Actualisation du modèle stock-recrutement pour la conservation et la gestion des populations de saumon atlantique du Québec

Forêts, Faune et Parcs
Québec

Actualisation du modèle stock-recrutement pour la conservation et la gestion des populations de saumon atlantique du Québec

Mélanie Dionne
Guillaume Dauphin
Gérald Chaput
Étienne Prévost

Pour le
Ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs
Secteur Faune et Parcs

Février 2015

Diffusion

La version intégrale de ce document est accessible sur le site Internet
mffp.gouv.qc.ca

Référence à citer :

DIONNE, M., G. DAUPHIN, G. CHAPUT et E. PRÉVOST (2015). Actualisation du modèle stock-recrutement pour la conservation et la gestion des populations de saumon atlantique du Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs du Québec, Direction générale de la gestion de la faune et des habitats, Direction l'expertise sur la faune aquatique, 66 p.

© Gouvernement du Québec
Ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs
Dépôt légal - Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2018
ISBN (PDF) : 978-2-550-80371-3

Réalisation

Analyses et rédaction : Mélanie Dionne, biologiste chercheur[1]
Guillaume Dauphin, chercheur post-doctoral[2]
Vanessa Cauchon, technicienne de la faune[1]

Collaborations : Gérald Chaput, coordonnateur Centre d'avis scientifique[3]
Étienne Prévost, chercheur[4]

Conception graphique : Guillaume Dauphin

Traitement de texte : Vanessa Cauchon

Remerciements : Valérie Bujold, biologiste
François Barnard, agent de recherche et de planification socioéconomique
Charlène Lavallée, biologiste
Sébastien Ross, biologiste
Marc Talbot, technicien de la faune
Benoît Thomas, biologiste
Marc Valentine, biologiste

[1]Ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs
Direction générale de la gestion de la faune et des habitats
Direction de l'expertise la faune aquatique
880, chemin Sainte-Foy, Québec (Québec) G1S 4X4
Téléphone : 1 (418) 627-8694
Télécopieur : (418) 646 6863
Courriel :melanie.dionne@mffp.gouv.qc.ca

[2] Pêches et Océans Canada
Northwest Atlantic Fisheries Center
80 East White Hills Road
PO Box 5667, St John's (Newfoundland) A1C 5X1
Courriel : guillaume.dauphin@gmail.com

[3]Centre des avis scientifiques, Région du Golfe, Pêches et Océans Canada
C.P. 5030, Moncton (Nouveau-Brunswick)
E1C 9B6
Courriel : Gerald.Chaput@dfo-mpo.gc.ca
Téléphone : (506) 851-2022

[4]UMR INRA/UPPA Ecobiop
Quartier Ibarron
64310, Saint-Pée-sur-Nivelle (France)
Téléphone : +33 (0)5 59 51 59 83
Télécopieur : +33 (0)5 59 54 51 52
Courriel : etienne.prevost@st-pee.inra.fr

Résumé

La gestion du saumon atlantique au Québec est basée sur un modèle de type stock-recrutement, permettant l'établissement de seuils de conservation rivière par rivière. Le modèle, utilisé depuis les années 2000, et jusqu'à ce jour, tient compte des données antérieures à 1990. Or, l'abondance du saumon atlantique a diminué depuis ce temps, au Québec ainsi que sur l'ensemble de son aire de distribution, et la dynamique des populations s'est modifiée à la suite des changements anthropiques et environnementaux. Il importe donc de mettre à jour le modèle stock-recrutement, en intégrant les données récentes sur cette espèce et en utilisant un modèle mathématique mis à jour, pour une gestion actualisée et adéquate des populations de saumon atlantique au Québec. L'objectif de ce rapport est d'expliquer le développement du nouveau modèle stock-recrutement avec une approche bayésienne hiérarchique, qui intègre les données de 12 rivières témoins pour les cohortes de 1972 à 2005. Le modèle intègre également une covariable d'habitat (unités de production) permettant l'exportation de la relation stock-recrutement à des rivières sans donnée biologique. Cette mise à jour permettra d'effectuer une gestion actualisée des stocks en fonction de la dynamique contemporaine des populations et ainsi utiliser des points de référence biologiques qui sont issus d'un meilleur usage des données et des techniques de modélisation disponibles aujourd'hui.

Table des matières

RÉALISATION V
RÉSUMÉ VII
TABLE DES MATIÈRES IX
LISTE DES TABLEAUX XI
LISTE DES FIGURES XIII
LISTE DES ANNEXES XV
INTRODUCTION 1
Contexte historique et législatif 1
L'écologie et l'évolution du saumon atlantique 2
La gestion passée et actuelle du saumon atlantique 2
MÉTHODOLOGIE 5
La relation stock-recrutement et l'approche bayésienne 5
Bases de données stock-recrutement disponibles pour les rivières du Québec 6
Relations stock-recrutement et points de référence 9
Description du modèle non hiérarchique 11
Description du modèle hiérarchique 14
Estimation des points de référence pour les autres rivières du Québec 16
RÉSULTATS 17
Analyses stock-recrutement avec modèle bayésien par rivière 17
Analyses stock-recrutement avec modèle bayésien hiérarchique 21
Estimation des points de référence pour les rivières sans donnée biologique mais avec unités de production connues 25
DISCUSSION 34
Validation et choix du modèle 34
Points de référence et seuils de conservation 35
Limitations et développements futurs 36
RÉFÉRENCES 39
ANNEXES 47

Liste des tableaux

Tableau I. Caractéristiques des 12 rivières pouvant être retenues pour le modèle stock-recrutement avec approche bayésienne hiérarchique. Années : cohortes pouvant être incluses dans les analyses et ayant au moins 95 % des adultes de retour dans les montaisons; décompte : type de décompte, visuel ou par passe migratoire, effectué pour estimer l'abondance des retours d'adultes en rivière; pêche d'alimentation et commerciale : présence (oui ou non) de pêche d'alimentation et commerciale par rivière avec années d'activités, durant la période d'analyse; % ensemencement : proportion de géniteurs potentiellement produits par ensemencement / retours totaux d'adultes durant la période d'analyse. 8

Tableau II. Fréquence d'âge moyen des différents segments de la population pour chacune des 12 rivières incluses dans le modèle stock-recrutement. 9

Tableau III. Taux de survie normalisés, par stade jusqu'à l'adulte, utilisés dans les calculs du nombre de géniteurs potentiellement issus des ensemencements et retirés des retours d'adultes pour les rivières ciblées (selon Caron et Lebel, 1991; Caron et coll., 1999; Dionne et Cauchon, 2015). 9

Tableau IV. Récapitulatif des distributions a priori pour les variables estimées dans le modèle de stock-recrutement bayésien non hiérarchique. Les distributions sont paramétrées comme suit : Gamma (forme, échelle inverse); LogNormal (log (moyenne), précision). 12

Tableau V. Récapitulatif des distributions a priori pour les variables estimées dans le modèle de stock-recrutement bayésien hiérarchique. Les distributions sont paramétrées comme suit : Gamma (forme, échelle inverse); Normal (moyenne, précision).....15

