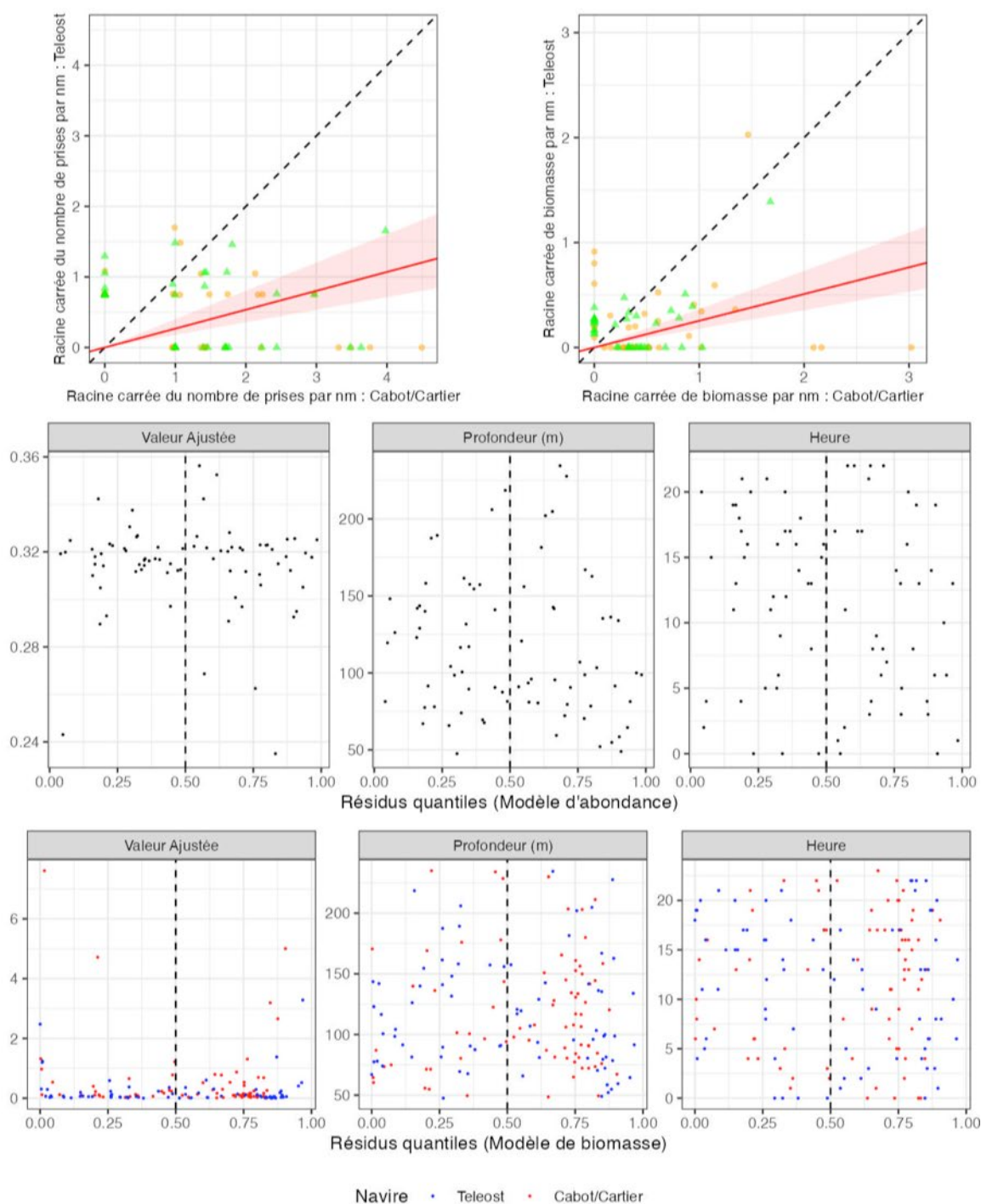


Figure 62. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Zoarces americanus* (640).

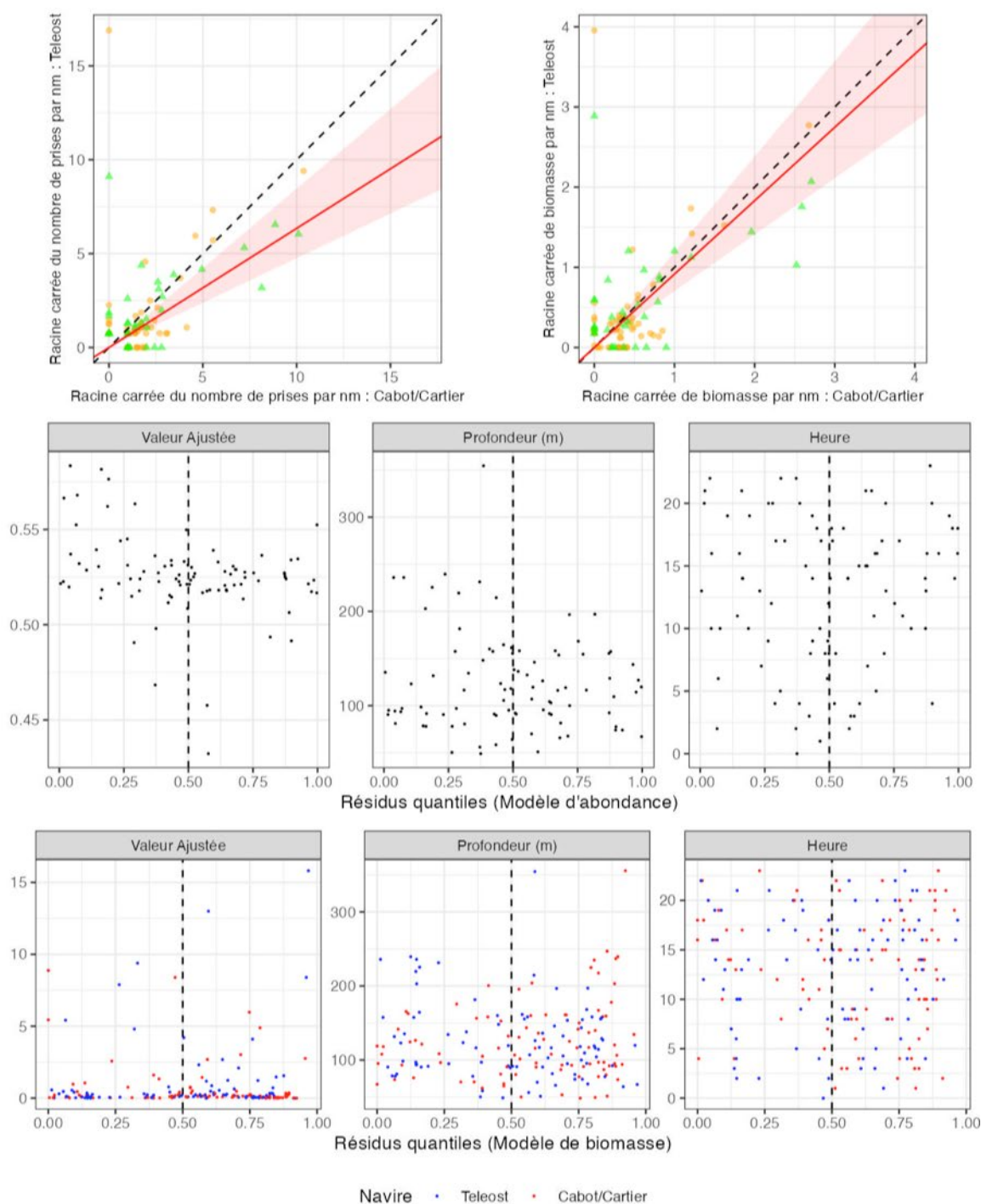


Figure 63. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Peprilus triacanthus* (701).

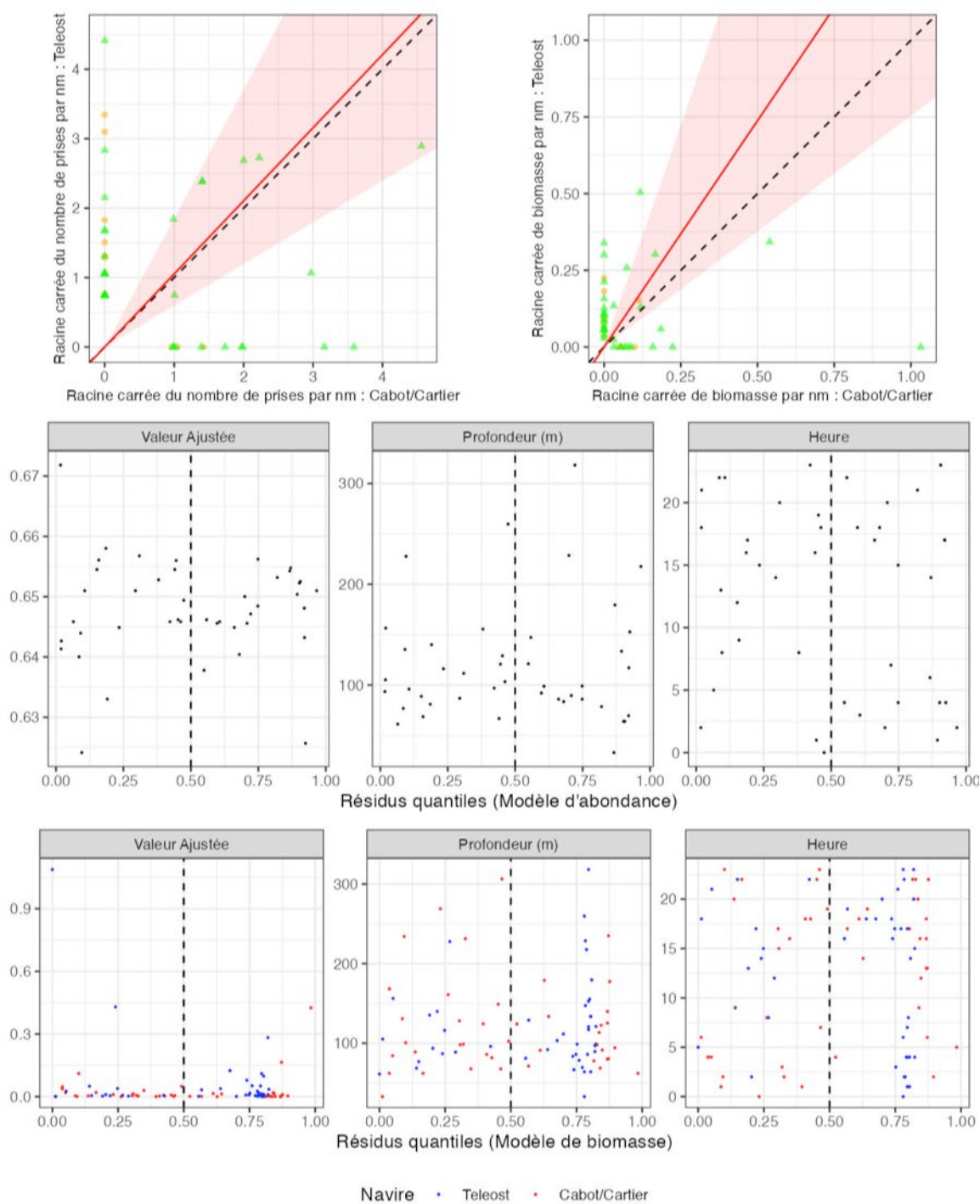


Figure 64. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Tunicata s.p.* (1810).

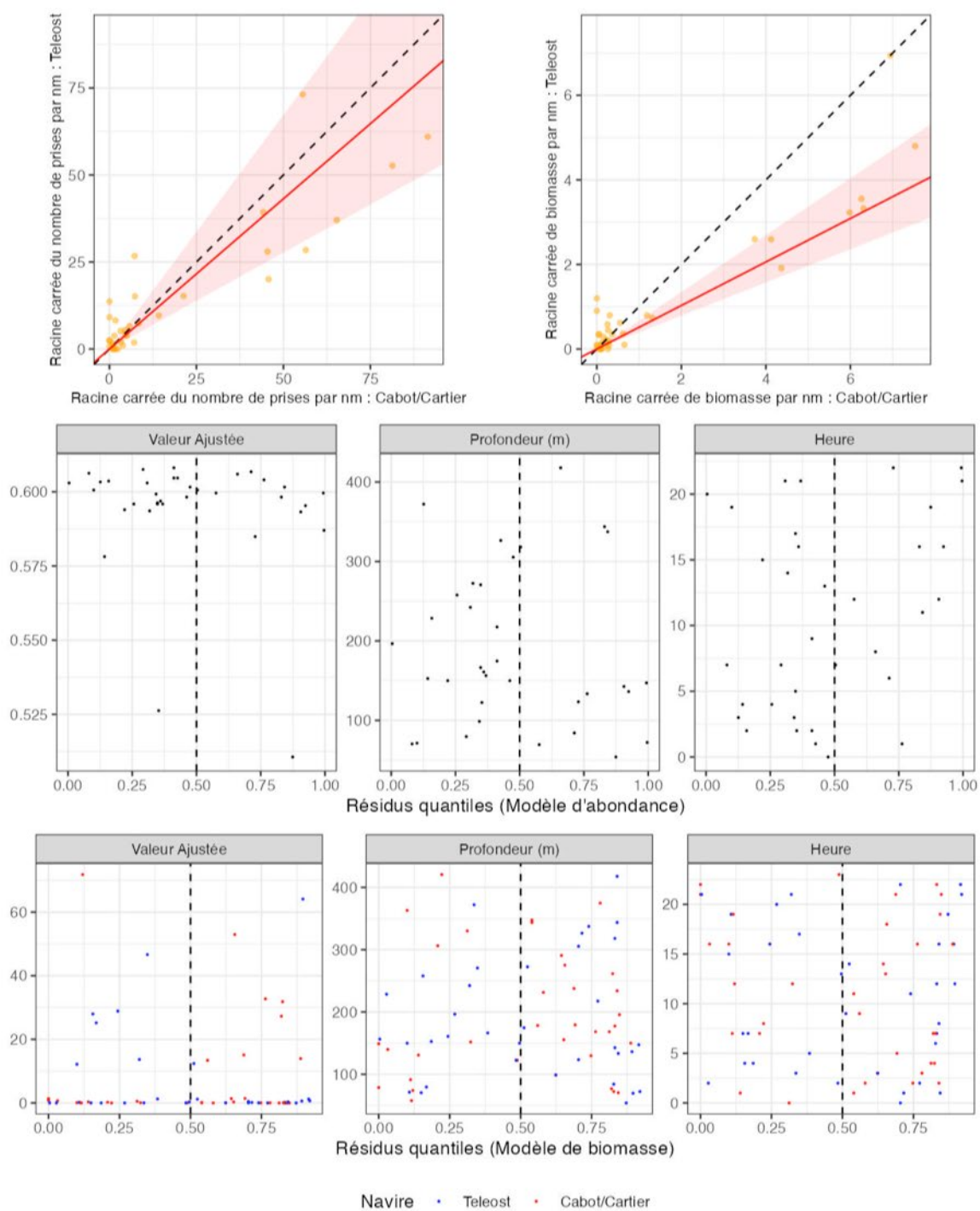


Figure 65. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pandalus borealis* (2211).

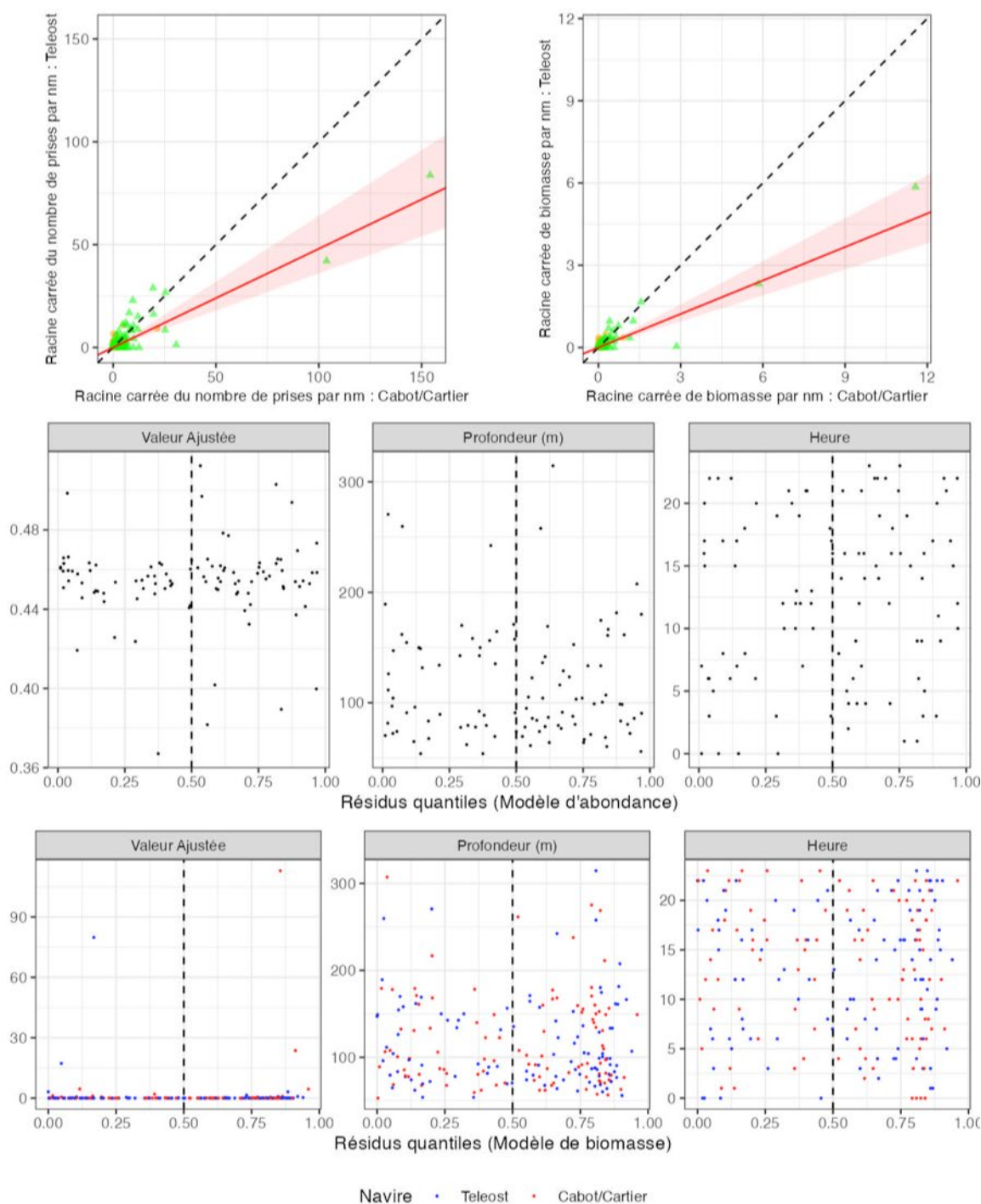


Figure 66. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pandalus montagui* (2212).

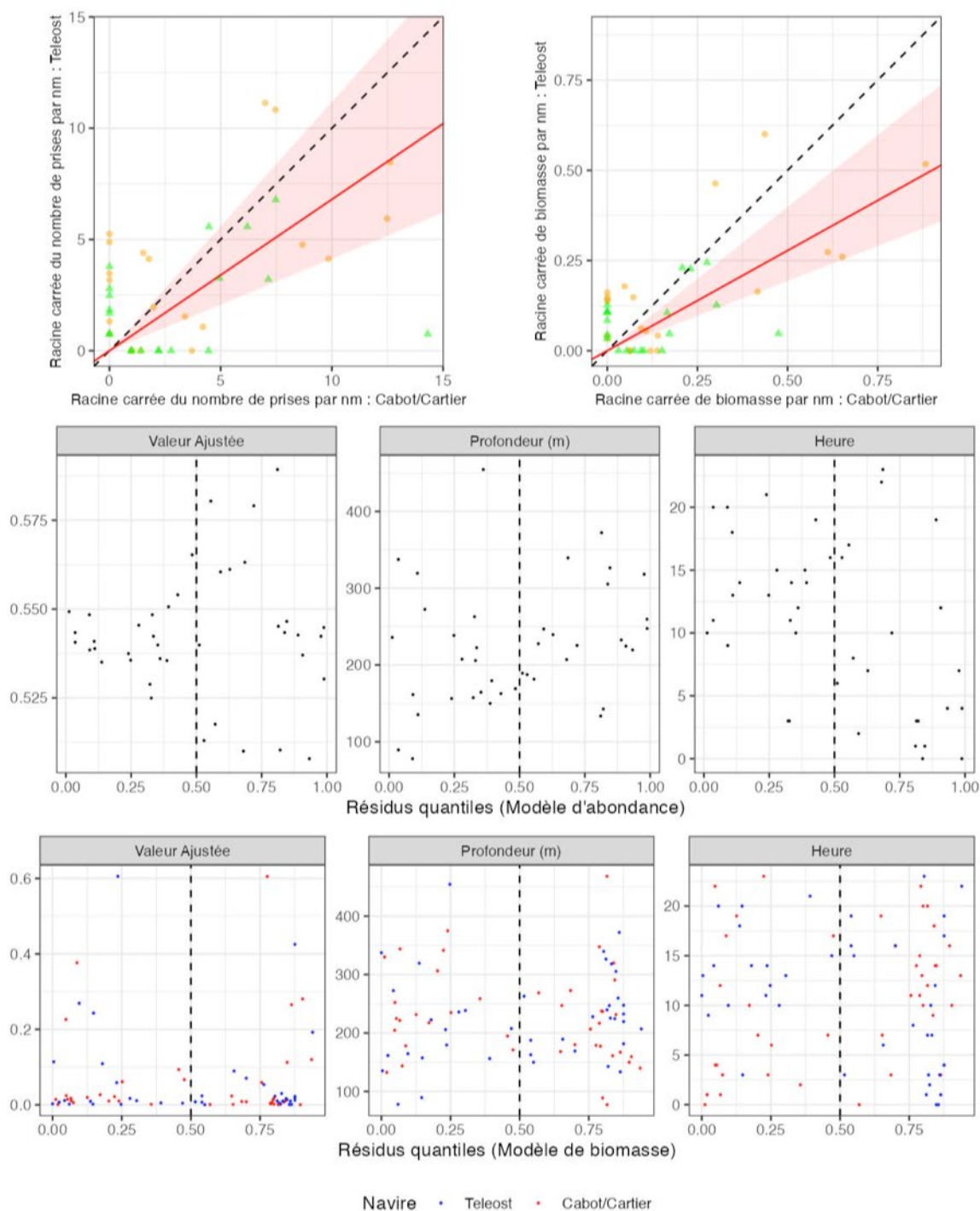


Figure 67. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Atlantopandalus propinquus* (2213).