Tableau VI. Valeurs estimées de S^{opt} par les modèles stock-recrutement bayésiens par rivière de Ricker et Beverton-Holt pour les 12 rivières témoins (non hiérarchiques), ainsi que l'écart type associé (σ^2, valeur médiane). Les captures à S^{opt} 25 %, le taux d'exploitation (h^{opt}) à S^{opt} 25 % et le S^{max} médian sont indiqués. 17

Tableau VII. Comparaison de deux modèles bayésiens par rivière : un premier assumant la présence dans le recrutement d'adultes issus des ensemencements selon un taux de survie normalisé (modèle de base avec ensemencement) et un deuxième modèle assumant aucune influence des ensemencements dans le recrutement pour chacune des rivières témoins. Les différences en terme de S^{opt} 75 % estimé en œufs et en proportion (%) sont indiquées (modèle sans ensemencement – modèle avec ensemencement). L'intensité indique la proportion moyenne d'adultes potentiellement issus des ensemencements dans le recrutement pendant la période d'analyse, en assumant un taux de survie normalisé. 21

Tableau VIII. Comparaison des valeurs de S^{opt} 75 % en nombre d'œufs pour le précédent modèle, pour les modèles bayésiens hiérarchiques et non hiérarchiques ainsi que la différence en pourcentage entre les modèles hiérarchiques – non hiérarchiques (Différence 1) et entre hiérarchiques – précédent (Différence 2). 25

Tableau IX. Points de référence biologiques estimés par le modèle bayésien hiérarchique avec covariable unité de production (UP) pour S^{opt} et aucune pour $\boldsymbol{h}^{opt}$, pour les 12 rivières témoins.....30

Tableau X. Valeurs de S^{opt} selon différentes probabilités estimées par le modèle bayésien hiérarchique avec la covariable unité de production (UP) pour l'ensemble des rivières du Québec sans donnée stock-recrutement mais avec UP connues. Le seuil de conservation S^{opt} 75 % du modèle précédent est indiqué (Précédent). Le numéro de la rivière est indiqué par son numéro de rivière prédite, ainsi que son numéro d'identité (No. Rivière). 31

Liste des figures

Figure 1. Courbe de stock-recrutement médiane de type Ricker (ligne pleine) et sa droite de remplacement (ligne pointillée), avec points de référence associés. S^{opt}: stock optimal, $S^{\max}$: stock maximal, S^{rep}: stock de remplacement, C^{opt}: captures optimales, $C^{\max}$: captures maximales, $R^{\max}$: recrutement maximal (tiré de Caron et coll., 1999). 11

Figure 2. Diagramme représentant le modèle bayésien par rivière (non hiérarchique) utilisé pour représenter la dynamique des populations de chacune des 12 rivières témoins. Chaque cadre représente une répétition pour chacune des rivières i et chaque année t. Les flèches représentent les dépendances parent(s) - enfant entre chaque variable. Les flèches en trait plein indiquent des relations probabilistes entre les variables et les flèches pointillées des relations déterministes. 13

Figure 3. Diagramme DAG illustrant le modèle bayésien hiérarchique utilisé pour représenter la dynamique des populations de chacune des 12 rivières témoins. Chaque cadre représente une répétition pour chacune des rivières i et chaque année t. Les flèches indiquent les dépendances parent(s) - enfant entre chaque variable. Les flèches en trait plein indiquent des relations probabilistes entre les variables et les flèches pointillées des relations déterministes. 15

Figure 4. Relation stock-recrutement de a) Ricker et de b) Beverton-Holt (BH) avec approche bayésienne par rivière pour la rivière Saint-Jean, en Gaspésie. Les points noirs représentent les données de stock-recrutement disponibles pour la rivière Saint-Jean (1972-2005), la courbe en noir représente le modèle médian, la zone grisée représente l'intervalle de crédibilité à 25 – 75 % et la zone entre les lignes pointillées représente l'intervalle de crédibilité à 5 – 95 %. Le nuage de points noirs représente les distributions a posteriori du S^{opt} et du R^{opt}. Les intervalles en bleu foncé et bleu pâle représentent respectivement les intervalles de probabilité à 25 – 75 % et 5 – 95 % du S^{opt}. Les graphiques c et d représentent les résidus du modèle de Ricker et Beverton-Holt respectivement. Les diagrammes en boîtes grises indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %, la ligne séparant la boîte correspond à la médiane et la ligne pointillée rouge indique la médiane des résidus sur l'ensemble de la série temporelle.....18

Figure 5. Régression linéaire entre les points de référence S^{opt} 75 % estimés à l'aide du modèle bayésien par rivière et les covariables unité de production (UP), surface accessible au saumon (m2) et indice de qualité d'habitat moyen pondéré pour la surface du segment (IQH moyen). L'équation de la régression linéaire et son coefficient de corrélation sont indiqués pour chaque régression statistiquement significative. 20

Figure 6. Comparaison du modèle bayésien hiérarchique (bleu) avec les modèles bayésiens par rivière (rouge) pour chacune des rivières témoins. La droite pointillée est la droite de remplacement. 23

Figure 7. Comparaison des distributions a posteriori des S^{opt} (échelle log) pour les 12 rivières témoins (modèle non hiérarchique en gris clair et modèle hiérarchique en gris foncé) et valeurs de S^{opt} 75 % du modèle de Fontaine et Caron (1999; points rouges). Les diagrammes de boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la médiane. 24

Figure 8. Relation entre les valeurs d'unité de production (UP) (x 1 000) et les distributions a posteriori des S^{opt} (x 1 000) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (orange). Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 % et les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %. La ligne séparant la boîte correspond à la relation médiane.....26

Figure 9. Relation entre les valeurs estimées de $\boldsymbol{h}^{opt}$ par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (orange) et leurs unités de production (UP) respectives (x 1 000). Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la relation médiane. 27

Figure 10. Distribution a posteriori des S^{opt} (échelle log) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour l'ensemble des rivières du Québec sans donnée stock-recrutement mais avec les unités de production (UP) connues. Les points rouges représentent les seuils de conservation, S^{opt} 75 %, issus du précédent modèle. Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la médiane. 28

Figure 11. Relation entre les valeurs d'unités de production (UP) (x 1 000) et les distributions a posteriori des S^{opt} (x 1 000) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (en orange) ainsi que pour les 92 rivières du Québec pour lesquelles la seule information disponible est la covariable UP (gris clair). Trente-

quatre de ces rivières sont dans l'intervalle d'UP couvert par les rivières témoins alors que 54 rivières possèdent des UP plus faibles et 4 possèdent des UP plus élevés que les rivières témoins. Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %. La ligne séparant la boîte correspond à la médiane. 29

Liste des annexes

Annexe I. Modélisation stock-recrutement de Ricker et de Beverton-Holt avec approche bayésienne pour chacune des 12 rivières incluses dans le modèle global. 47

Annexe II. Modélisation stock-recrutement de Ricker avec approche bayésienne hiérarchique incluant les 12 rivières témoins. 49