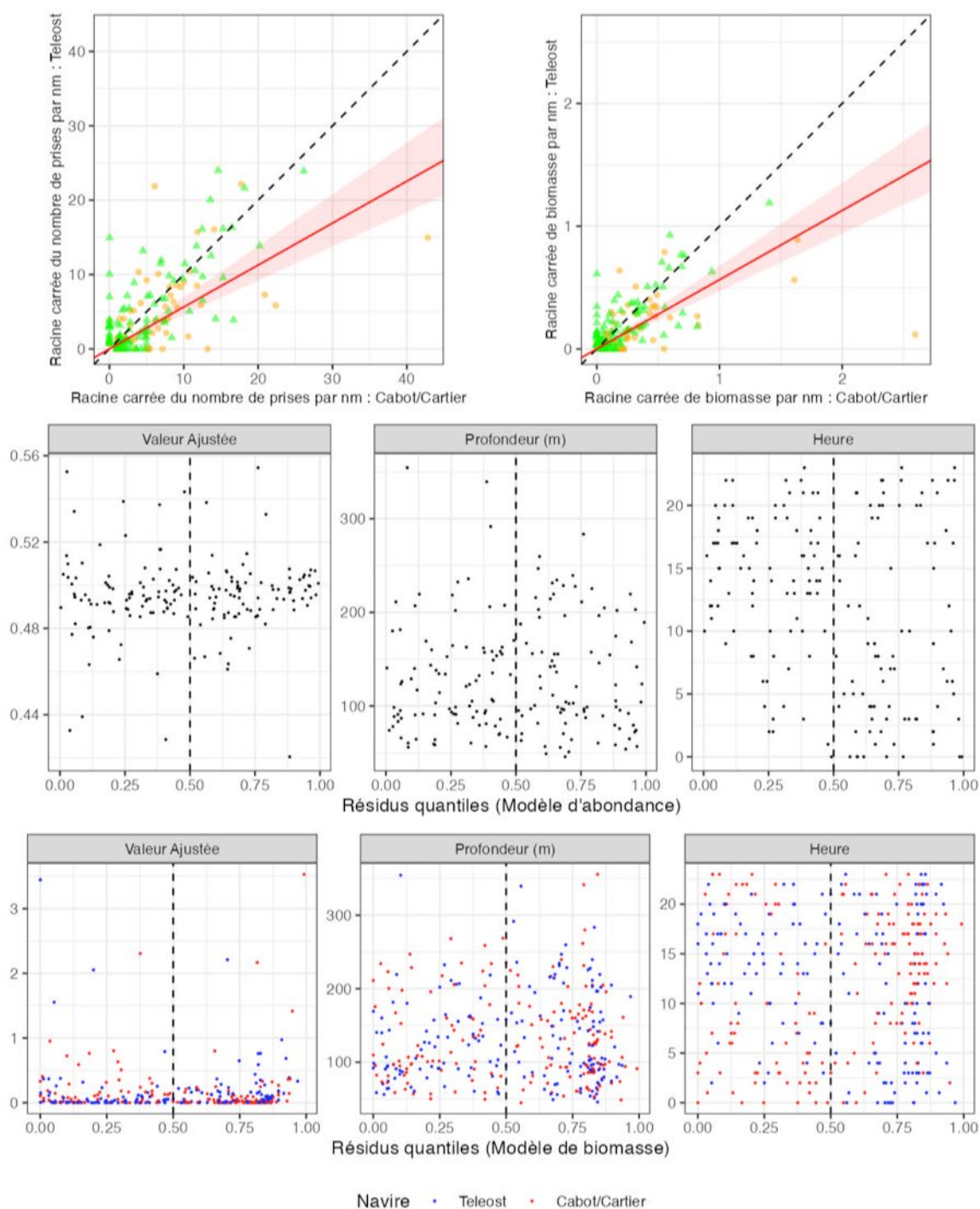


Figure 68. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Dichelopandalus leptocerus* (2214).

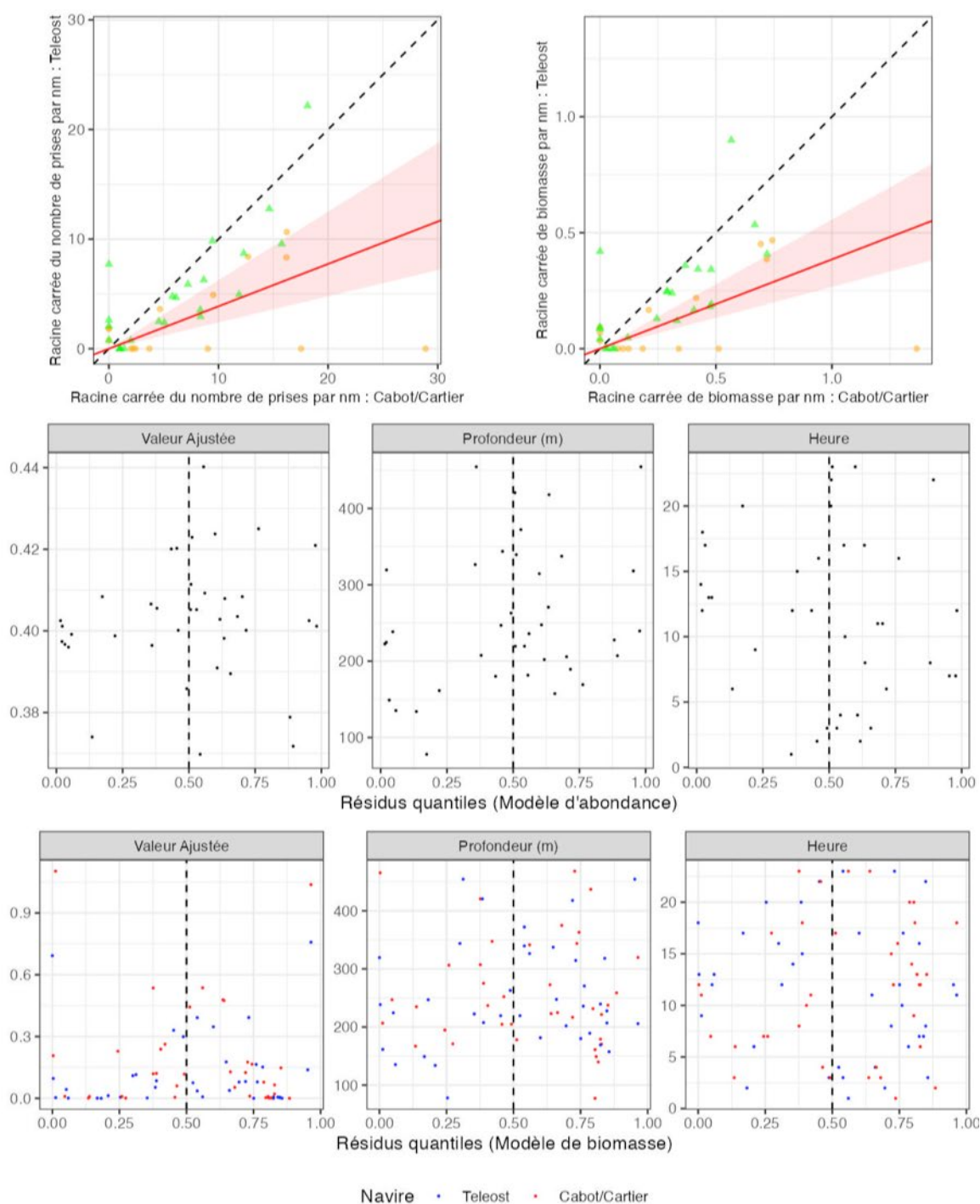


Figure 69. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pasiphaea multidentata* (2221).

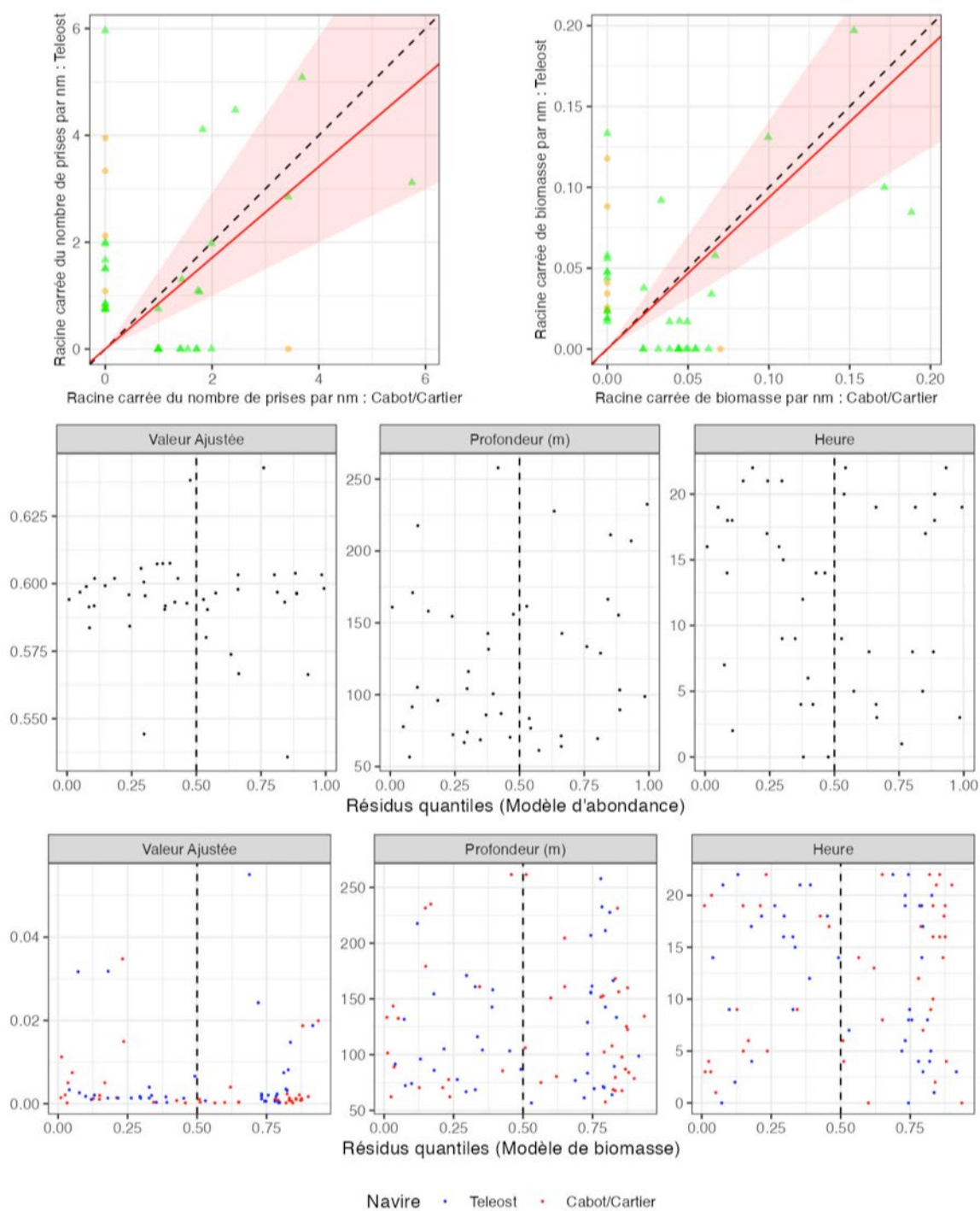


Figure 70. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lebbeus polaris* (2312).

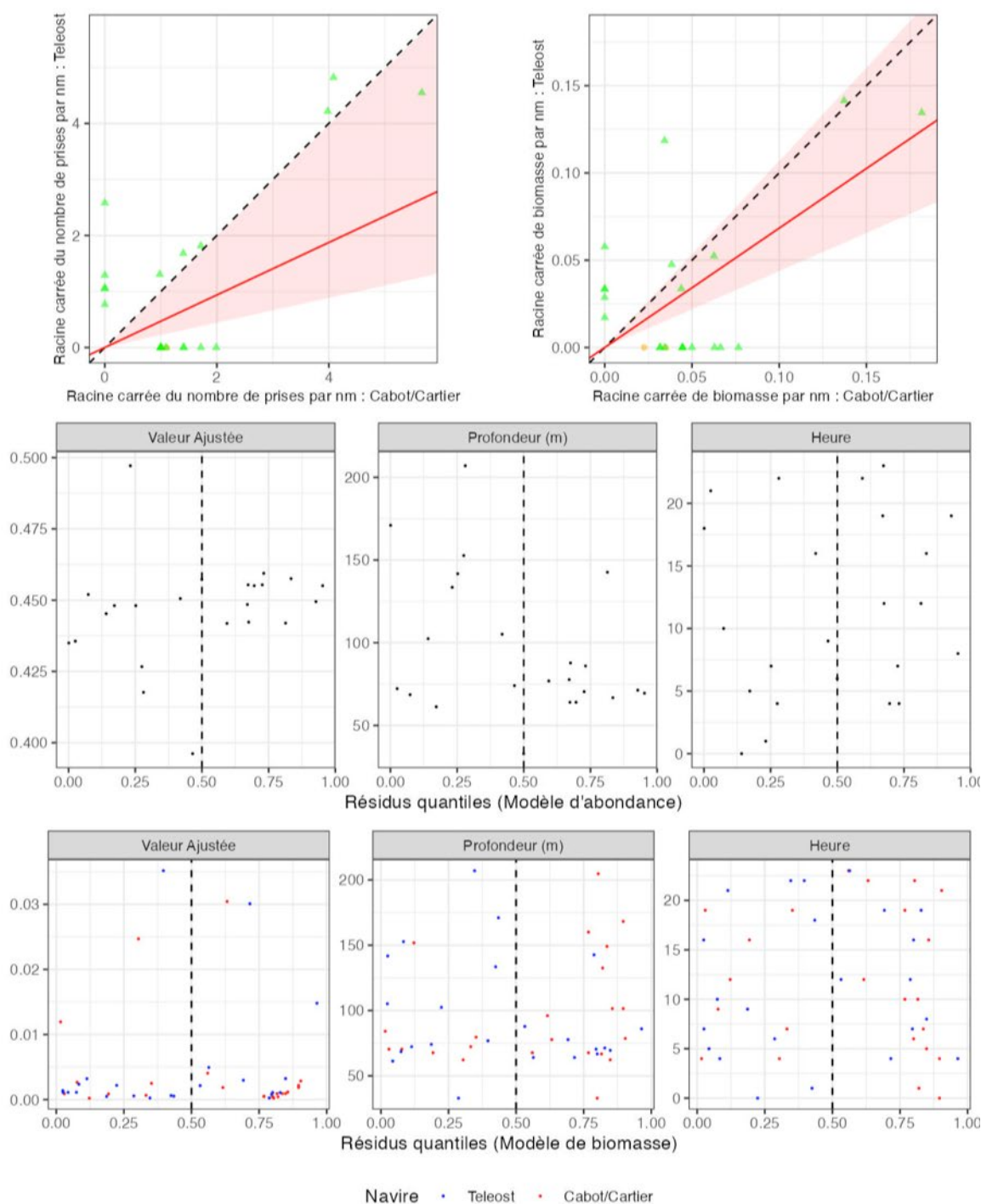


Figure 71. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Spirontocaris spinus* (2316).

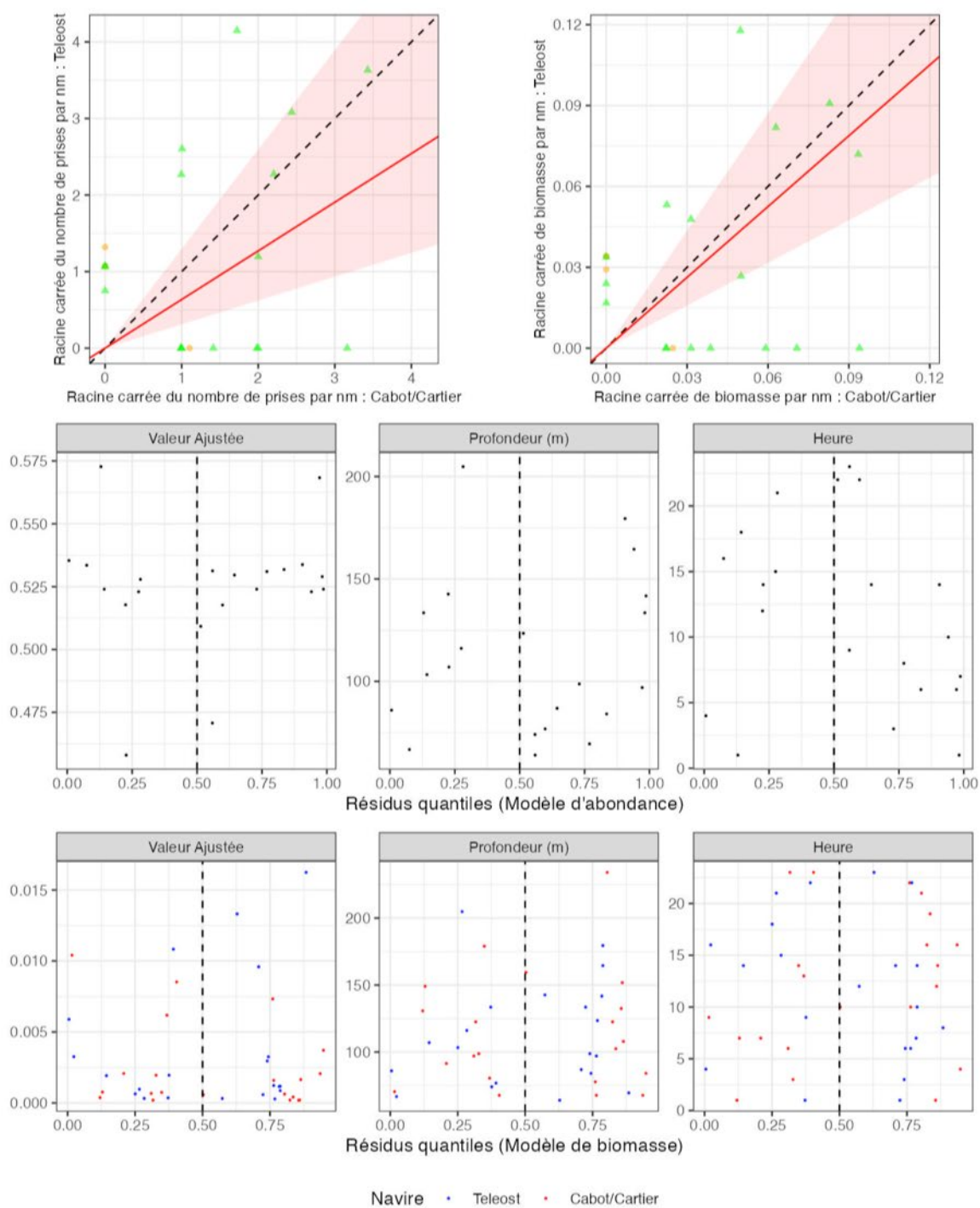


Figure 72. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Eualus fabricii* (2332).

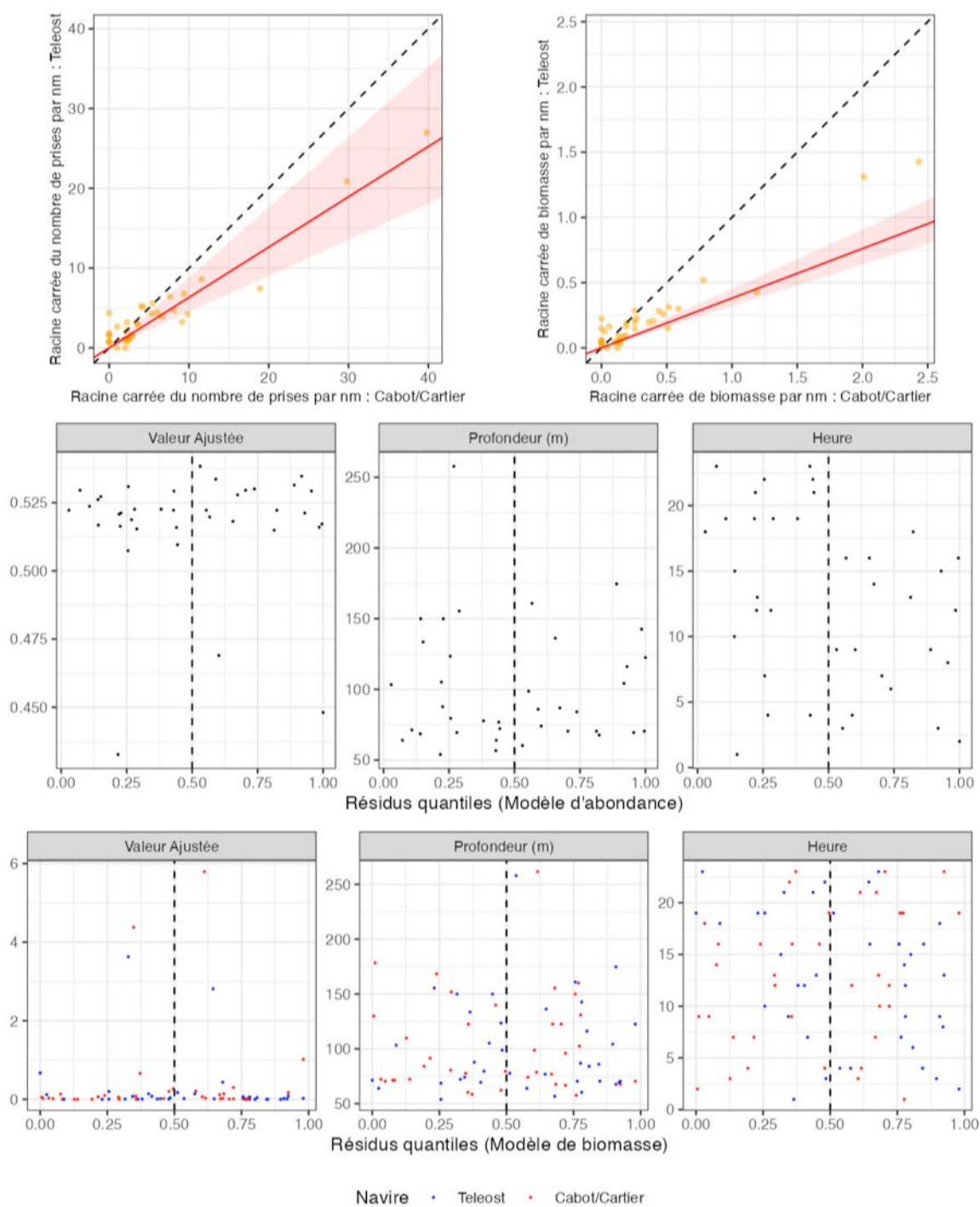


Figure 73. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Argis dentata* (2411).