Annexe III. Unités de production par rivière estimées selon la méthode de Picard (1998) et utilisées pour la gestion des populations de saumon atlantique au Québec. 52

Annexe IV : Modèles stock-recrutement de Ricker et de Beverton-Holt (BH) avec approche bayésienne par rivière, incluant la distribution des résidus pour chacun des modèles. 55

Introduction

Contexte historique et législatif

Devant les différentes influences anthropiques et les changements environnementaux croissants, les organisations régionales, nationales et internationales ont établi des règles et ont réaffirmé l'importance d'effectuer un suivi serré de la biodiversité en milieu naturel (Balmford et coll., 2005; Schwartz et coll., 2006; Convention on Biological Diversity, 2011; Pereira et Cooper, 2006). La biodiversité englobe la diversité des écosystèmes, des espèces, des populations ainsi que la diversité phénotypique et génétique pour une espèce donnée (Frankham et coll., 2002). Afin de préserver cette biodiversité et d'effectuer une gestion prudente de la faune, et en présence du déclin observé de plusieurs espèces fauniques, la communauté internationale a mis de l'avant le « principe de précaution » (CNUED, 1992). Cette approche préconise l'adoption de mesures de protection avant qu'il y ait des preuves scientifiques complètes démontrant l'existence d'un risque. Basée sur ce principe, une action ne devrait pas être différée simplement en raison de l'absence de renseignements scientifiques complets. L'approche de précaution a été incorporée dans plusieurs accords internationaux portant sur la protection de l'environnement, et plus particulièrement pour la gestion des stocks de poissons, afin d'éviter des dommages sérieux aux populations de poissons et à leur écosystème dans un contexte d'exploitation (FAO, 1997). En effet, l'Accord des Nations Unies sur les stocks de poissons chevauchants et grands migrateurs (ANUP), entré en vigueur en 2001, oblige le Canada à appliquer l'approche de précaution à la gestion des stocks de poissons canadiens. Cette approche est dorénavant reconnue comme un élément essentiel d'une gestion durable des pêches (MPO, 2006). Le cadre décisionnel pour les stocks de poissons intégrant l'approche de précaution a pour but de : 1) définir des points de référence biologiques pour la gestion des stocks; 2) définir une stratégie et des règles de décision pour l'exploitation de la ressource et 3) tenir compte de l'incertitude et du risque dans l'élaboration de points de référence et de la mise en œuvre des règles de gestion.

Parallèlement, la Stratégie mondiale de la conservation (SMC) stipule que les problèmes de l'environnement ne peuvent être résolus que par un effort à long terme et la conciliation active des objectifs de conservation de l'environnement et du développement (UICN, 1948; PNUE, 1972; WWF, 1980). Les principaux objectifs sont de : 1) maintenir les processus écologiques essentiels et les systèmes entretenant la vie; 2) préserver la diversité génétique et 3) veiller à l'utilisation durable des espèces et des écosystèmes.

Sur la base de ces principes internationaux, le saumon atlantique fait l'objet d'une gestion nationale et internationale concertée depuis la création, en 1984, de l'Organisation pour la conservation du saumon de l'Atlantique Nord (OCSAN), qui réunit les gestionnaires de tous les pays ayant du saumon atlantique sauvage, et du Conseil international pour l'Exploration de la Mer (CIEM), qui rassemble les scientifiques des pays concernés afin de fournir des recommandations scientifiques sur la conservation des stocks. Ces deux organisations ont

adopté les principes internationaux de conservation, incluant l'approche de précaution pour la gestion des stocks de saumon atlantique. Il appartient ainsi à chaque pays de définir l'approche préconisée et les points de référence biologique soutenant une gestion durable.

L'écologie et l'évolution du saumon atlantique

Le saumon atlantique est un poisson migrateur philopatrique qui a colonisé des habitats diversifiés le long de l'océan Atlantique Nord depuis la dernière période glaciaire, il y a 14 000 à 7 000 ans (Schmidt, 1986; Dyke et Prest, 1987). En Amérique du Nord, on le trouve du Connecticut jusqu'à la baie d'Ungava, alors que du côté européen, il colonise les rivières de l'Espagne jusqu'aux eaux du nord de la Russie. Le saumon atlantique anadrome se reproduit en eau douce où il passe les premières années de sa vie (généralement de un à trois ans) avant de migrer vers la mer pour une période d'alimentation qui dure un an (madeleineaux ou grilses) ou deux ans et plus (rédibermarins). Il retourne ensuite dans sa rivière natale pour la reproduction (Stabell, 1984). Ce comportement de *homing* a permis au saumon de développer des adaptations locales aux conditions biologiques et environnementales particulières de sa rivière natale (Taylor, 1991; Garcia de Leaniz et coll., 2007; Dionne et coll., 2007, 2008, 2009; Fraser et coll., 2011; Bourret et coll., 2013). Dans l'est du Canada, sept grandes régions génétiques ont été identifiées à ce jour pour le saumon atlantique (Dionne et coll., 2008), ce qui suggère que les populations d'une région donnée présenteraient des caractéristiques et possiblement des adaptations plus similaires que les populations d'autres régions géographiques (Bourret et coll., 2013). Néanmoins, à l'intérieur de ces régions génétiques, chaque rivière possède sa propre identité génétique, comme c'est le cas pour la plupart des rivières étudiées en Amérique du Nord (ex. O'Reilly et coll., 1996; Fontaine et coll., 1997; McConnell et coll., 1997; Spidle et coll., 2003; Verspoor et coll., 2005; Dionne et coll., 2008). Cet élément souligne le caractère distinct de chaque population et la nécessité d'une gestion de cette espèce rivière par rivière.

L'abondance des saumons adultes en rivière a graduellement diminué depuis les dernières décennies sur toute l'aire de répartition de l'espèce (Parrish et coll., 1998; WWF, 2001; CIEM, 2015). Au Québec, 114 rivières à saumon font l'objet d'un suivi sur le territoire et une diminution d'abondance des adultes en rivière, touchant particulièrement les rédibermarins, est observée depuis les années 1970, bien qu'on note une certaine stabilité depuis les années 2000 (CIEM, 2015). Le saumon de la plupart des régions du Québec a obtenu le statut de « préoccupant », alors qu'il est déclaré « en voie de disparition » sur l'île d'Anticosti (COSEPAC, 2010). Dans ce contexte, il importe d'adopter une approche de conservation et de gestion de l'espèce basée sur les développements scientifiques les plus récents en termes de dynamique des populations et de leur modélisation prédictive.

La gestion passée et actuelle du saumon atlantique

Dans les années 1990, la gestion des rivières au Québec était basée sur les travaux d'Elson (1975) concernant la productivité de la rivière Pollet et de la rivière Miramichi. Elson (1975) a

suggéré qu'il devait y avoir 1,68 œuf/m^2 d'habitat pour atteindre une productivité optimale et 2,4 œufs/m^2 en tenant compte d'un taux de 25 % d'exploitation, de braconnage et d'autres causes de mortalité. Ainsi, une cible de gestion de 1,68 œuf/m^2 avait alors été utilisée pour les rivières au sud du Saint-Laurent, en tenant compte de la surface totale d'habitat accessible au saumon, et de 2,4 œufs/m^2 pour les rivières au nord du Saint-Laurent et sur l'île d'Anticosti, en tenant compte d'une catégorisation de l'habitat selon Côté et coll. (1987a et b; Côté, 1990; pour plus de détails voir Caron et coll., 1999).

Depuis les années 2000, un modèle stock-recrutement (SR) a été instauré pour définir des points de référence biologiques par rivière et est encore utilisé à ce jour (Fontaine et Caron, 1999; Caron et coll., 1999; Prévost et coll., 2001). L'approche fréquentiste a été employée pour construire ce modèle et les données d'abondance de six populations entre 1972 et 1990 ont été utilisées. Un modèle stock-recrutement a été ajusté pour chacune des six rivières (Cascapédia, Dartmouth, Matane, Saint-Jean, York et de la Trinité) et des points de référence biologiques ont été identifiés pour chacune d'entre elles. Le seuil de conservation a été défini comme étant S_{opt}75 %, c'est-à-dire le stock permettant un rendement maximal soutenable (équivalent au S_{MSY} : « *Stock at the Maximum Sustainable Yield* »). Par approche de précaution dans un contexte de déclin des stocks et afin de tenir compte de l'incertitude reliée à l'estimation des paramètres du modèle, une probabilité de 75 % d'atteindre ou d'être au-dessus de la valeur S_{opt} associée au modèle a été choisie, plutôt que la valeur médiane de S_{opt} souvent sélectionnée pour la gestion des stocks (Prévost et Chaput, 2001). Un deuxième point de référence se situant au-dessus du seuil de conservation avait également été suggéré, la cible de gestion, afin de permettre aux gestionnaires d'identifier un niveau d'exploitation durable dans une zone sécuritaire pour la population.

À l'aide d'une régression linéaire, les valeurs de S_{opt}75 % avaient alors été mises en relation avec le potentiel d'habitat exprimé en unités de production (UP). Les UP représentent un indice de qualité et de disponibilité d'habitat qui tient compte de la surface accessible au saumon dans une rivière (en m^2) et d'un indice de qualité d'habitat (IQH) en fonction du faciès d'écoulement, de la largeur et de la granulométrie de chacun des segments de rivière, ainsi que d'un indice de croissance basé sur la température (UP = $\sum m^2$ x IQH; pour plus de détails voir Picard, 1998 et Caron et coll., 1999). Cette régression linéaire avait comme pente 1,67 œuf/UP, ce qui a permis d'estimer le seuil de conservation des autres rivières du Québec n'ayant pas de donnée relative au stock-recrutement, mais possédant des données de qualité d'habitat. Ainsi, on trouve les seuils de conservation par rivière exprimés en œufs dans le *Bilan de l'exploitation du saumon au Québec* du ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs du Québec (MFFP; Cauchon, 2015). Lorsque les rivières se situent sous leur seuil de conservation, des restrictions au niveau de l'exploitation s'appliquent. Dans les faits, bien que la cible de gestion ait été suggérée à cette époque, le seuil de conservation représente généralement le point de référence utilisé par les gestionnaires des rivières du Québec.

Depuis les années 1990, les dernières années incluses dans le modèle actuellement utilisé, un important déclin des populations de saumon atlantique a été observé sur l'ensemble de son aire

de distribution en Amérique du Nord et en Europe (CIEM, 2015). La dynamique des populations actuelles en Amérique du Nord, comme au Québec, semble avoir changé à la suite des changements anthropiques et environnementaux, résultant en des niveaux de mortalité plus élevés, notamment durant la phase de vie marine (Friedland et coll., 2000; CIEM, 2015). Également, depuis ces années, des données fiables sur l'abondance des populations ont été cumulées (Cauchon, 2015) et de nouvelles méthodologies ont été élaborées pour perfectionner les analyses stock-recrutement. Il importe donc de mettre à jour le modèle actuellement utilisé pour la gestion des populations de saumon atlantique au Québec en intégrant les données récentes et en utilisant un modèle statistique selon les derniers développements dans le domaine (Parent et Rivot, 2012). Cette mise à jour permettra d'effectuer une gestion actualisée des stocks en fonction de la dynamique contemporaine des populations et permettra ainsi d'utiliser des points de référence biologiques qui font un meilleur usage des données et des techniques de modélisation disponibles aujourd'hui.

Méthodologie

La relation stock-recrutement et l'approche bayésienne

Les analyses mettant en relation le stock (S) et son recrutement (R) (modèles stock-recrutement) constituent des modèles statistiques parmi les plus utilisés pour évaluer la dynamique des populations des salmonidés, comme le saumon atlantique (*Salmo salar*), et ultimement pour déterminer des points de référence biologiques utiles pour la gestion (Schnute et Kronlund, 1996; Kennedy et Crozier, 1993; Chaput et coll., 1998; Schnute et coll., 2000; Prévost et Chaput, 2001; Parent et Rivot, 2012; voir Rivot et coll., 2001). Dans ce contexte, l'approche bayésienne est particulièrement utile pour tenir compte avec rigueur et décrire quantitativement les différentes formes d'incertitudes liées à la dynamique des populations étudiées ainsi qu'aux processus d'observation de ces populations (Ellison, 1996; Hilborn et Mangel, 1997; Punt et Hilborn, 1997; Parent et Rivot, 2012; voir Rivot et coll., 2001). L'approche bayésienne permet d'intégrer plusieurs sources d'information (données de terrain hétérogènes échantillonnées à différentes échelles spatiales et/ou temporelles, connaissances d'experts, données obtenues dans d'autres études, etc.) et de prendre en compte de façon formelle et cohérente les différentes formes d'incertitudes associées aux variables d'intérêt estimées, ce qui est utile pour définir le risque associé à la prise de décisions en gestion (McAllister et Kirkwood, 1998; Robb et Peterman, 1998; voir Rivot et coll., 2001). En effet, l'approche bayésienne assigne des distributions de probabilités à toutes les variables d'intérêt que l'on cherche à estimer, permettant ainsi d'obtenir un degré de confiance associé aux différentes décisions et de mesurer les risques pour la conservation de la ressource.