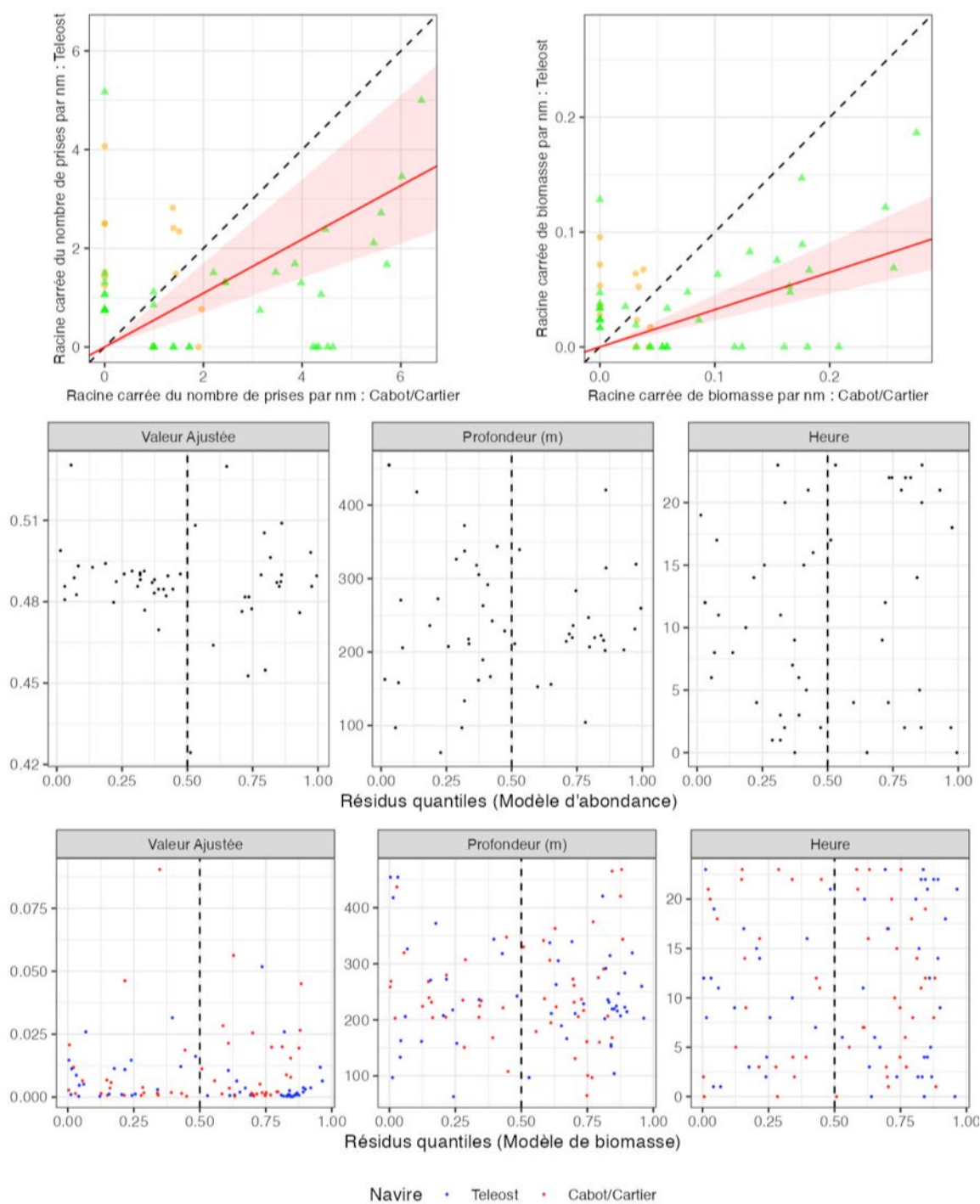


Figure 74. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pontophilus norvegicus* (2415).

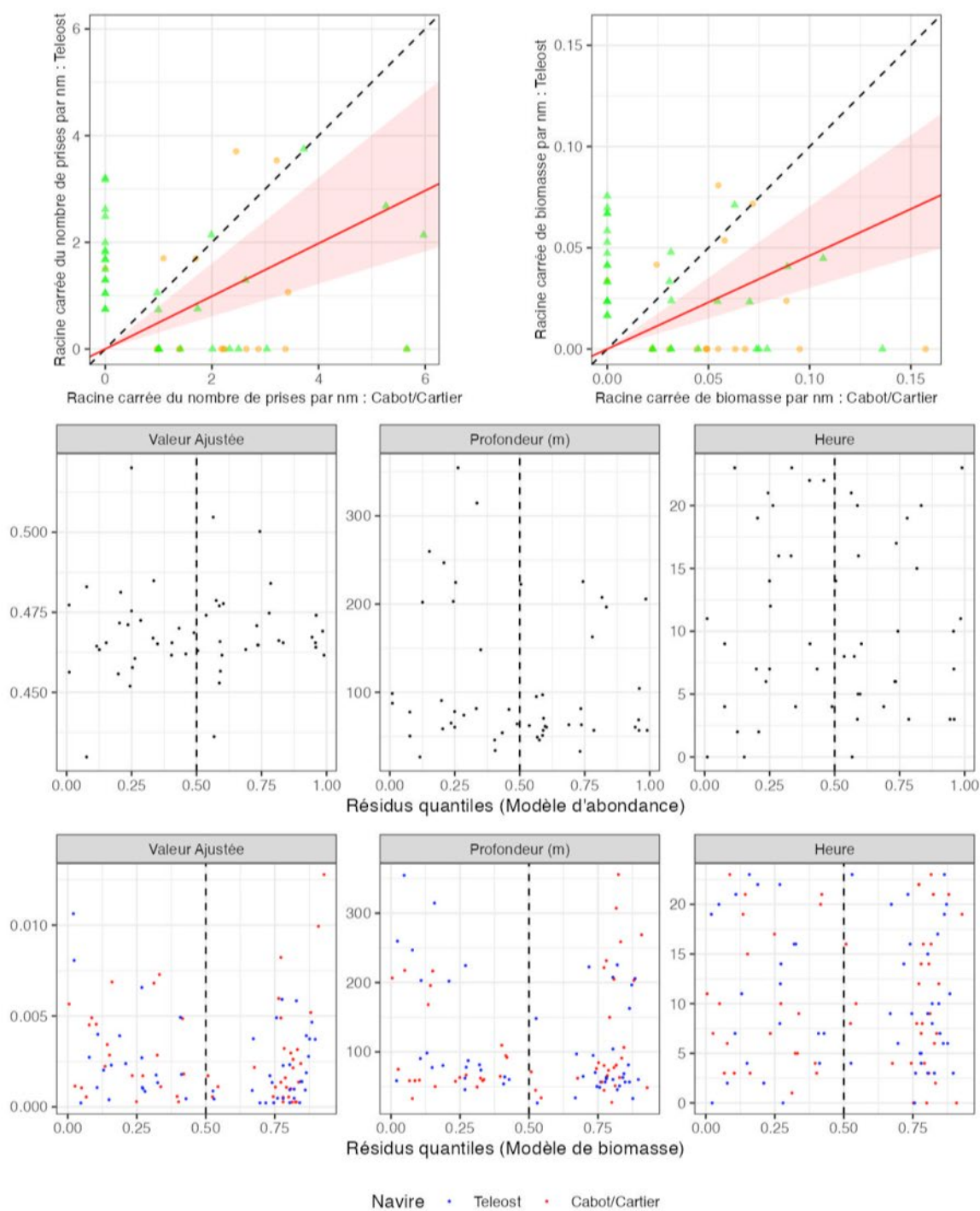


Figure 75. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Crangon septemspinosa* (2417).

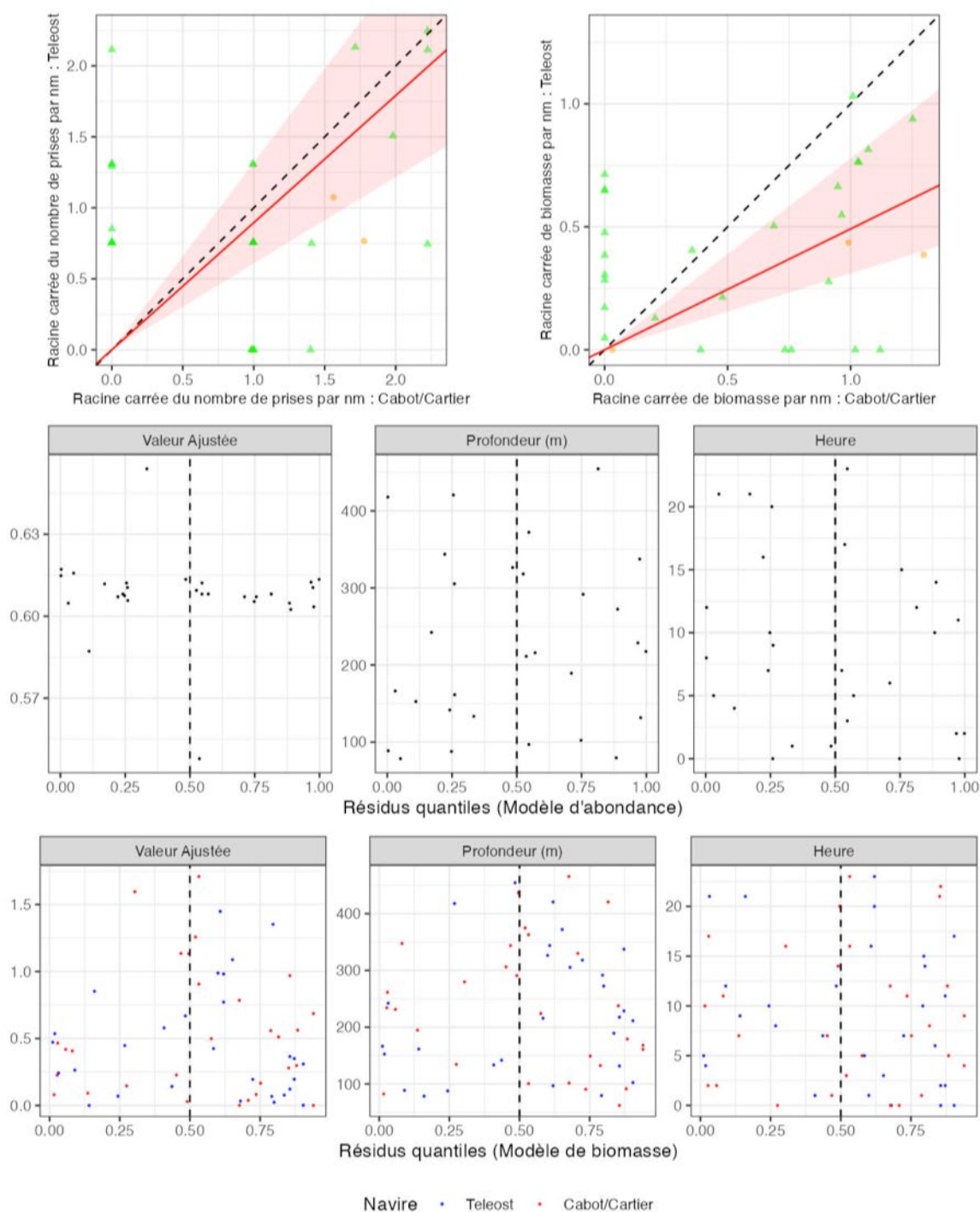


Figure 76. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Lithodes maja* (2523).

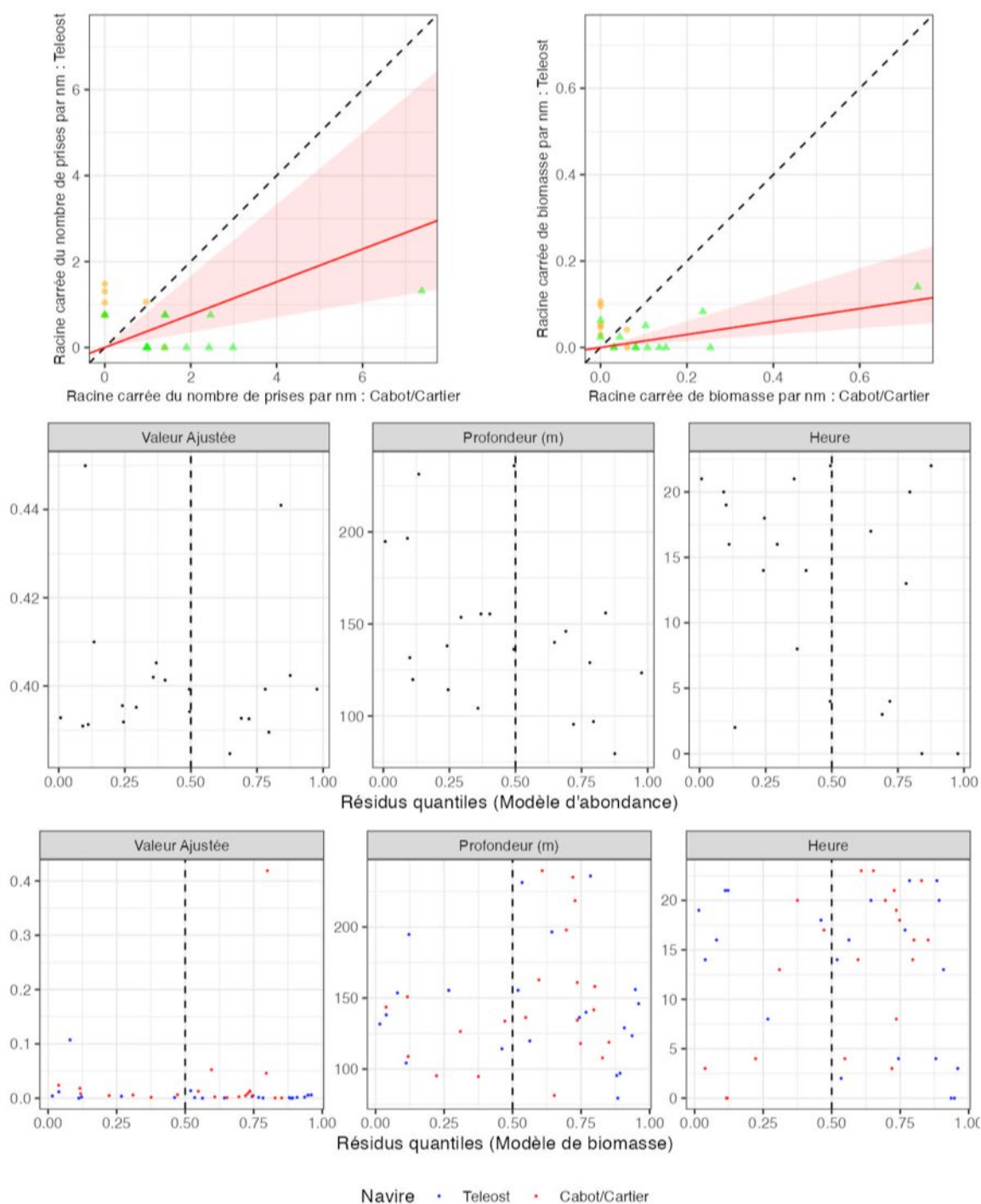


Figure 77. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Munida iris* (2555).

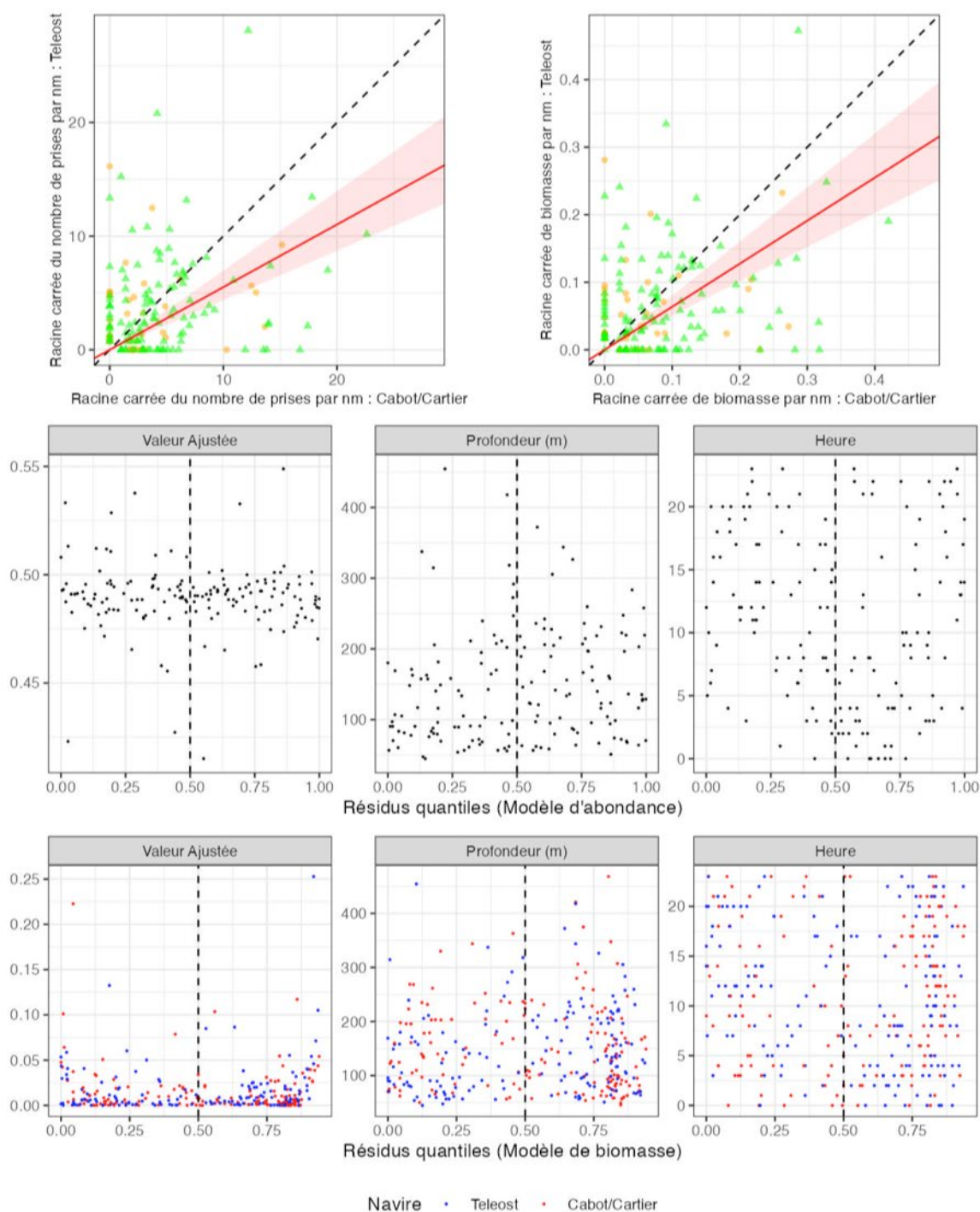


Figure 78. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour Euphausiacea. (2600).

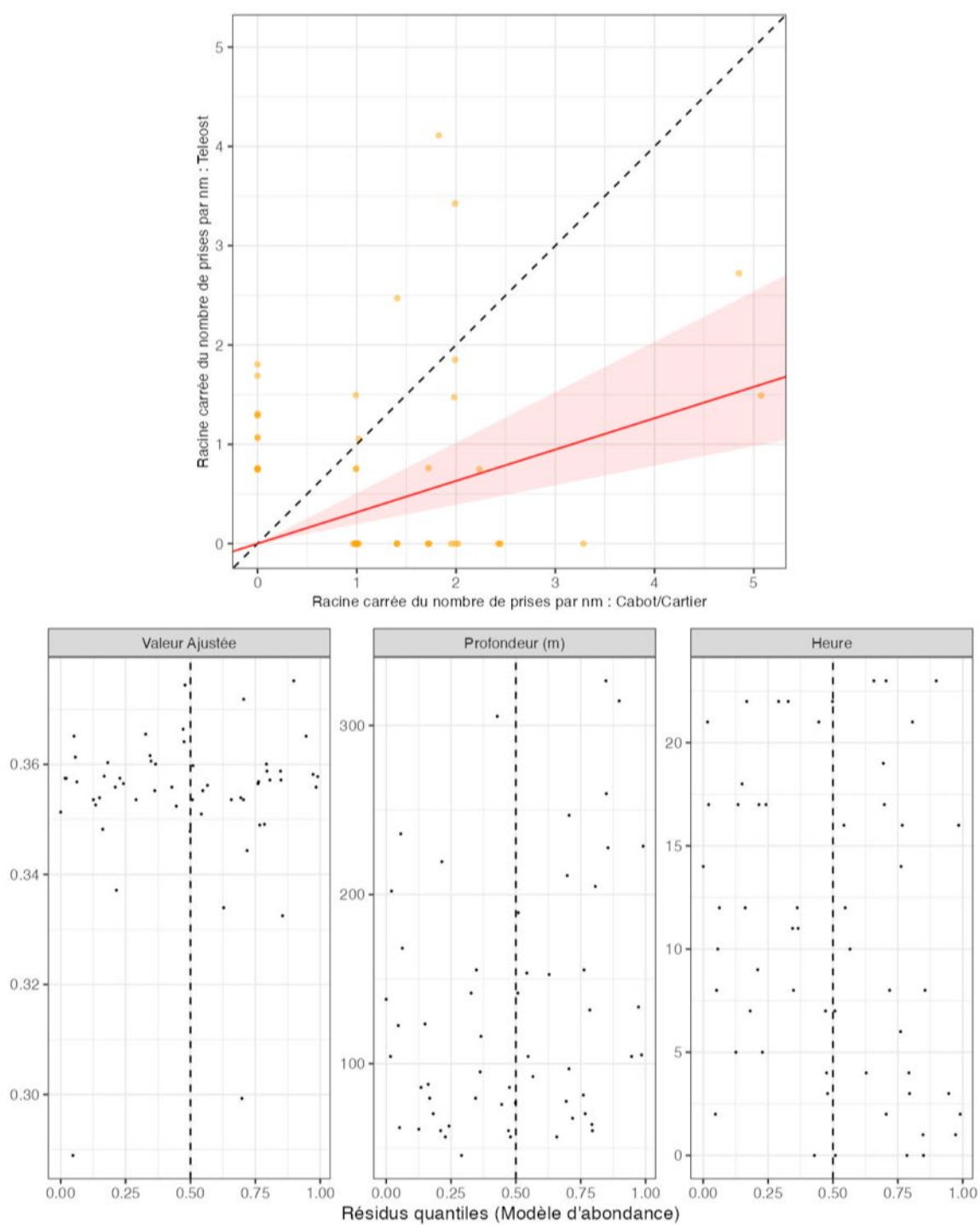


Figure 79. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Parathemisto sp.* (2809).