Des données fiables d'abondance des stocks et de leurs recrues ne sont pas toujours disponibles pour les systèmes où la gestion des stocks est requise. Récemment, l'approche bayésienne hiérarchique a été utilisée et suggérée comme étant un modèle de choix pour évaluer les relations stock-recrutement et les points de référence des rivières sans donnée biologique (Prévost et coll., 2003; Parent et Rivot, 2012). Cette approche est à mi-chemin entre : 1) la mise en commun des données SR de toutes les rivières disponibles et 2) le traitement indépendant des bases de données SR pour chaque rivière. Dans le premier cas, la combinaison de toutes les données SR disponibles assumerait qu'il n'existe qu'une seule relation stock-recrutement commune à toutes les rivières dans une région donnée, ce qui constitue une simplification de la réalité. Dans le deuxième cas, le traitement indépendant des rivières assumerait qu'il n'y a pas d'information à apprendre de la dynamique d'autres rivières de la région, ce qui contredit l'essence même des résultats associés aux rivières témoins, utilisés efficacement dans des contextes plus large de gestion et de conservation (ex. Prévost et coll., 2003; Grant et coll., 2007; DFO, 2008; Dionne et Cauchon, 2015). L'approche bayésienne hiérarchique permet le transfert d'information de rivières « riches » en données aux rivières « pauvres » en données (ex. ne possédant que des informations sur l'habitat), en considérant les paramètres de la relation stock-recrutement différents pour chacune des rivières analysées, mais issus d'une même distribution de probabilité (Prévost et coll., 2003). Par cette

approche intermédiaire, le transfert d'information d'une rivière à l'autre est possible, tout en considérant la dynamique unique de chacune des rivières ayant des données SR fiables disponibles. L'approche bayésienne hiérarchique permet également l'introduction de covariables (ex. variables sur l'habitat) permettant potentiellement d'expliquer une partie de la variabilité inter-rivière. En utilisant une structure hiérarchique il est ainsi possible d'estimer les paramètres des relations stock-recrutement et les points de référence biologiques de rivières qui ne possèdent pas de donnée d'abondance mais qui possèdent plutôt des covariables d'intérêt. Considérant tous ces avantages reliés à l'approche bayésienne hiérarchique, celle-ci a été sélectionnée comme approche de choix pour la mise à jour du modèle stock-recrutement pour les populations de saumon atlantique du Québec.

Bases de données stock-recrutement disponibles pour les rivières du Québec

Dans un contexte d'approche bayésienne hiérarchique, toute série de données fiables de stock et de recrutement peut être utilisée pour améliorer les estimations des différents paramètres du modèle. On qualifie de fiables les données SR lorsque les informations suivantes sont disponibles pour une rivière :

- Données exhaustives sur le nombre de retours et de reproducteurs par année sur une longue période temporelle;
- Données de fréquence d'âge issues des lectures d'écailles des différents segments de la population (madeleineaux, rédibermarins, saumons à frai antérieur);
- Proportion de femelles dans les différents segments de la population;
- Poids moyen par âge;
- Données exhaustives sur les niveaux d'ensemencements annuels historiques, incluant le nombre et le stade des individus ensemencés;
- Données historiques des captures par pêche sportive, d'alimentation et commerciale.

Comme les modèles stock-recrutement visent à évaluer la dynamique des populations naturelles, la priorité est donnée aux rivières où les ensemencements ont un impact limité en termes de géniteurs potentiellement produits par ces ensemencements relativement à l'abondance de la population sauvage. Somme toute, l'ensemencement à un niveau limité, la pêche d'alimentation et la pêche commerciale peuvent être pris en compte dans la modélisation. Le tableau I indique les 12 rivières considérées comme possédant des données SR fiables et retenues pour la mise à jour de l'analyse stock-recrutement avec modèle bayésien hiérarchique.

Pour chacune de ces 12 rivières, les bases de données en termes de stocks et leurs recrues ont été construites pour les cohortes disponibles. Les retours d'adultes ont été assignés à leur cohorte de naissance grâce aux informations d'abondance, de structure et de fréquence d'âge pour chacun des segments de la population (madeleineaux, rédibermarins, saumons à frai antérieur; tableau II). Les cohortes avant 1972 n'ont pas été utilisées par soucis de fiabilité des données. La cohorte la plus récente inclue dans les analyses pour chaque rivière correspond à la cohorte pour laquelle au moins 95 % des reproducteurs sont de retour à leur rivière natale. Les rivières sélectionnées ont un niveau d'ensemencement limité en termes de géniteurs potentiellement produits (calculé selon un taux de survie standardisé; Caron et coll., 1999; Dionne et Cauchon, 2015) par rapport au nombre total de retours sur la période d'analyse (tableau I). Une correction a tout de même été effectuée pour les rivières ensemencées en soustrayant des retours annuels les adultes potentiellement issus des ensemencements, calculés en considérant le nombre d'individus ensemencés et leur stade d'ensemencement (MFFP, données non publiées), ainsi que leur taux de survie normalisé par stade (Saint-Jean : Dionne et Cauchon, 2015; autres rivières : Caron et coll., 1999; Caron et Lebel, 1991; tableau III). À partir des observations sur le terrain (M. Talbot, MFFP, communication personnelle) et selon les meilleures connaissances disponibles, l'hypothèse retenue pour le calcul est que : les œufs ensemencés deviennent smolts et dévalent la rivière 4 ans plus tard; les tacons 0+, les alevins nourris et non nourris, 3 ans plus tard; les tacons 1+ et les tacons thermorégulés 0+, 2 ans plus tard; les tacons 2+, 1 an plus tard, et les smolts dévalent l'année d'ensemencement. Il est également assumé que les smolts ensemencés estimés comme étant des survivants dévalent tous la même année, tel que le documentent certains systèmes (Thorstad et coll., 2011; Urke et coll., 2013), et reviennent en madeleineaux et rédibermarins selon les proportions de ces deux composantes dans la population. Les données de captures par pêche sportive et d'alimentation ont été incluses dans les retours d'adultes, mais exclues du stock reproducteur pour une cohorte donnée. Durant les années d'analyse, la pêche commerciale a eu une influence plus marquée pour la rivière de la Trinité seulement, dans les années 1970 et 1980. Pour cette rivière, sur la base des analyses d'assignation génétique des captures par pêche commerciale sur la Côte-Nord (Colombani et coll., 1998), et considérant l'emplacement des pêches commerciales à cette époque (F. Barnard, MFFP, communication personnelle), 50 % des captures ont été incluses dans les retours pour cette rivière, l'autre moitié des captures étant assumée provenir d'autres rivières, tel qu'il a été observé pour la rivière Saint-Paul (Colombani et coll., 1998).

À des fins d'analyses, les données de stock et de recrutement sont exprimées en nombre d'œufs, en multipliant le nombre de reproducteurs par la proportion de femelles, le poids moyen et la fécondité moyenne, et ce, pour chaque segment de la population. La proportion de femelles utilisée pour chaque segment de la population, ainsi que le poids moyen, ont été tirés des valeurs annuelles connues des rivières témoins Saint-Jean et de la Trinité. Pour les rivières York, Cascapédia, Bonaventure, Jupiter et Chaloupe, des données annuelles de proportion de femelles n'étant pas disponibles, des valeurs moyennes pondérées sur toutes les années disponibles ont été utilisées. Pour les autres rivières, où la proportion de femelles n'était pas connue avec précision, une proportion standard de 5 % chez les madeleineaux et de 60 % chez

les rédibermarins a été utilisée selon Fontaine et Caron (1999). Pour les valeurs de poids moyen pour les rivières autres que témoins, les valeurs moyennes pondérées de la rivière même pour les années disponibles ont été utilisées, sauf pour les rivières Sainte-Anne et Madeleine où les données associées à la rivière n'étaient pas disponibles et où les valeurs moyennes pondérées des rivières adjacentes de la même région géographique ont été utilisées (Saint-Jean, York, Dartmouth et Matane). Finalement, les valeurs de fécondité mises à jour pour les madeleineaux (2025 oeufs/kg), rédibermarins (1757 oeufs/kg) et saumons à frai antérieur (1410 oeufs/kg) ont été utilisées dans ce calcul (Leclerc, 2015).

Tableau I. Caractéristiques des 12 rivières pouvant être retenues pour le modèle stock-recrutement avec approche bayésienne hiérarchique. Années : cohortes pouvant être incluses dans les analyses et ayant au moins 95 % des adultes de retour dans les montaisons; décompte : type de décompte, visuel ou par passe migratoire, effectué pour estimer l'abondance des retours d'adultes en rivière; pêche d'alimentation et commerciale : présence (oui ou non) de pêche d'alimentation et commerciale par rivière avec années d'activités, durant la période d'analyse; % ensemencement : proportion de géniteurs potentiellement produits par ensemencement / retours totaux d'adultes durant la période d'analyse.

Rivière	No	Années	Nbre années	Décompte	Pêche d'alimentation	Pêche commerciale	% Ensemencement
York*	1	1972-2004	33	visuel	Résiduelle (2003-2012)	N	0,010
Dartmouth*	2	1972-2004	33	visuel	Résiduelle (2009-2012)	N	0,005
Bonaventure	3	1972-2004	33	visuel	N	Résiduelle (1976)	0,010
Cascapédia*	4	1972-2003	32	visuel	O (1972-2008)	Résiduelle (1973-1976)	0,010
Grande-Rivière	5	1972-2004	33	visuel	N	N	0,070
Sainte-Anne	6	1973-2005	33	visuel	N	N	0,070
Madeleine	7	1972-2005	34	passe	N	N	0,030
Matane*	8	1972-2005	34	passe	N	N	0,010
Jupiter	9	1983-2005	23	visuel	N	N	0,002
Chaloupe	10	1984-2005	22	visuel	N	N	-
Saint-Jean*	11	1972-2005	34	visuel	N	N	0,010
Trinité*	12	1976-2005	30	passe	N	O (1976-1992)	-

*Les rivières utilisées dans le précédent modèle

Tableau II. Fréquence d'âge moyen des différents segments de la population pour chacune des 12 rivières incluses dans le modèle stock-recrutement.

Rivière	Madeleineaux				Rédibermarins				Frais antérieurs								
	3	4	5	6	4	5	6	7	4	5	6	7	8	9	10	11	12
York	0,06	0,56	0,37	0,02	0,02	0,47	0,38	0,13		0,04	0,15	0,25	0,25	0,24	0,06	0,01	
Dartmouth	0,04	0,77	0,16	0,03	0,03	0,51	0,40	0,06		0,05	0,31	0,23	0,32	0,03	0,07		
Bonaventure	0,05	0,64	0,30	0,01	0,05	0,58	0,33	0,03	0,01	0,05	0,14	0,40	0,25	0,08	0,04	0,02	0,01
Cascapédia	0,03	0,76	0,20	0,01	0,01	0,41	0,45	0,13			0,04	0,27	0,41	0,20	0,06	0,02	
Grande-Rivière	0,06	0,57	0,35	0,01	0,06	0,59	0,31	0,05			0,04	0,53	0,30	0,13			
Sainte-Anne	0,18	0,71	0,11		0,06	0,67	0,24	0,03	0,02	0,09	0,47	0,38	0,04				
Madeleine	0,08	0,83	0,09		0,07	0,80	0,13			0,28	0,54	0,18					
Matane	0,25	0,73	0,03		0,23	0,71	0,06			0,09	0,26	0,33	0,27	0,03	0,02		
Jupiter	0,03	0,65	0,32	0,01	0,02	0,71	0,26			0,05	0,36	0,49	0,11				
Chaloupe	0,10	0,75	0,14	0,01	0,13	0,77	0,10				0,62	0,38					
Saint-Jean	0,06	0,67	0,26	0,01	0,07	0,65	0,27	0,01		0,03	0,26	0,43	0,20	0,07	0,01		
Trinité	0,11	0,77	0,12		0,12	0,79	0,08		0,03	0,23	0,36	0,31	0,04	0,02			

Tableau III. Taux de survie normalisés, par stade jusqu'à l'adulte, utilisés dans les calculs du nombre de géniteurs potentiellement issus des ensemencements et retirés des retours d'adultes pour les rivières ciblées (selon Caron et Lebel, 1991; Caron et coll., 1999; Dionne et Cauchon, 2015).

Stade ensemencé	Saint-Jean	Autres rivières
Oeuf	0,044	0,035
Alevin non nourri	0,055	0,044
Alevin nourri	0,101	0,080
Tacon 0+	0,157	0,125
Tacon 0+Th	-	0,165
Tacon 1+	0,207	0,165
Tacon 2+	0,207	0,165
Smolt 1+	0,564	0,450
Smolt 2+	0,564	0,450

Relations stock-recrutement et points de référence

Le modèle de dynamique de population de Ricker (1954), modifié par Schnute et Kronlund (1996), précédemment utilisé dans la gestion des stocks au Québec (Fontaine et Caron, 1999), a été utilisé pour chacune des 12 rivières avec l'ensemble des données disponibles (1972-

2005). En premier lieu, la relation stock-recrutement médiane est présentée sans son terme d'erreur :

(Équation 1) Modèle Ricker (1954) : $R = \alpha \cdot S \cdot e^{-\beta \cdot S}$

Cette formulation peut être représentée graphiquement par une courbe stock-recrutement médiane (figure 1) où R représente le recrutement médian pour un niveau de stock S donné, alpha (α) fait référence à la productivité et représente la pente près de l'origine et l'inverse de beta (β^{-1}) correspond au nombre de géniteurs produisant le maximum de recrues et est un indicateur de la capacité de support $R^{\max}$. Des points de référence biologiques associés au modèle de Ricker peuvent être calculés et utilisés afin d'orienter les mesures de gestion des stocks (figure 1). Le stock optimal (S^{opt}) représente le nombre de géniteurs permettant une capture optimale soutenable (équivalent au S^{MSY} : « *Stock at Maximum Sustainable Yield* ») et le quantile à 75 % de sa distribution de probabilité *a posteriori* est actuellement utilisé comme seuil de conservation pour les populations de saumon atlantique du Québec (Fontaine et Caron, 1999). $S^{\max}$ est le nombre de géniteurs produisant le recrutement maximal ($R^{\max}$) selon le modèle. S^{rep} représente le nombre de géniteurs produisant un nombre équivalent de recrues, observé à l'intersection de la courbe de stock-recrutement médiane et la droite de remplacement (la droite $y = x$). Finalement, C^{opt} et $C^{\max}$ représentent des excédents prélevables médians (potentiel de captures) aux points S^{opt} et $S^{\max}$ respectivement, et le taux d'exploitation $h = C/(S + C)$.