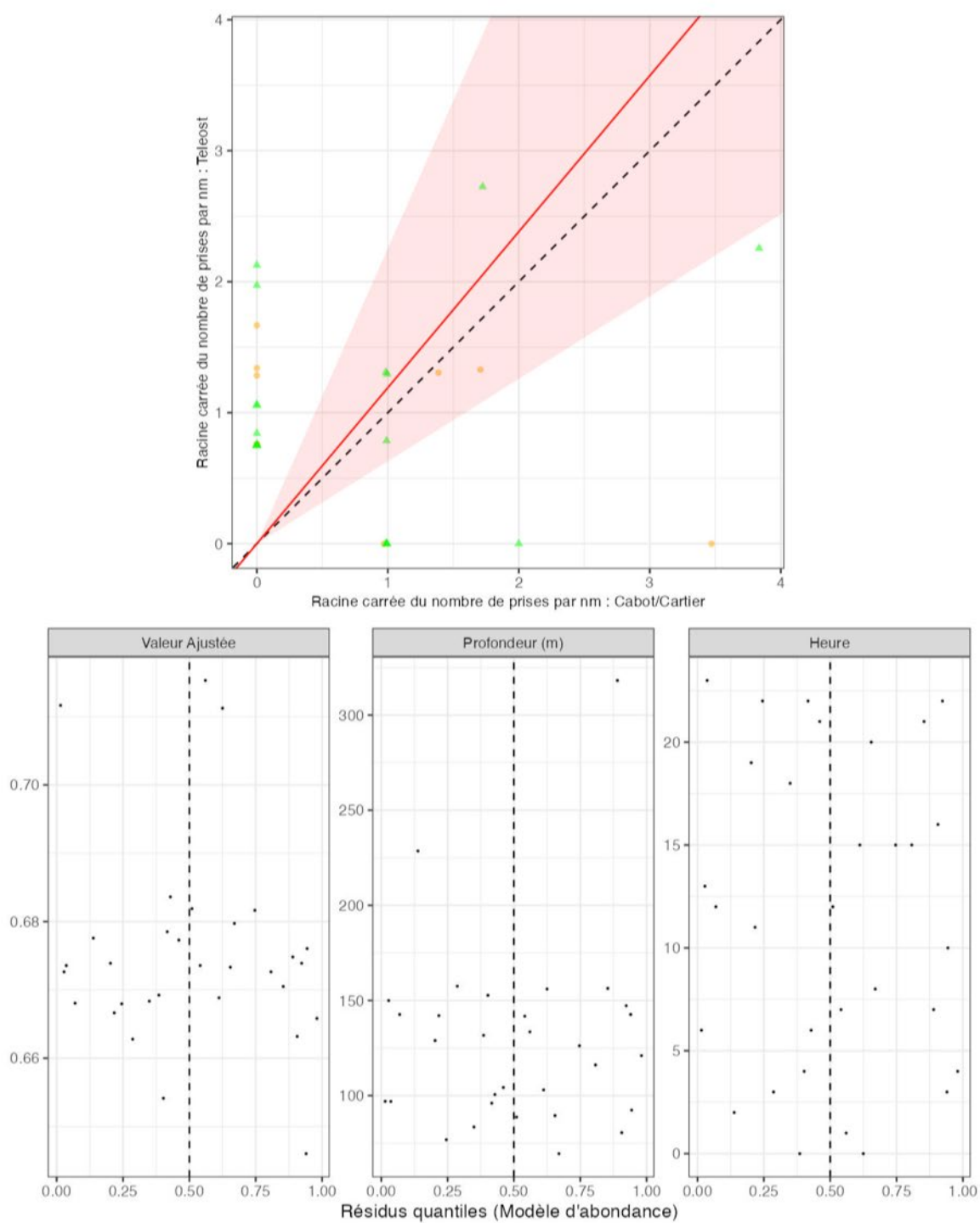


Figure 80. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Nymphon* sp. (2893).

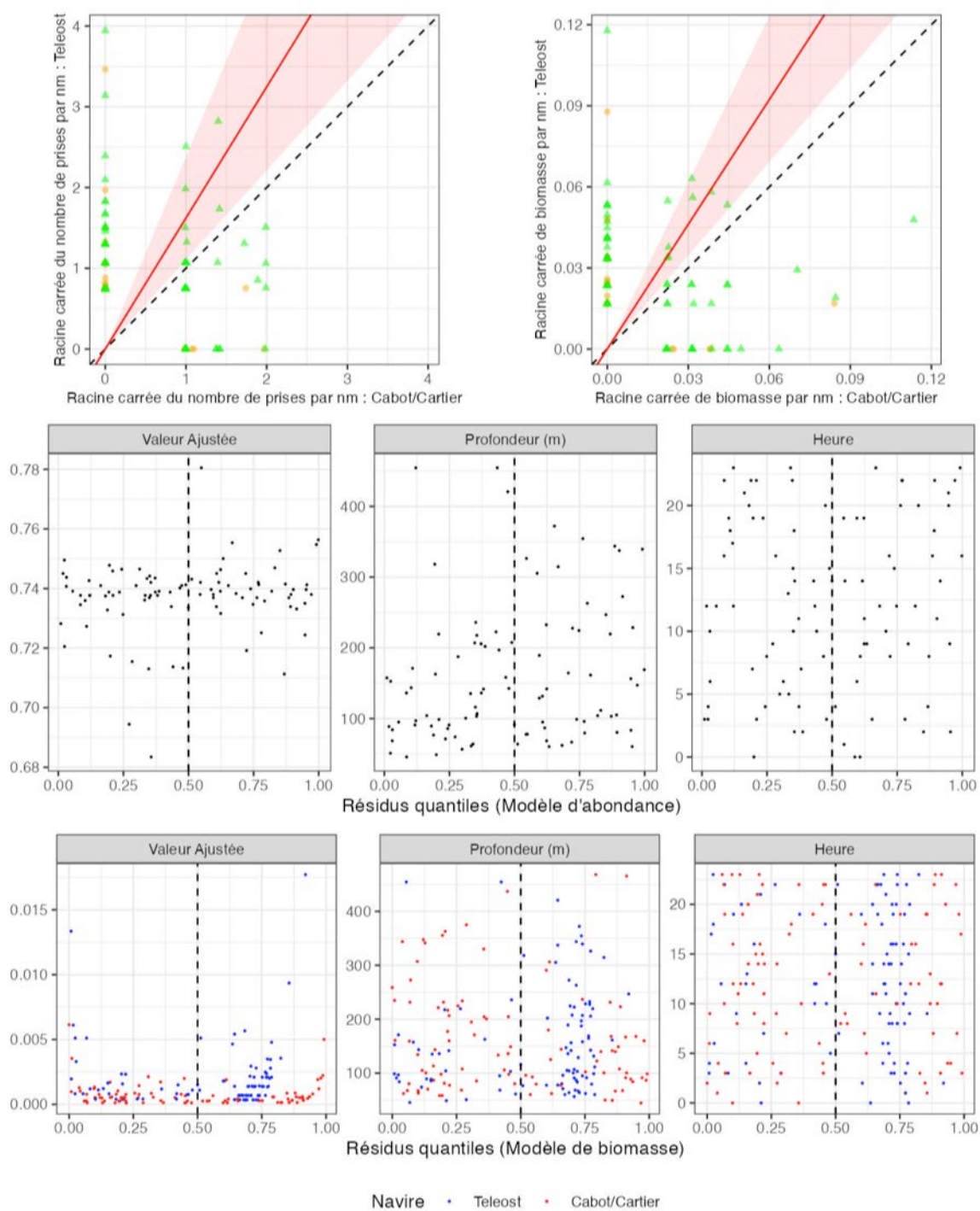


Figure 81. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour Annelida. (3000).

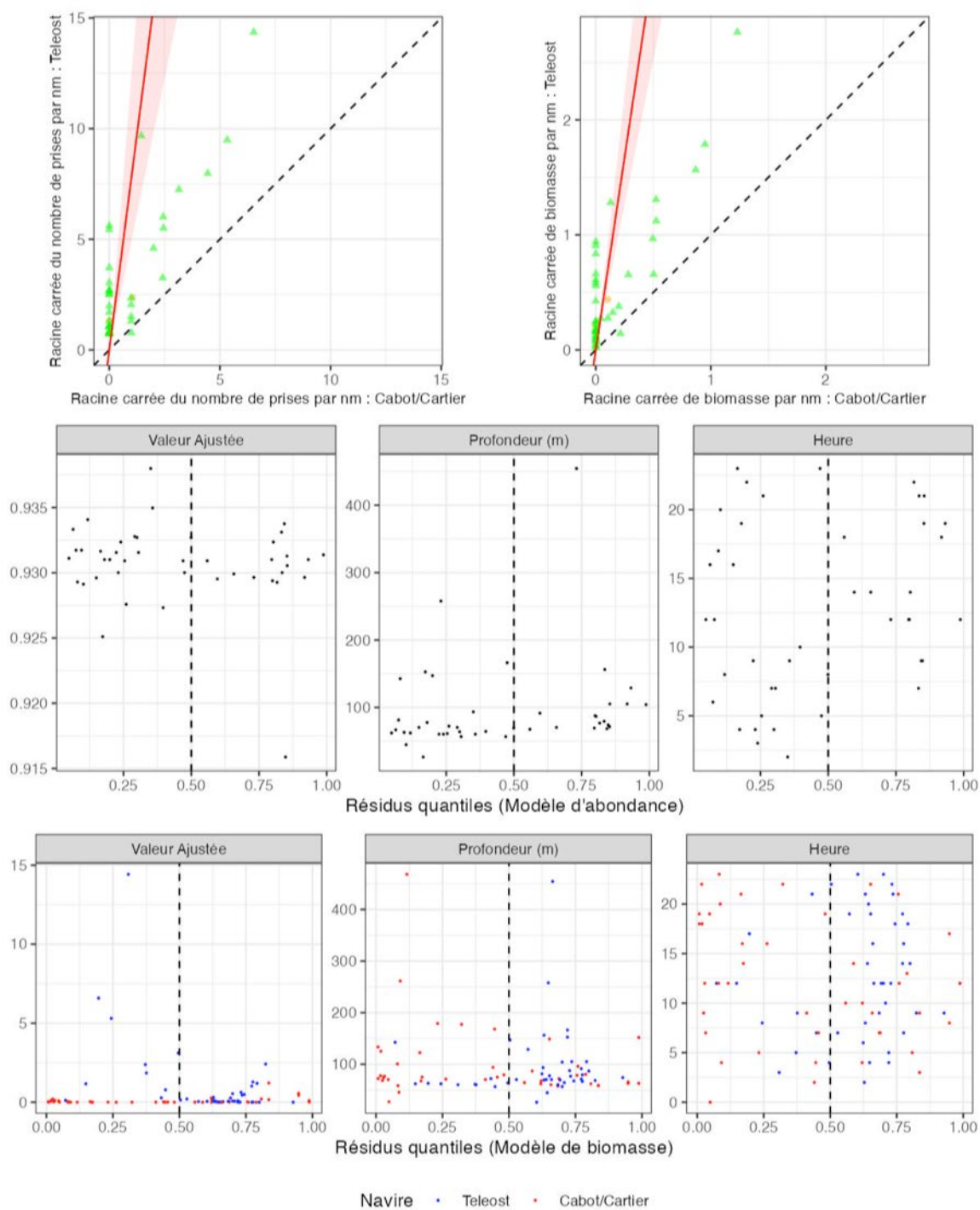


Figure 82. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Buccinum sp.* (4210).

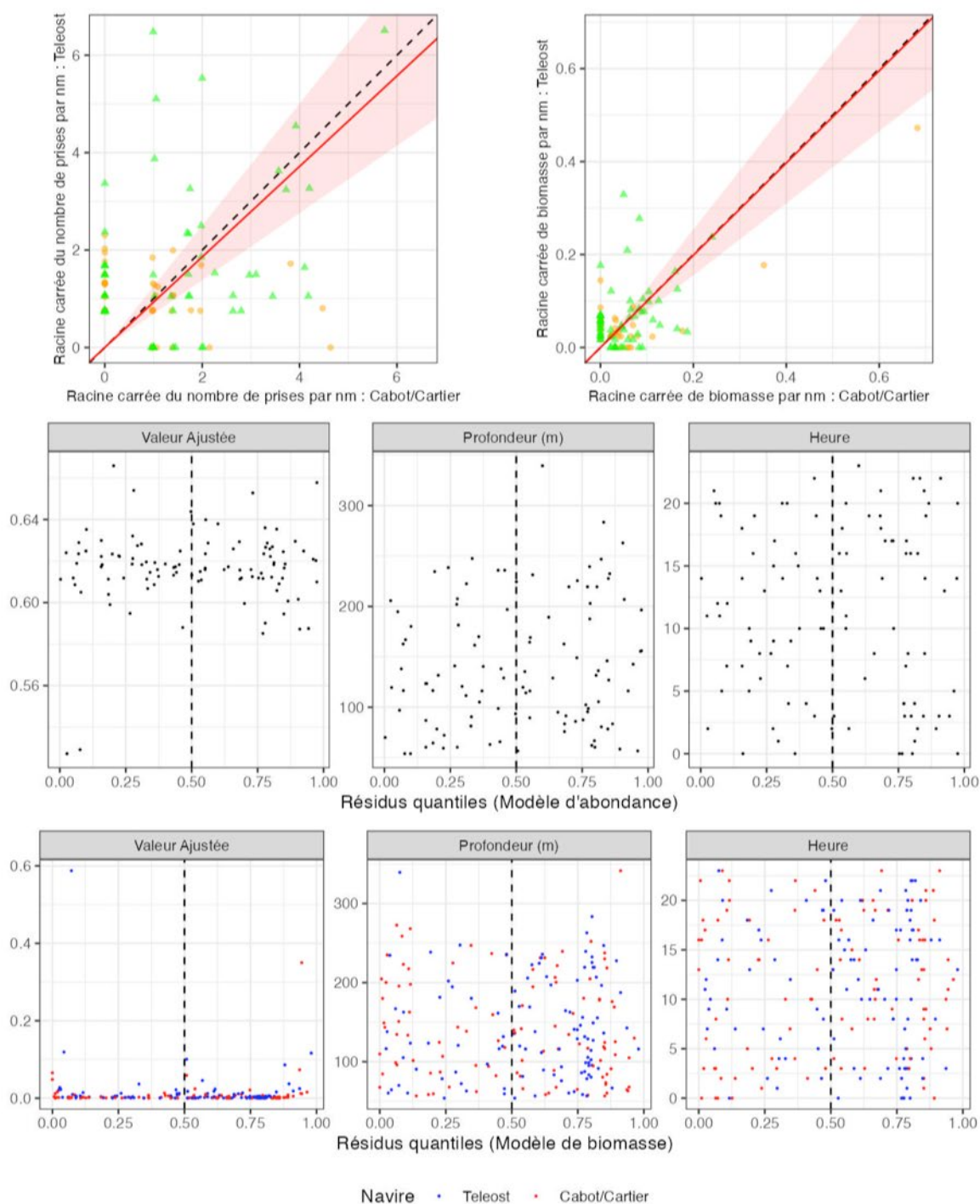


Figure 83. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Nudibranchia*. (4400).

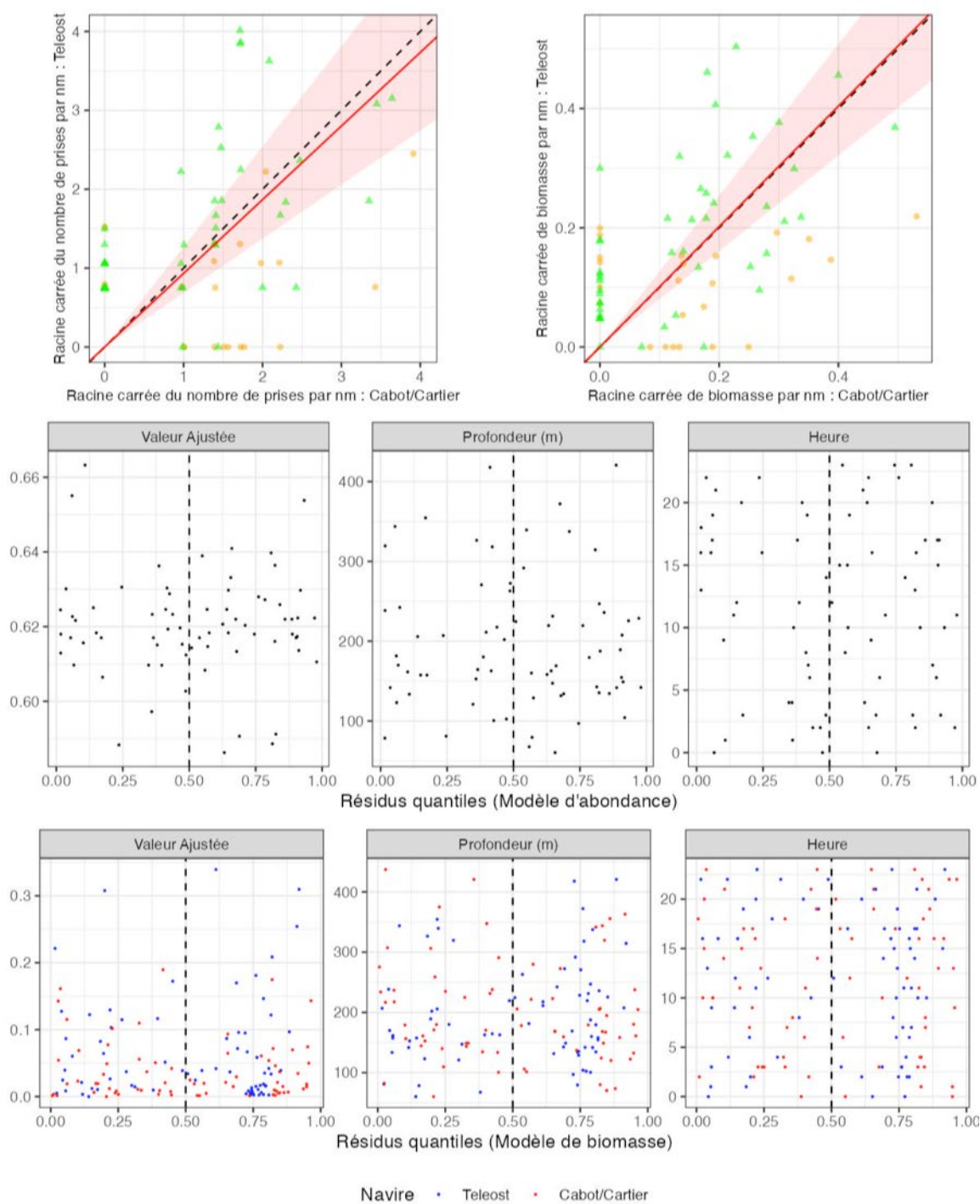


Figure 84. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Bathypolypus* spp. (4508).

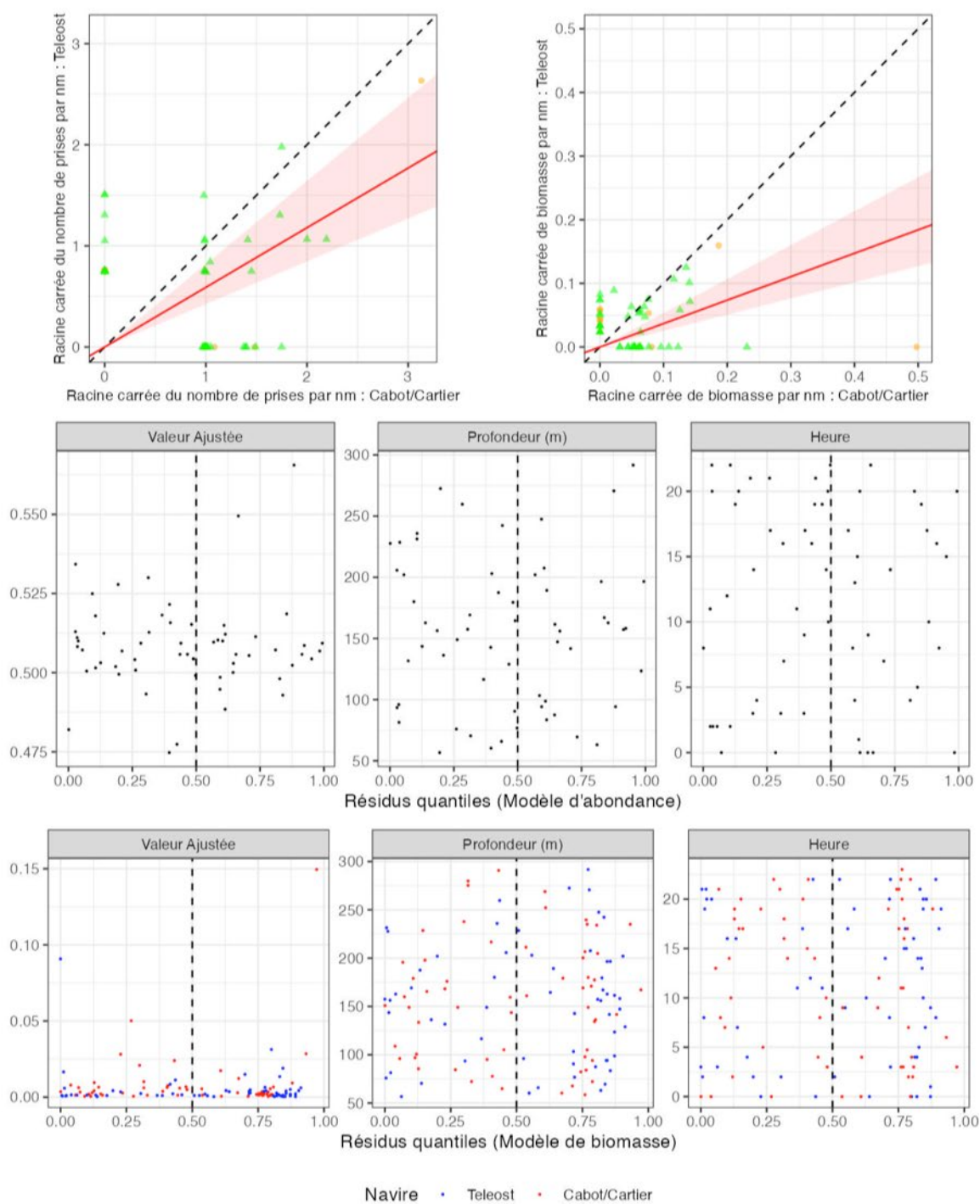


Figure 85. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Sepioidae*. (4536).

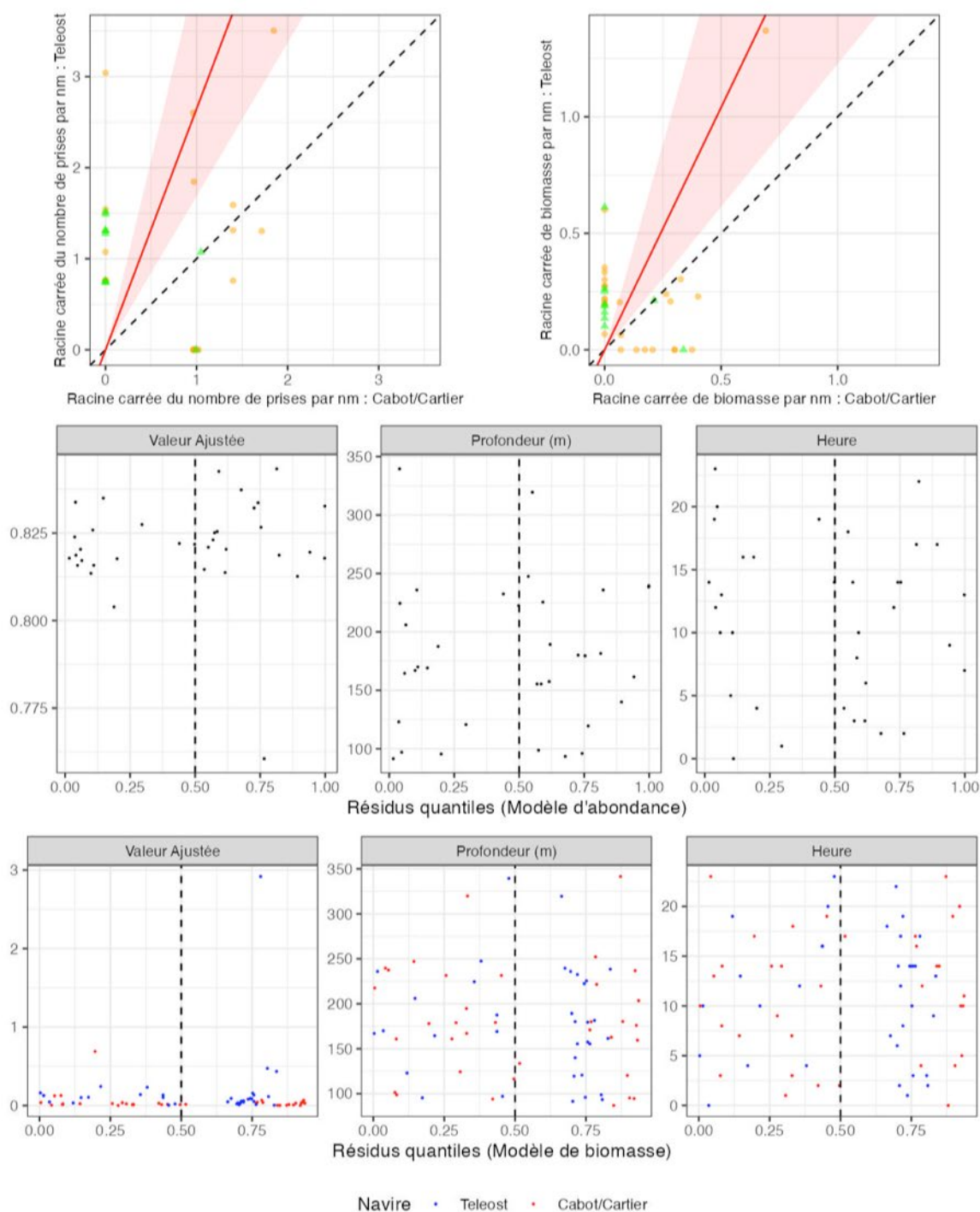


Figure 86. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Porania pulvillis* (6102).

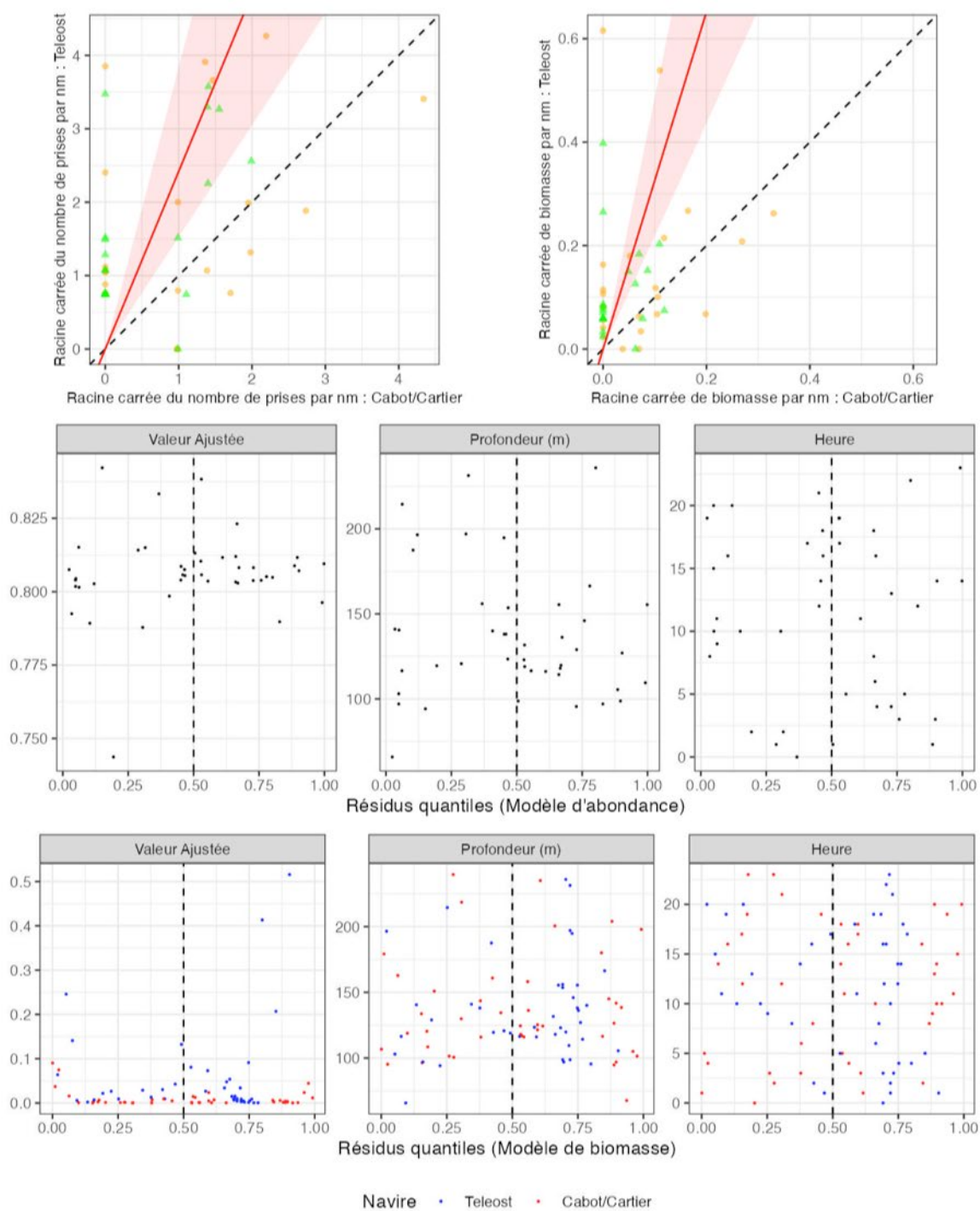


Figure 87. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Sclerasterias tanneri* (6106).

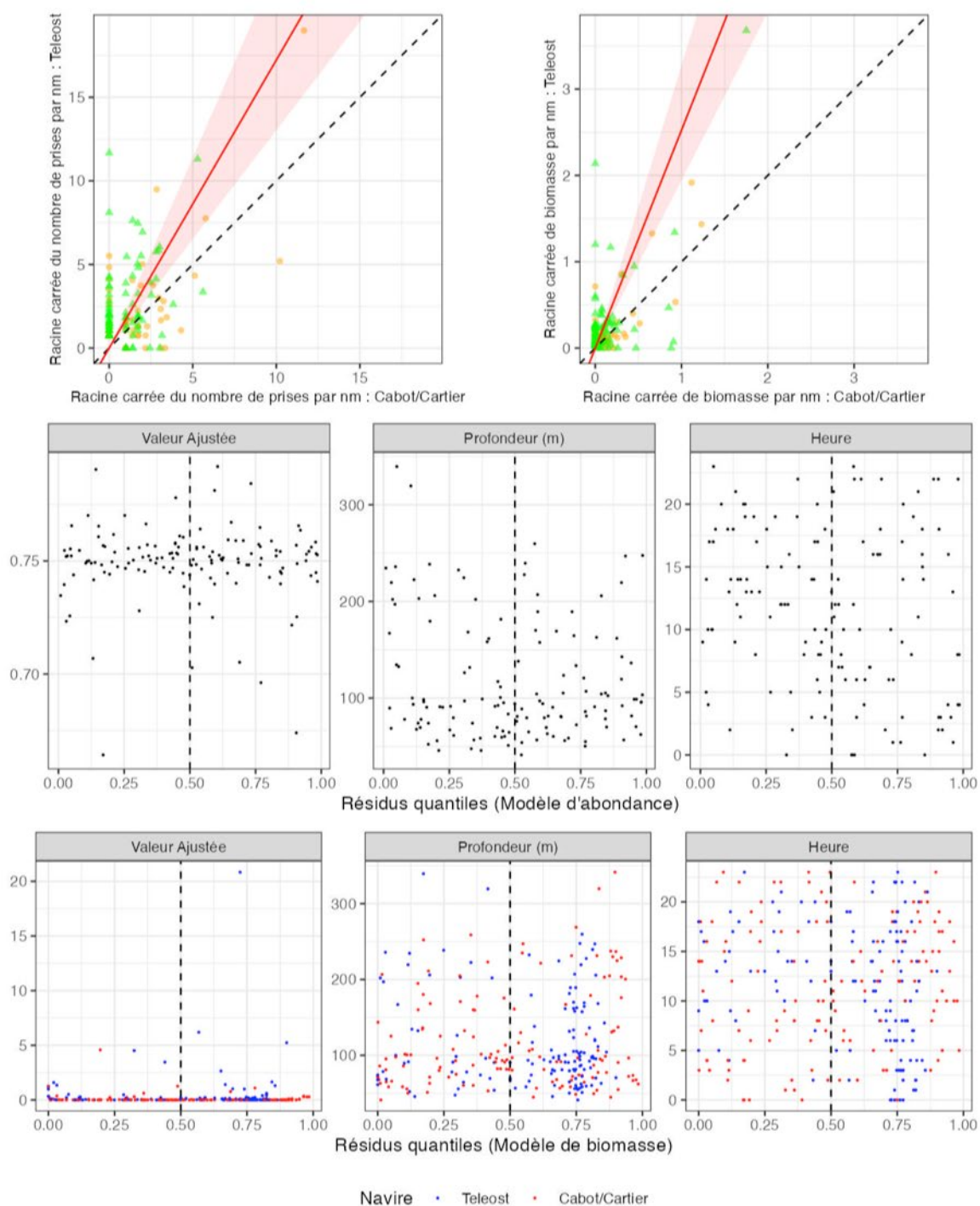


Figure 88. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Asterias rubens* (6111).

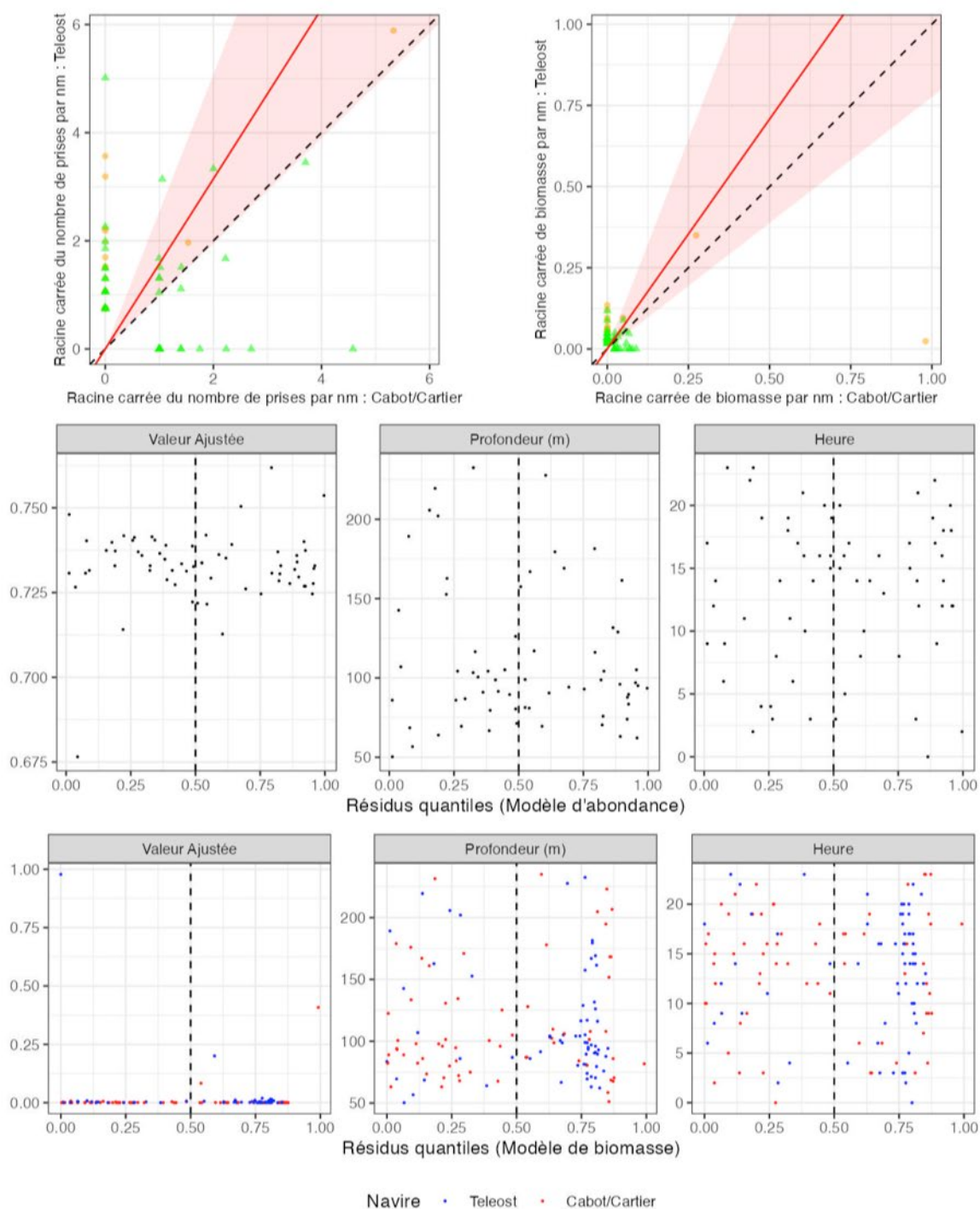


Figure 89. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Leptasterias* sp. (6114).

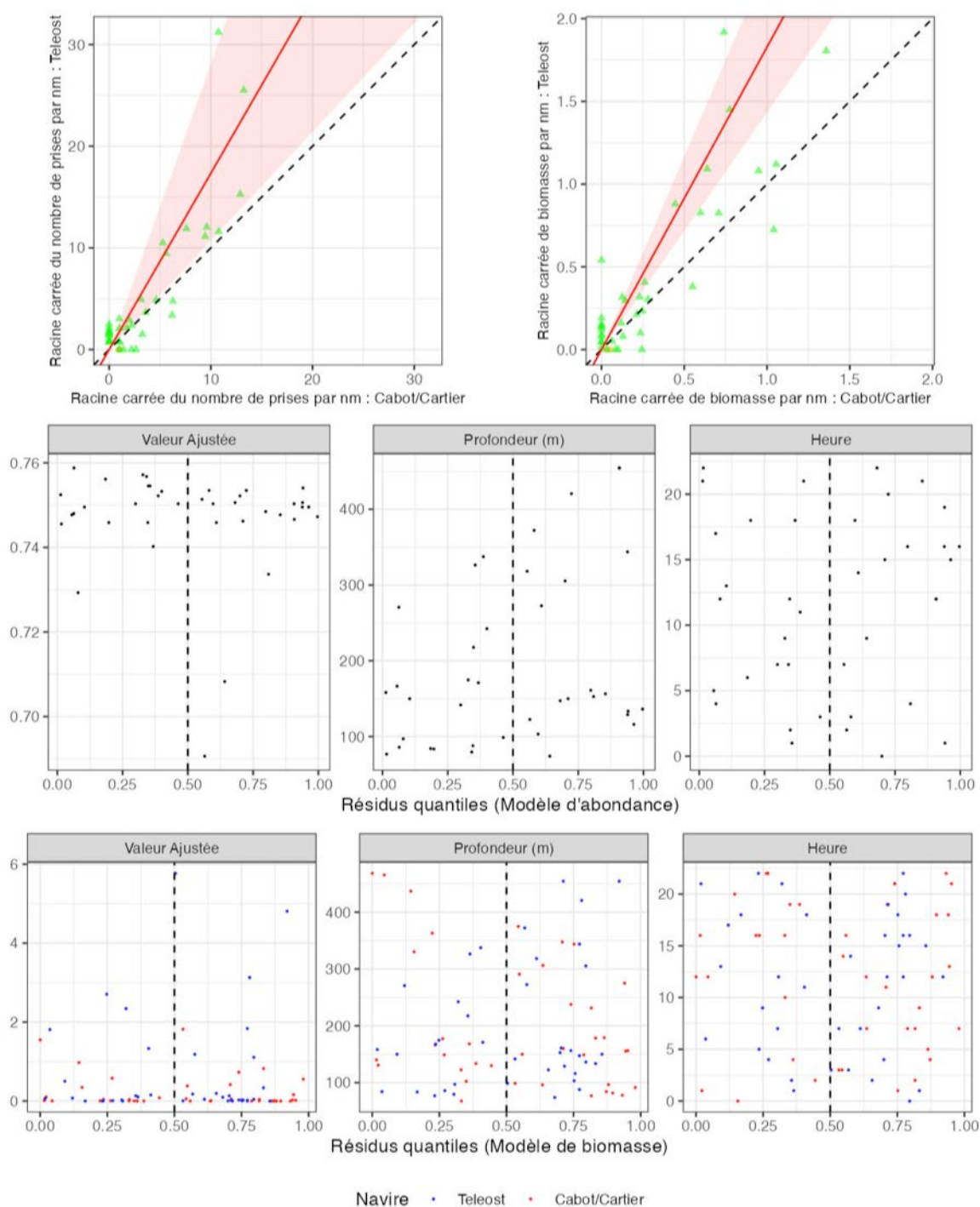


Figure 90. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Ctenodiscus crispatus* (6115).

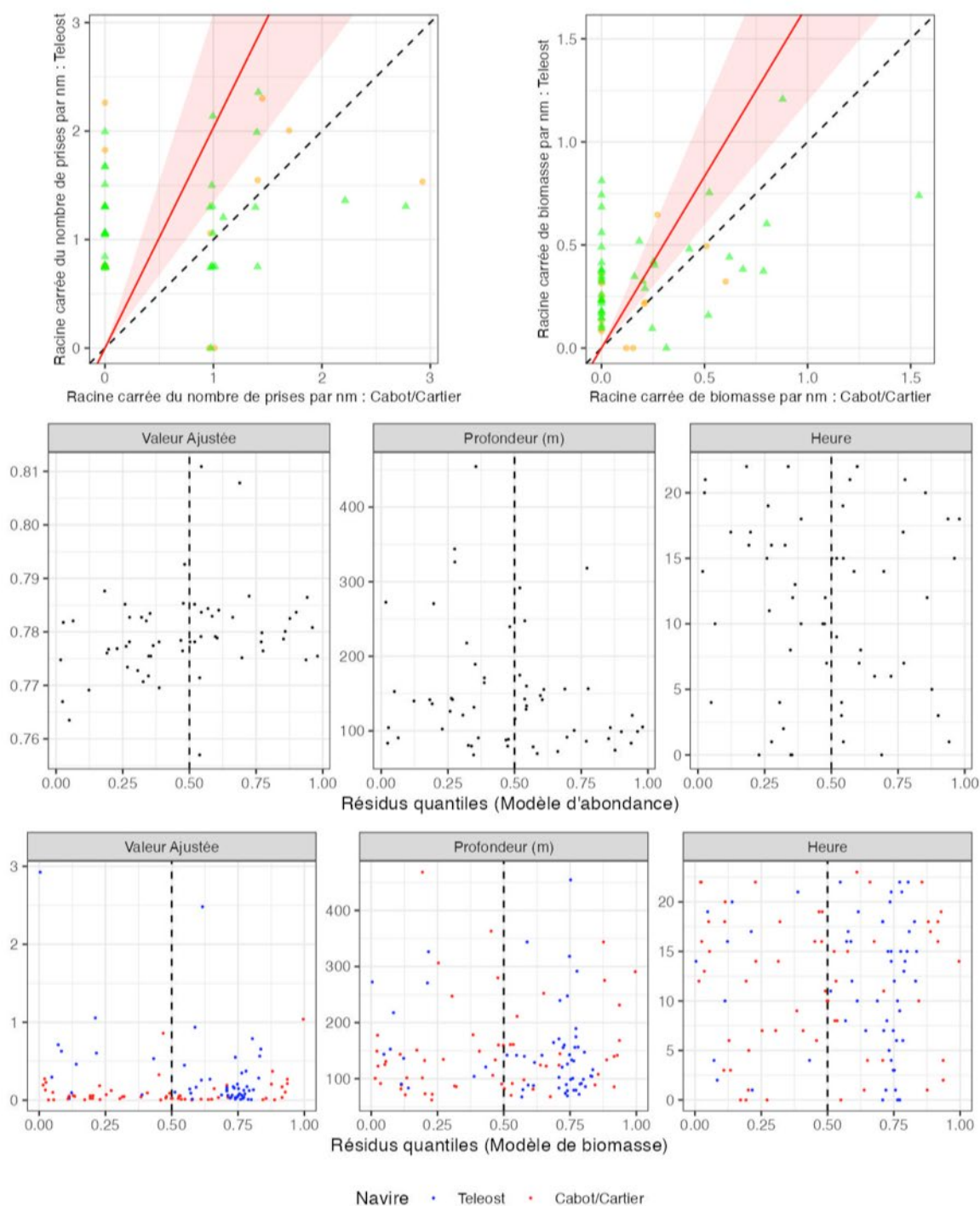


Figure 91. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hippasteria phrygiana* (6117).