À des fins de comparaison, le modèle de Beverton-Holt (BH), également utilisé pour décrire la dynamique des populations de poissons, a été utilisé et comparé au modèle de Ricker (annexe I) :

(Équation 2) Modèle de Beverton-Holt : $R = \alpha \cdot S/(1 + \beta \cdot S)$

La formulation des modèles est inspirée de Parent et Rivot (2012, chapitre 7 et 9). Dans la suite du document, la notation $\mathbf{a}|\mathbf{b} \sim \mathbf{f}(\mathbf{b})$ sera utilisée fréquemment. Cette notation indique que la variable aléatoire $\mathbf{a}$ (observée ou non) est issue d'une distribution de probabilité $\mathbf{f}$ conditionnellement à $\mathbf{b}$.

Puisque ce sont les points de référence qui nous intéressent, on peut réécrire la relation de Ricker (Équation 1) en fonction du stock optimal S^{opt} et du taux d'exploitation optimal $\mathbf{h^{opt}}$ (Schnute et Kronlund, 1996; figure 1). Les paramètres α et β de la relation de Ricker sont donc re-paramétrés comme suit :

(Équation 3) $$\alpha = \frac{1}{1 - h^{opt}} \cdot e^{h^{opt}}$$

(Équation 4) $$\beta = \frac{h^{opt}}{S^{opt}}$$

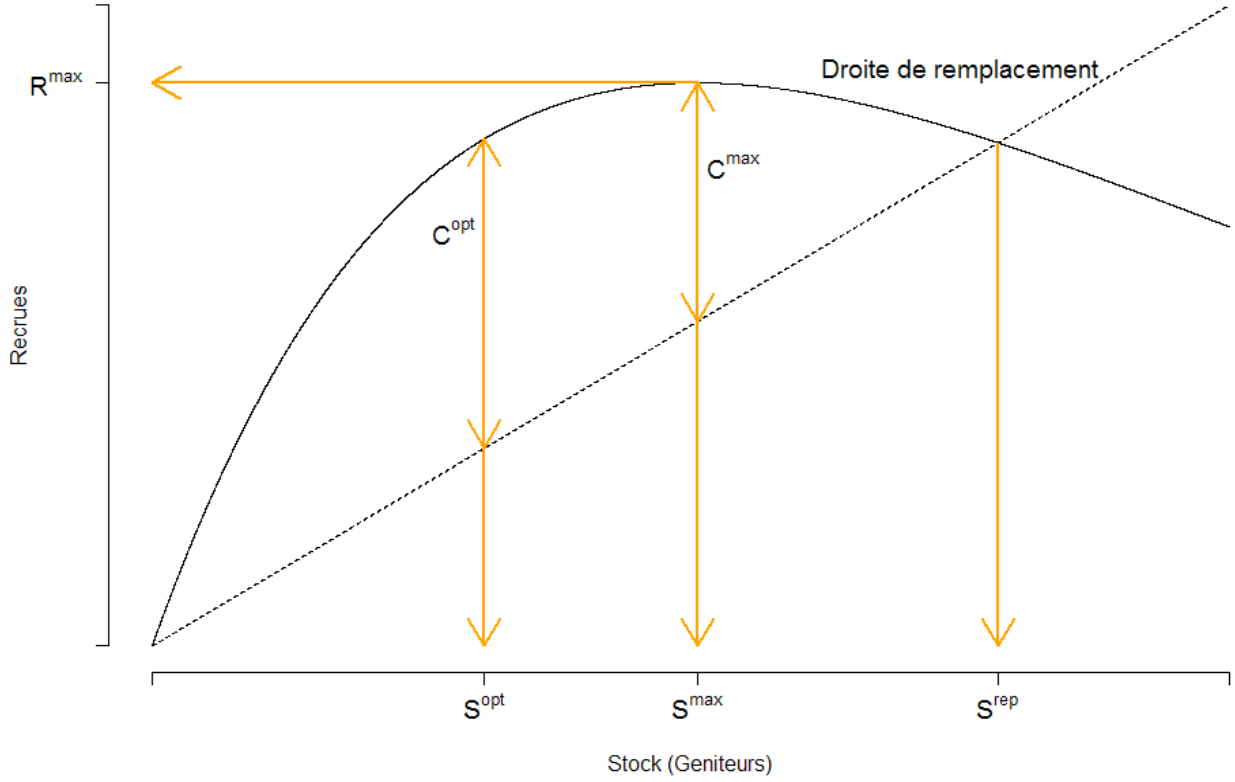


Figure 1. Courbe de stock-recrutement médiane de type Ricker (ligne pleine) et sa droite de remplacement (ligne pointillée), avec points de référence associés. S^{opt} : stock optimal, S^{max} : stock maximal, S^{rep} : stock de remplacement, C^{opt} : captures optimales, C^{max} : captures maximales, R^{max} : recrutement maximal (tiré de Caron et coll., 1999).

Description du modèle non hiérarchique

En premier lieu, afin de bien cerner la dynamique individuelle de chaque rivière témoin, une relation stock-recrutement a été ajustée pour chaque rivière de façon indépendante (non hiérarchique). Cela signifie que les différents paramètres du modèle sont estimés pour chaque rivière sans que les données des autres rivières témoins affectent ces estimations. On présume que le recrutement $R_{t,i}$ d'une année t pour une rivière i est issu d'une distribution Log-Normale :

(Équation 5) $$R_{t,i} | \mu_{t,i}, \tau_i \sim LogNormal(Log(\mu_{t,i}), \tau_i)$$

Où $\mu_{t,i}$ est la relation de Ricker moyenne entre le recrutement $R_{t,i}$ et le stock $S_{t,i}$ en fonction des points de référence h_i^{opt} et S_i^{opt} pour une rivière i donnée et τ_i est la précision (1 / variance) associée à la distribution Log-Normale pour cette même rivière.

La reformulation des paramètres α et β en S_i^{opt} et h_i^{opt} selon Schnute et Kronlund (1996) mène ainsi à l'équation suivante en échelle logarithmique :

(Équation 6)
$$Log(\mu_{t,i}) = Log(S_{t,i}) + h_i^{opt} - Log(1 - h_i^{opt}) - \frac{h_i^{opt} \cdot S_{t,i}}{S_i^{opt}}$$

Les résidus, représentant l'écart du modèle par rapport aux données SR, sont calculés pour chacune des rivières selon l'équation suivante :

(Équation 7)
$$res_{t,i}^{R} = Log(R_{t,i}) - Log(\mu_{t,i})$$

La modélisation bayésienne requiert d'attribuer des distributions de probabilité *a priori* (*priors*) pour les variables que l'on cherche à estimer. Pour laisser les données « s'exprimer » il a été décidé d'attribuer des *priors* faiblement informatifs aux différentes variables du modèle que l'on cherche à estimer (tableau IV).

Tableau IV. Récapitulatif des distributions a priori pour les variables estimées dans le modèle de stock-recrutement bayésien non hiérarchique. Les distributions sont paramétrées comme suit : Gamma (forme, échelle inverse); LogNormal (log (moyenne), précision).