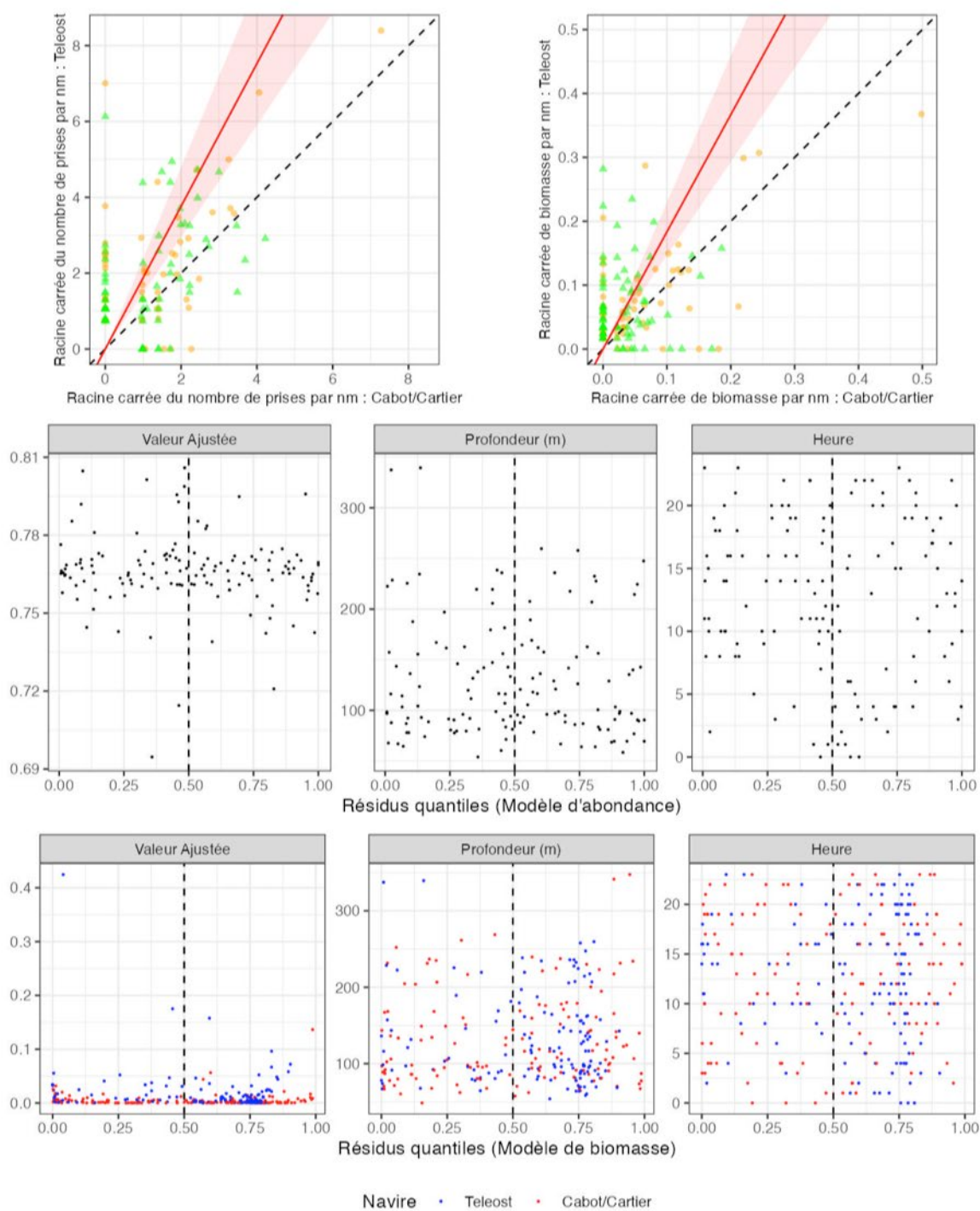


Figure 92. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Henricia* sp. (6118).

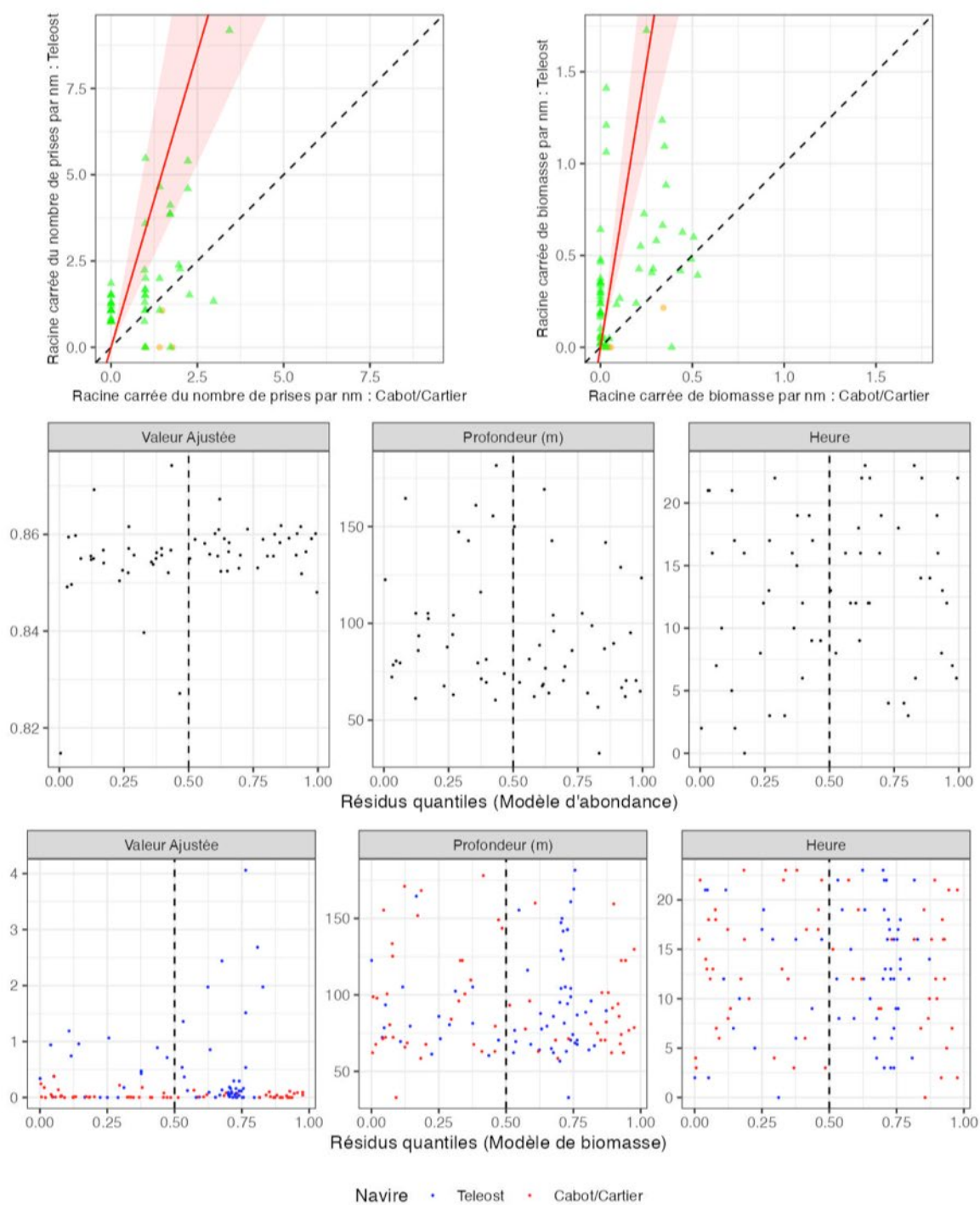


Figure 93. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Crossaster papposus* (6123).

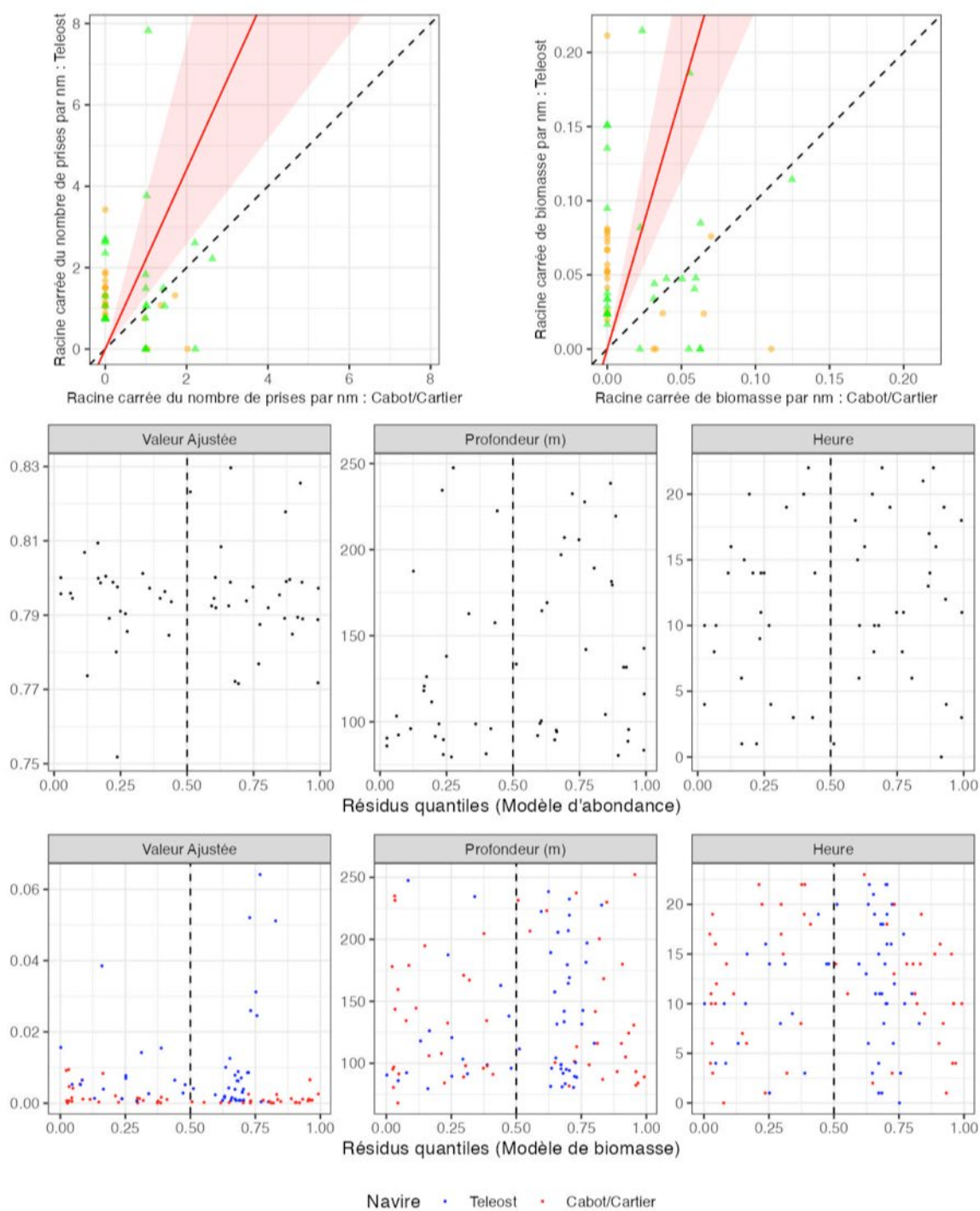


Figure 94. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pteraster pulvillus* (6126).

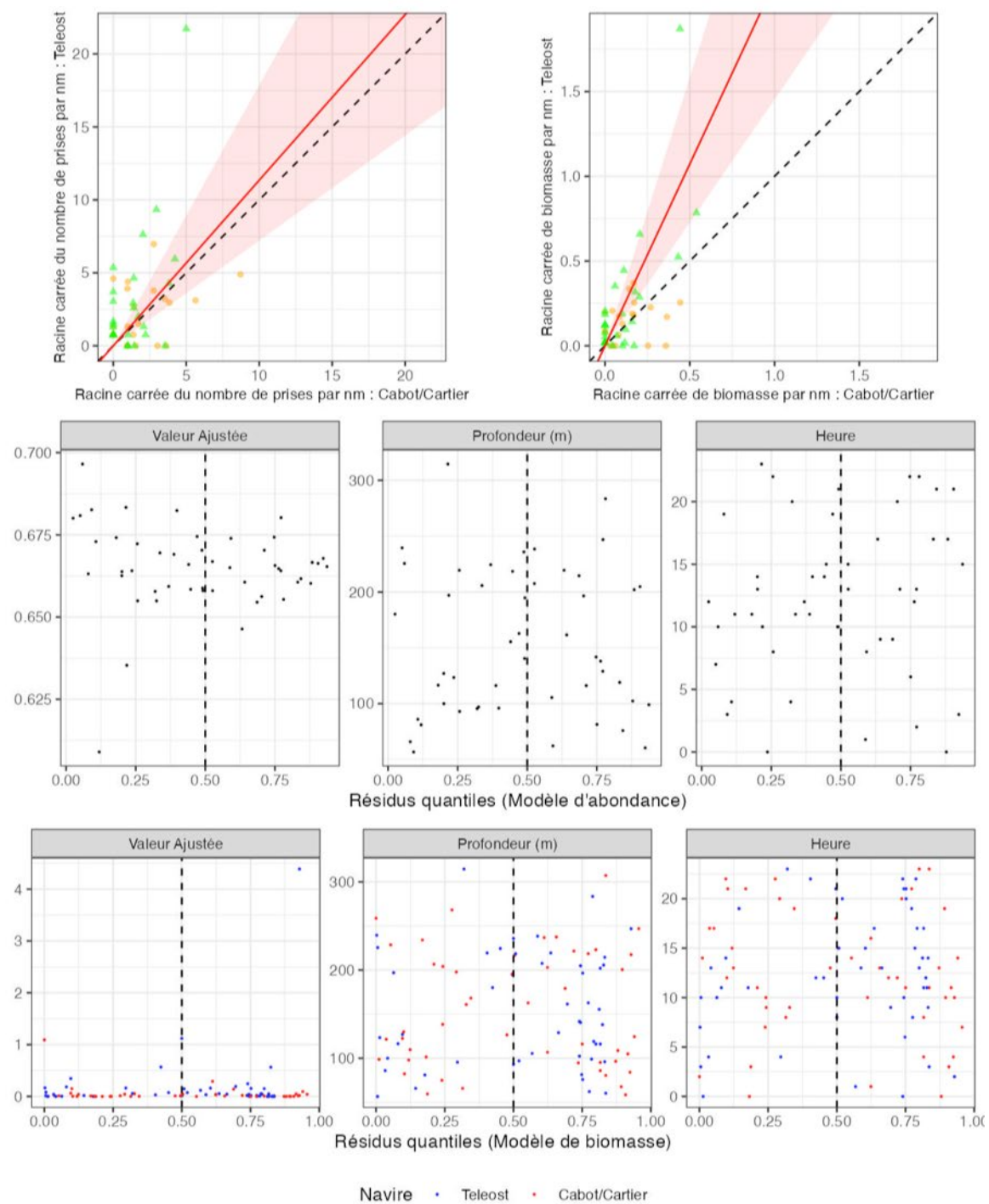


Figure 95. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Astropecten americanus* (6136).

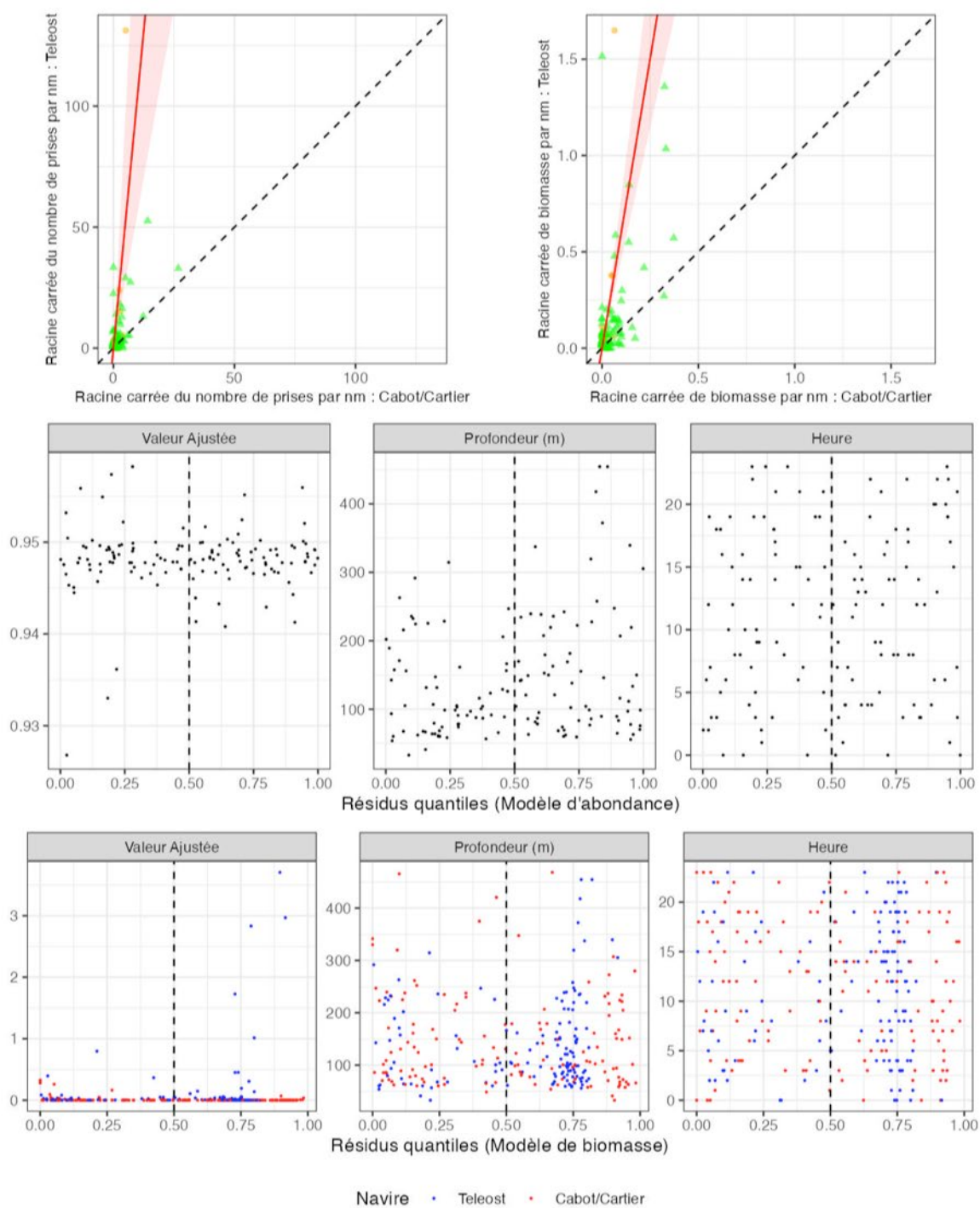


Figure 96. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour Ophiuroidea. (6200).

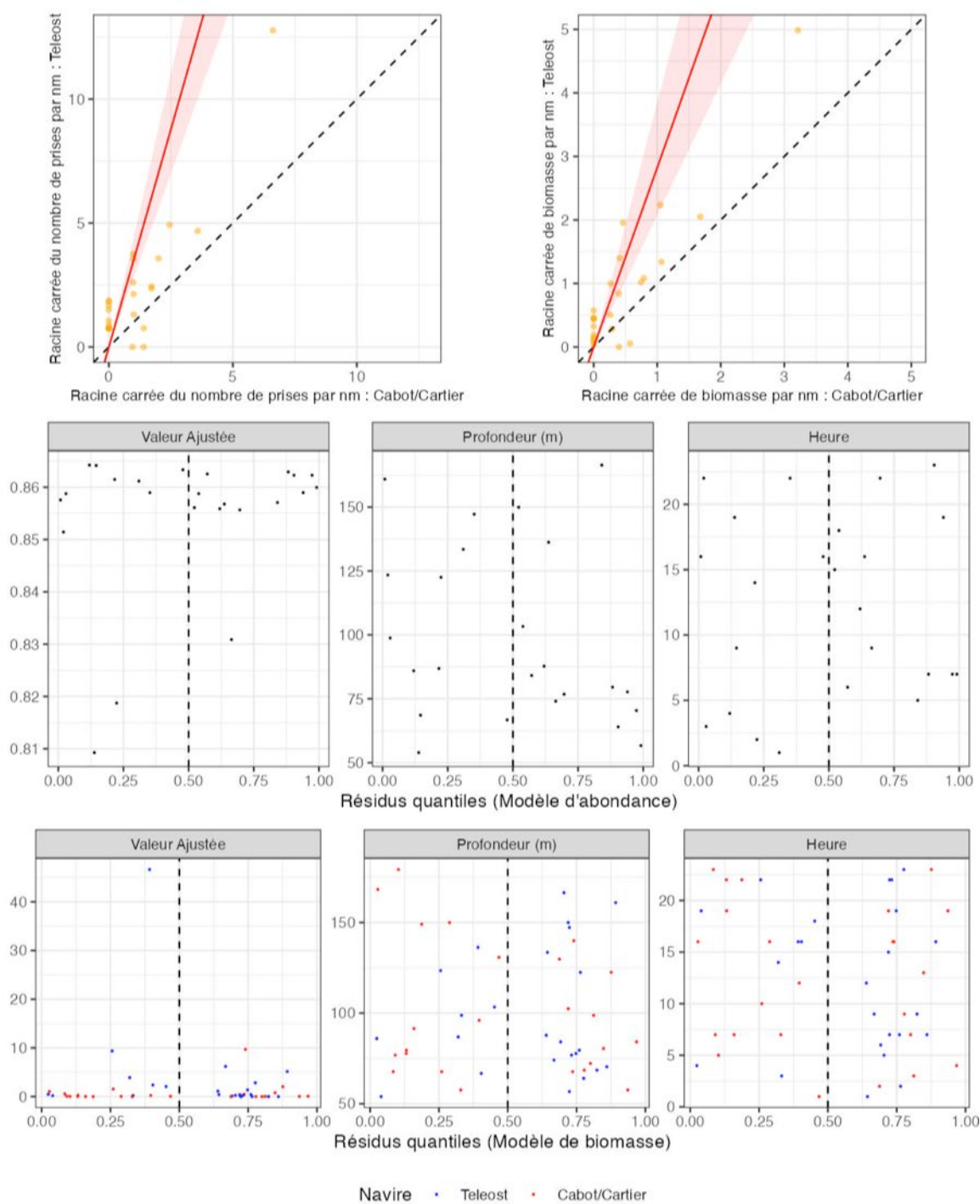


Figure 97. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Gorgonocephalidae*, *asteronychidae*. (6300).

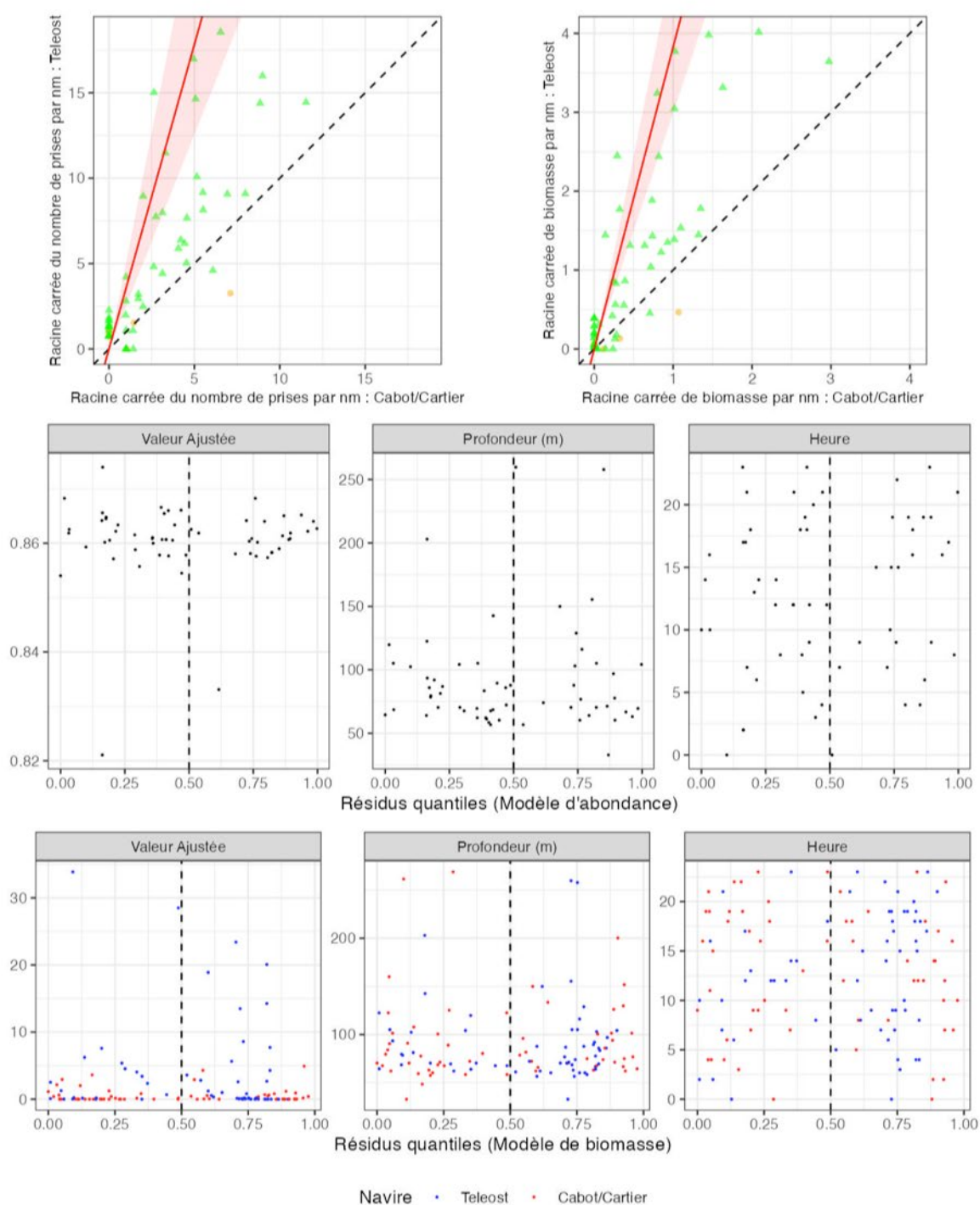


Figure 98. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Strongylocentrotus* sp. (6400).

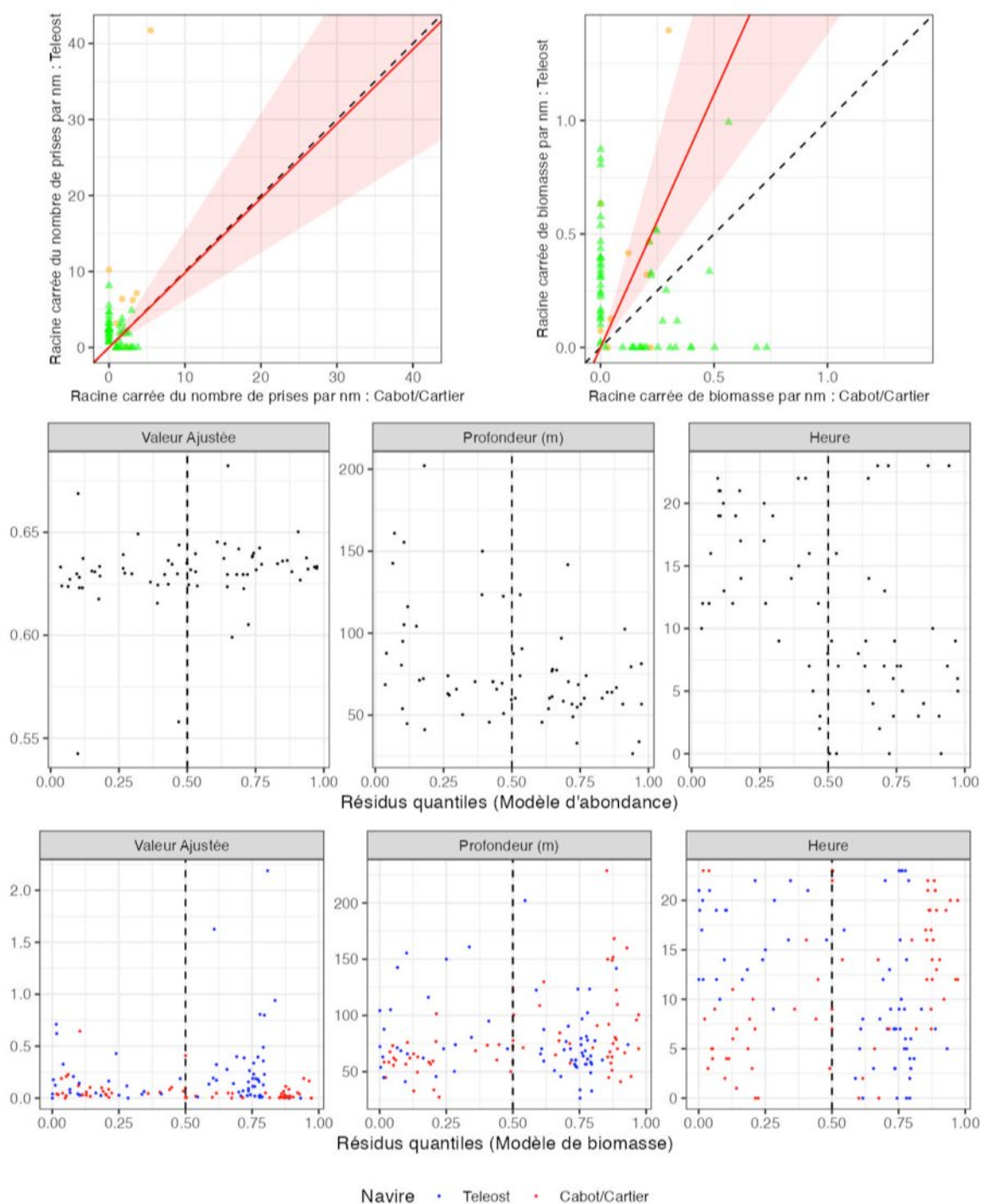


Figure 99. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Echinarachnius parma* (6511).

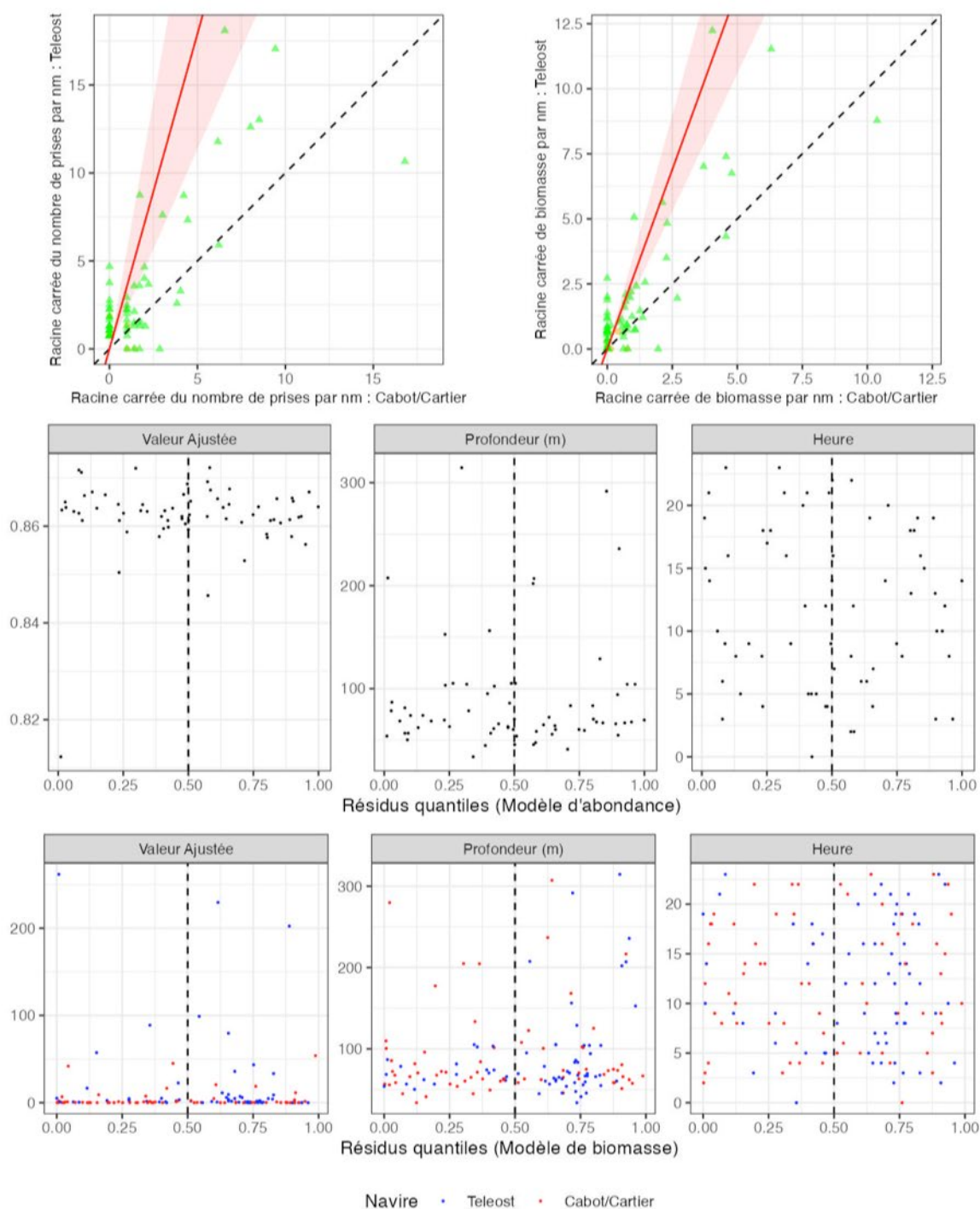


Figure 100. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Holothuroidea*. (6600).

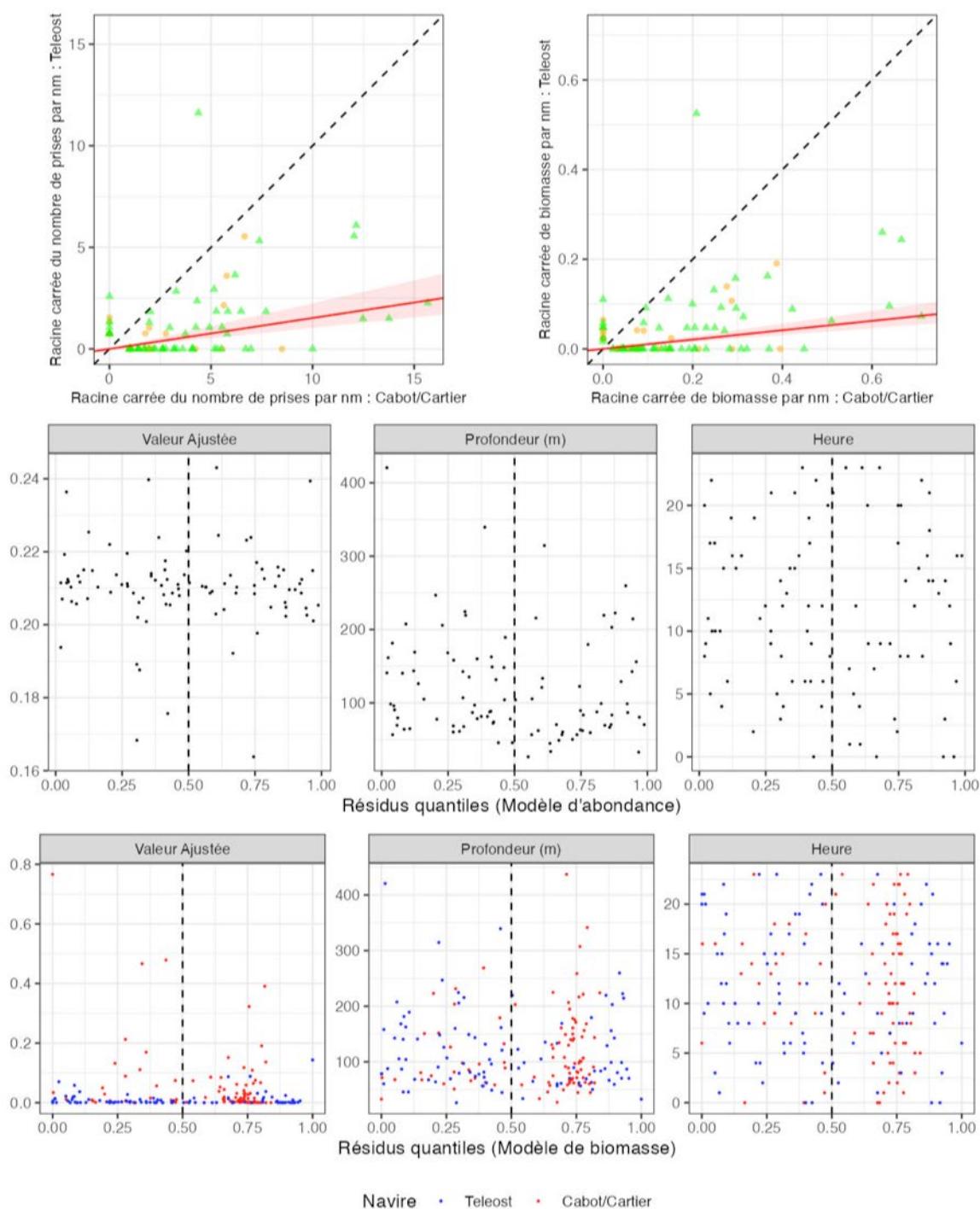


Figure 101. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Ctenophora*. (8100).

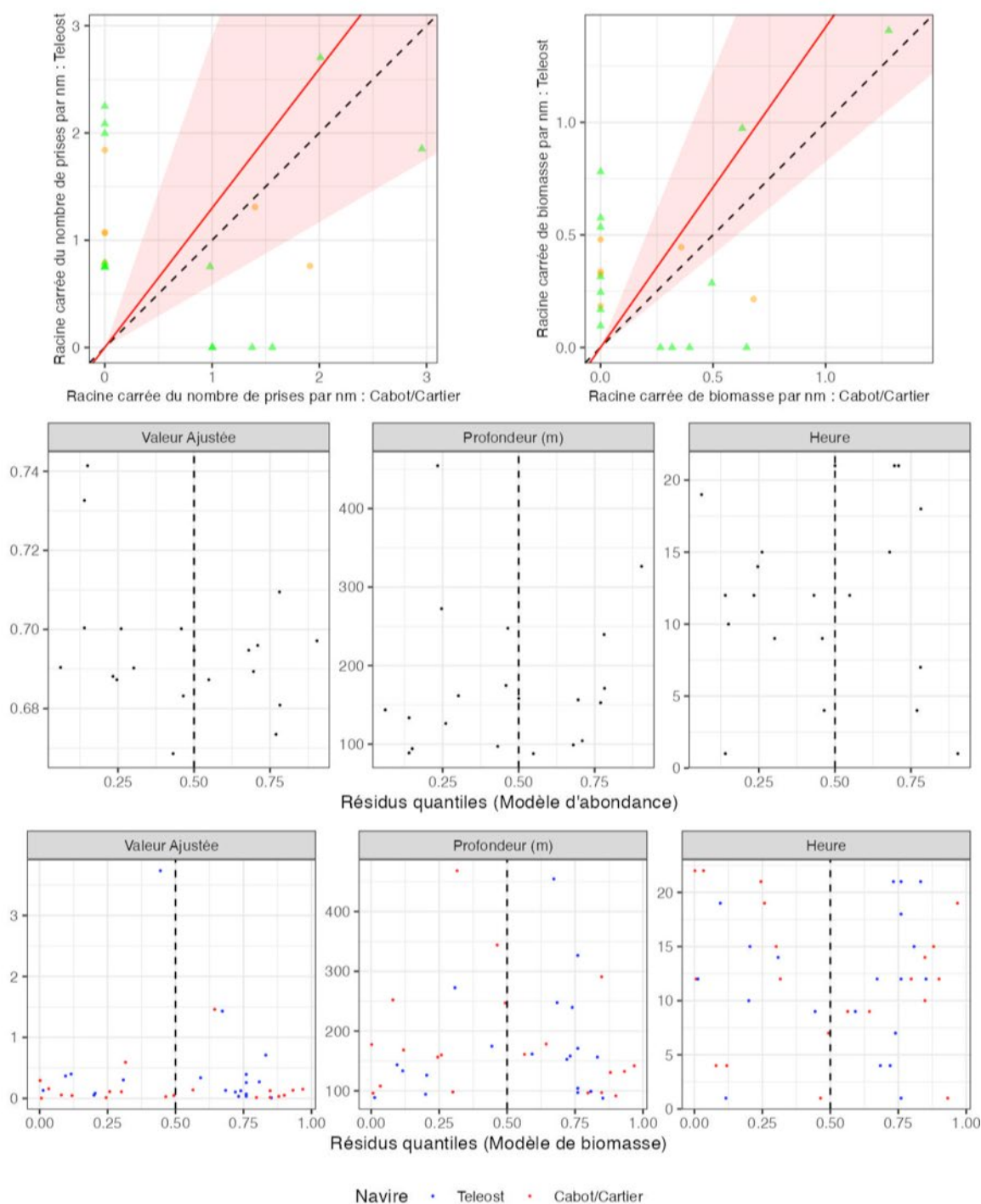


Figure 102. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Actinostola* spp. (8216).

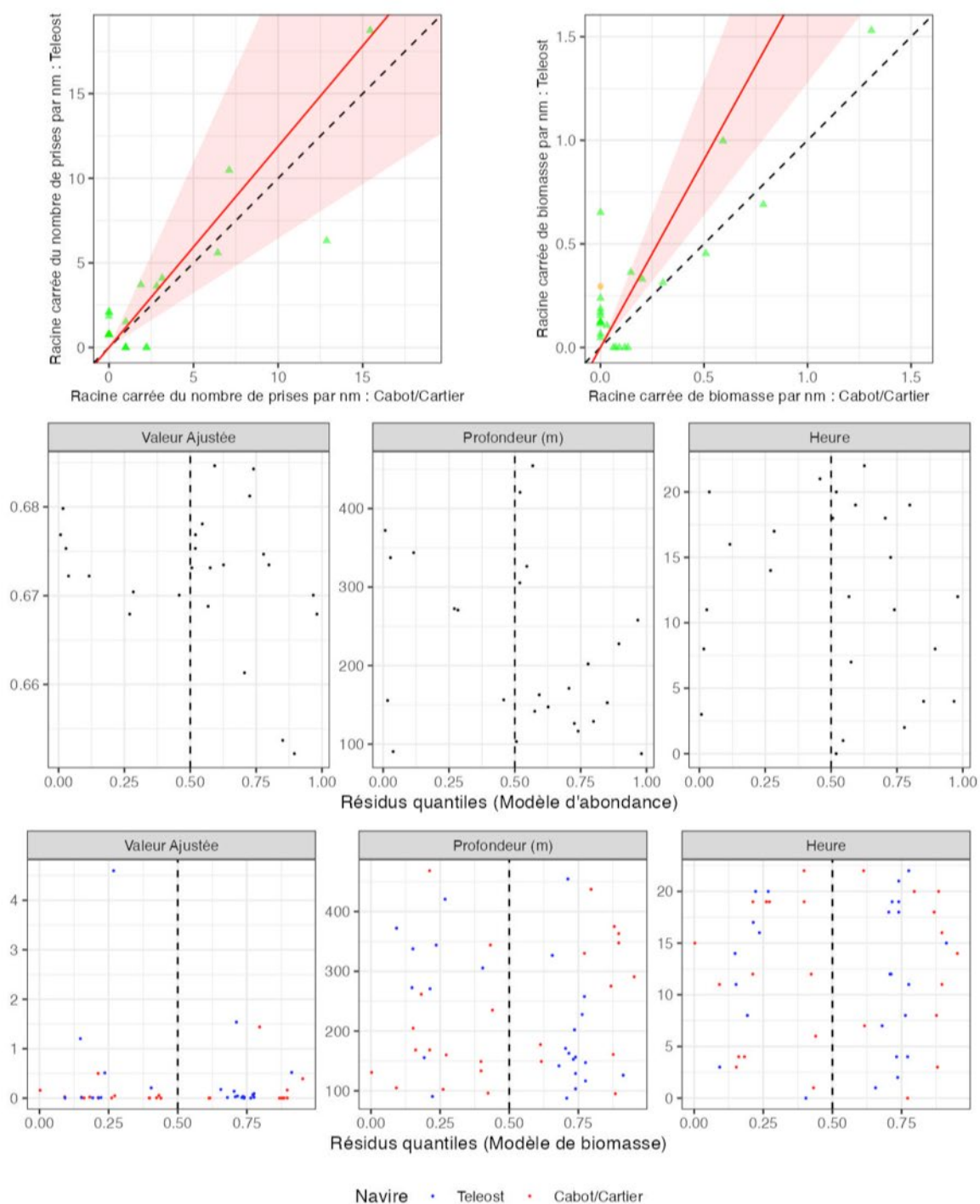


Figure 103. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Hormathia* sp. (8316).

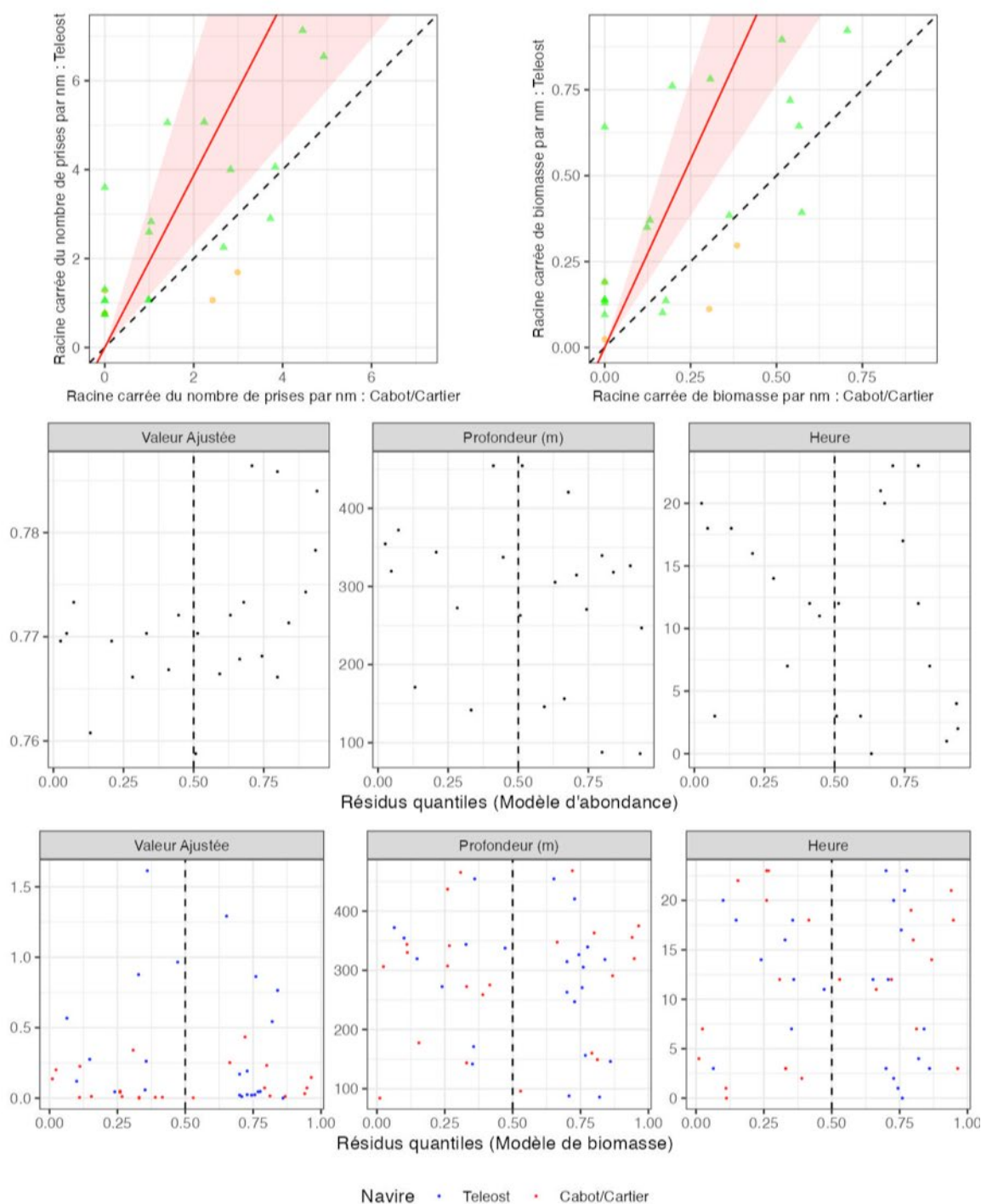


Figure 104. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Psilaster andromeda* (8347).

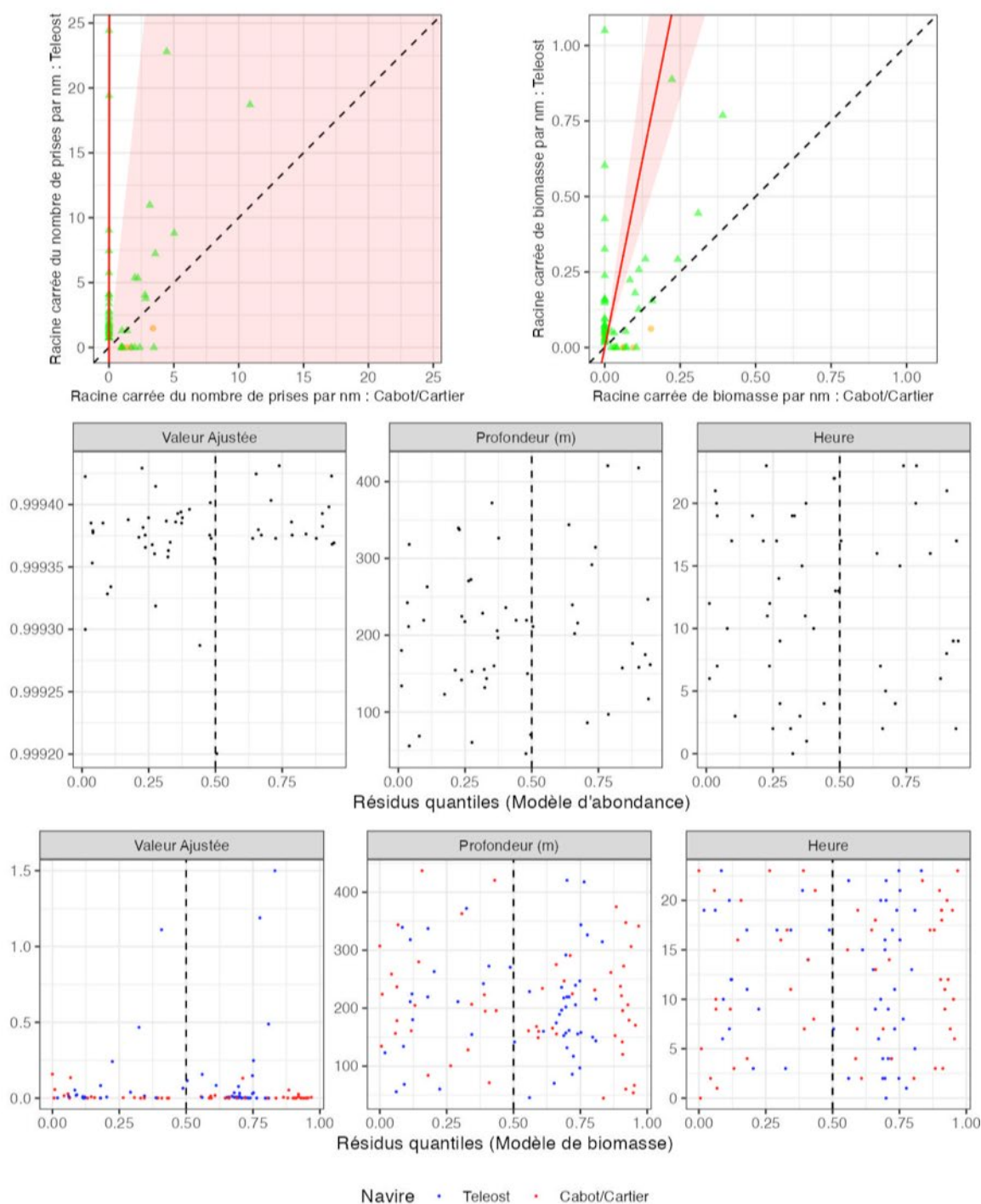


Figure 105. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Pennatula aculeata* (8367).

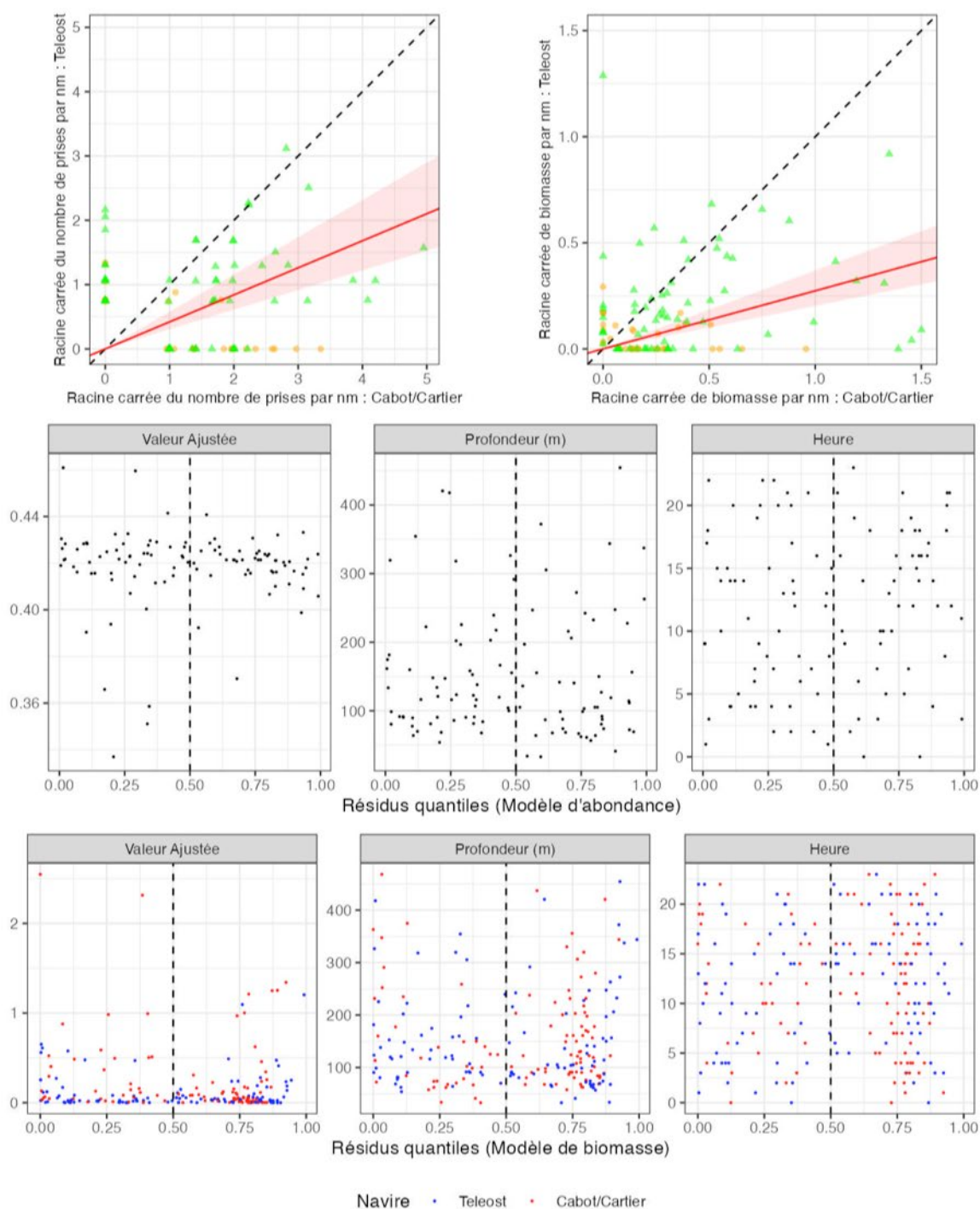


Figure 106. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour Scyphozoa. (8500).

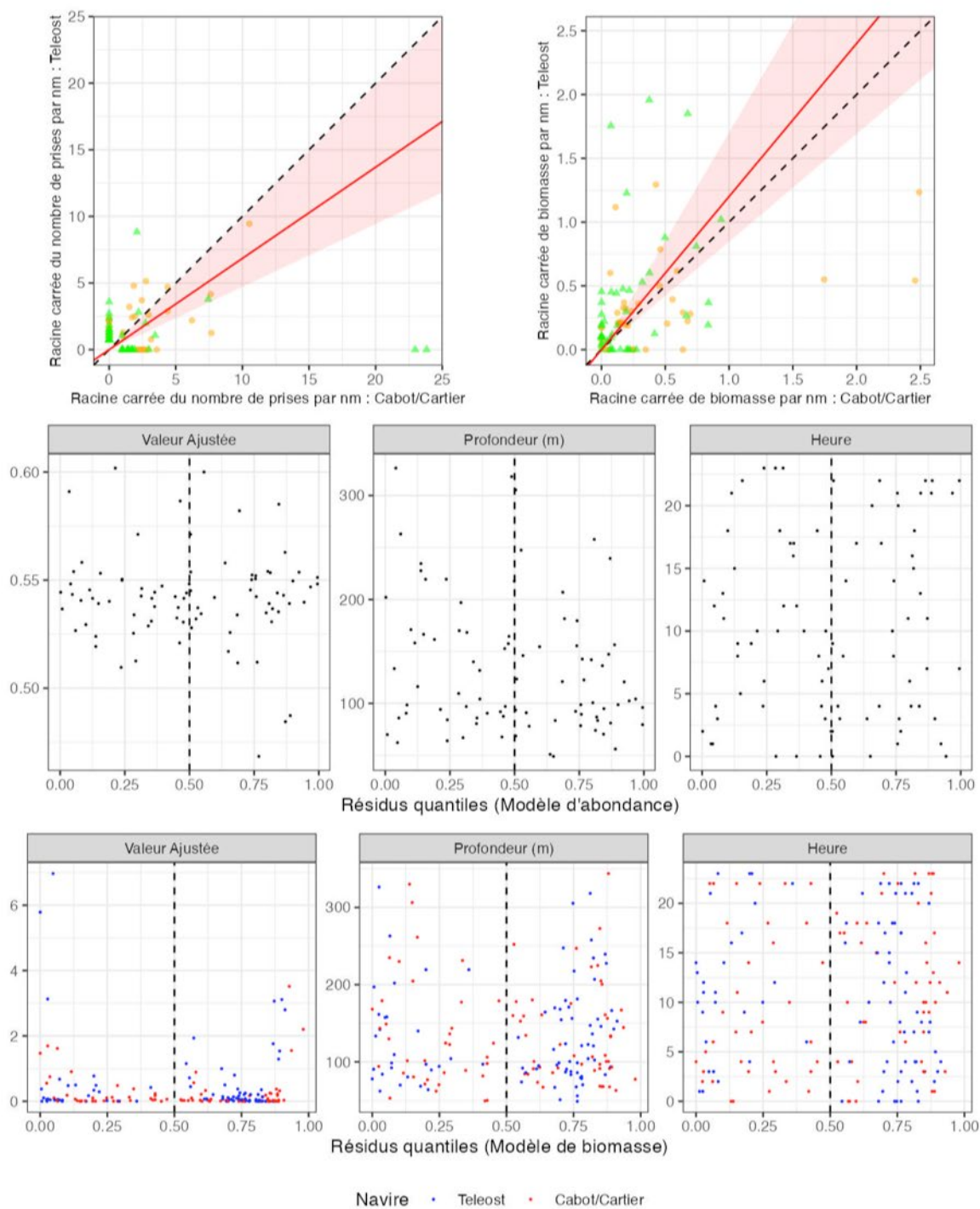


Figure 107. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Porifera*. (8600).

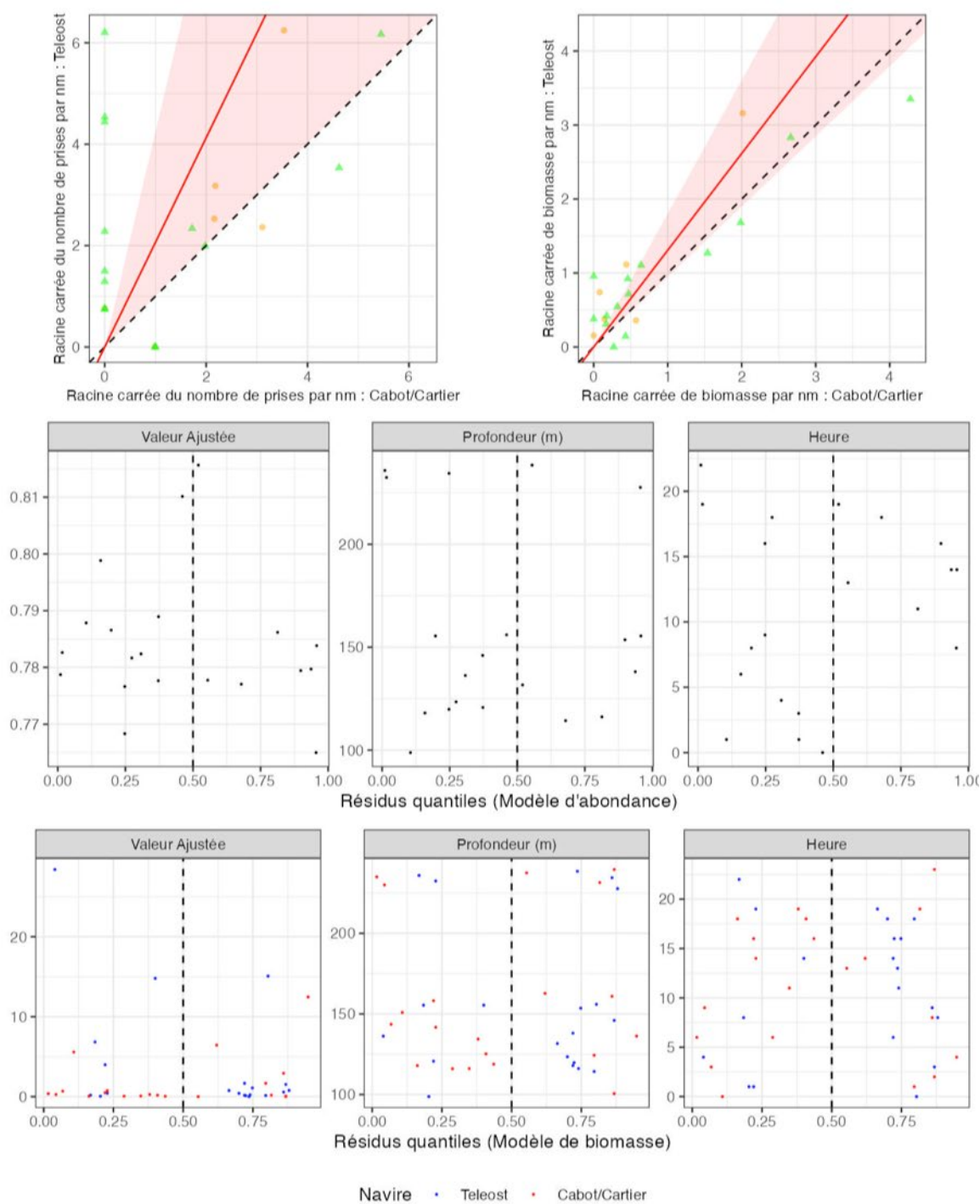


Figure 108. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Vazella pourtalesi* (8601).

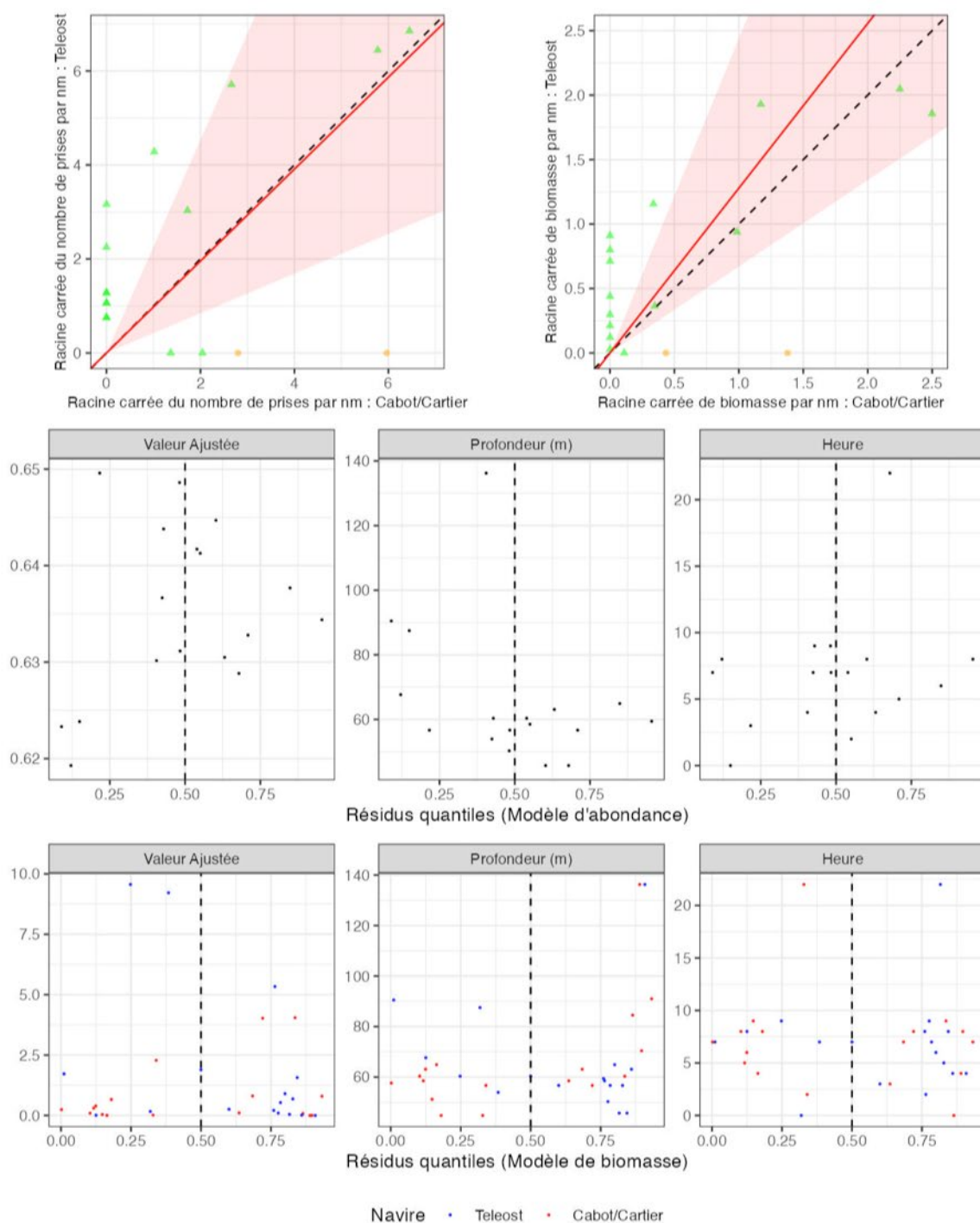


Figure 109. Visualisation des données sur la pêche comparative et de l'ajustement du modèle avec regroupement par taille pour *Suberites ficus* (8613).