Paramètres	Distributions
h_i^{opt}	$Beta(2,2)$
S_i^{opt}	$LogNormal(7, 10^{-5})$
τ_i	$Gamma(0.001,0.001)$

Les équations 5 et 6 du modèle non hiérarchique peuvent être représentées de façon plus graphique au travers d'un diagramme DAG (« Directed Acyclic Graph », figure 2)

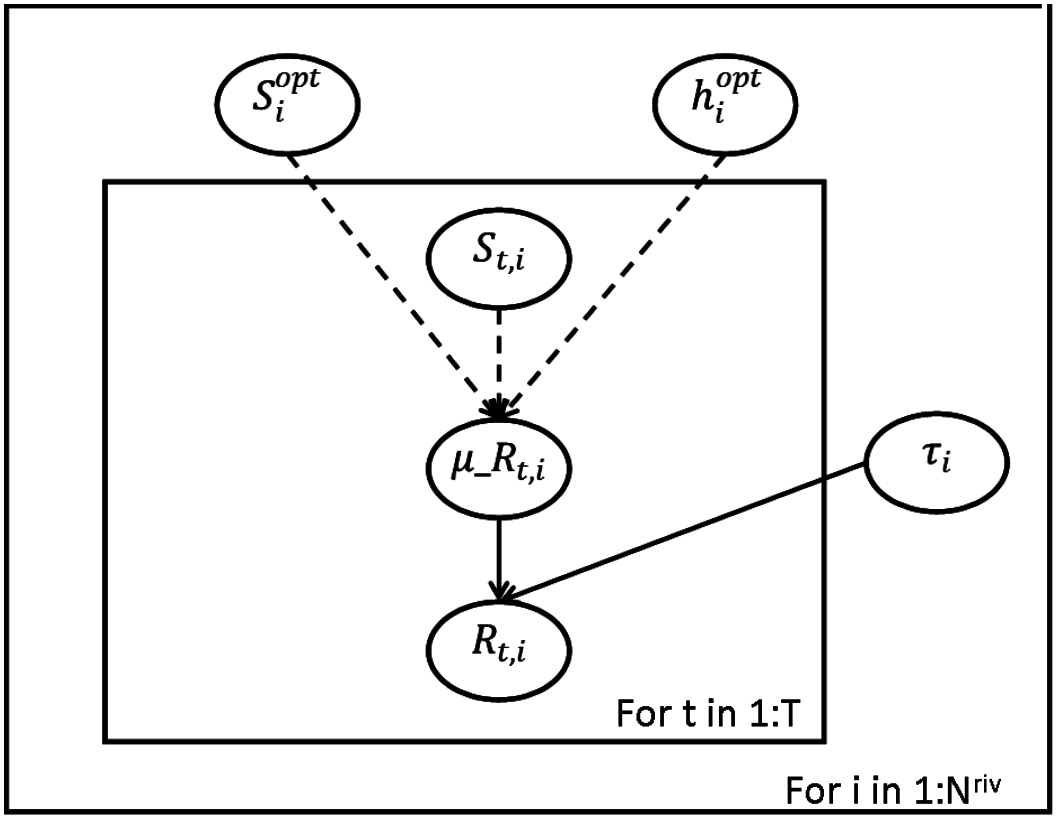


Figure 2. Diagramme représentant le modèle bayésien par rivière (non hiérarchique) utilisé pour représenter la dynamique des populations de chacune des 12 rivières témoins. Chaque cadre représente une répétition pour chacune des rivières i et chaque année t. Les flèches représentent les dépendances parent(s) - enfant entre chaque variable. Les flèches en trait plein indiquent des relations probabilistes entre les variables et les flèches pointillées des relations déterministes.

Afin de mesurer l'impact potentiel des ensemencements sur les données de stock et de recrutement et sur l'estimation des points de référence, deux scénarios ont été testés et comparés : 1) une analyse bayésienne avec le modèle de Ricker par rivière décrit plus haut et 2) la même analyse, mais sans considérer les ensemencements. Dans le premier scénario, il est assumé que les saumons ensemencés en tant que juvéniles reviennent à leur rivière natale selon un taux de survie normalisé (tableau III), alors que dans le second scénario, il est assumé que tous les saumons de retour à la rivière natale sont des saumons sauvages et qu'aucun saumon issu des ensemencements n'a pu survivre. La comparaison de ces deux scénarios permet d'évaluer l'impact potentiel des ensemencements sur la relation stock-recrutement et de mesurer l'ampleur des variations des points de référence associés.

Description du modèle hiérarchique

Le modèle bayésien hiérarchique a été identifié comme une approche de choix pour la mise à jour du modèle stock-recrutement afin de tenir compte de la dynamique unique de chacune des rivières, tout en permettant un transfert d'information d'une rivière à l'autre, et afin de considérer avec rigueur l'incertitude reliée à la dynamique intrinsèque des populations (les détails de la modélisation sont présentés à l'annexe II).

L'analyse des résultats du modèle non hiérarchique a montré que la variance du recrutement ($^{1}/_{\tau_i}$) pouvait être très différente pour chaque rivière témoin. Ces différences suggèrent donc que l'utilisation d'une variance du recrutement commune pour toutes les rivières témoins dans le modèle hiérarchique serait inappropriée.

La hiérarchisation du modèle s'effectue sur les deux points de référence mais aussi sur la variance du recrutement. Les équations 5 à 7 sont conservées mais les S_i^{opt} sont désormais issus d'une distribution Log-Normale ayant pour moyenne μ_i^{Sopt} et pour précision τ^{Sopt}.

(Équation 8) $$S_i^{opt} \left| \mu_i^{Sopt}, \tau^{Sopt} \sim LogNormal\left(Log\left(\mu_i^{Sopt}\right), \tau^{Sopt}\right)\right.$$

L'hypothèse qu'une relation linéaire existe entre la moyenne μ_i^{Sopt} et les unités de production UP_i (échelle log) est émise°:

(Équation 9) $$Log\left(\mu_i^{Sopt}\right) = \alpha \cdot Log(UP_i) + \beta$$

Les h_i^{opt} sont issus d'une distribution *Normale* (échelle *Logit*) ayant pour moyenne μ^{hopt} et pour précision τ^{hopt}.

(Équation 10) $$Logit\left(h_i^{opt}\right) \left| \mu^{hopt}, \tau^{hopt} \sim Normal\left(Logit\left(\mu^{hopt}\right), \tau^{hopt}\right)\right.$$

De façon similaire, les variances du recrutement sont issues d'une distribution *Gamma* ayant pour moyenne μ^{τ} et pour échelle inverse β^{τ}.

(Équation 11) $$\tau_i \left| \mu^{\tau}, \beta^{\tau} \sim Gamma\left(\mu^{\tau}, \beta^{\tau}\right)\right.$$

De la même façon que pour le modèle non hiérarchique, des *priors* faiblement informatifs ont été retenus pour les différentes variables du modèle hiérarchique (tableau V). Les équations 5 à 11 du modèle hiérarchique peuvent être représentées de façon plus graphique à l'aide d'un diagramme DAG (figure 3).

Tableau V. Récapitulatif des distributions a priori pour les variables estimées dans le modèle de stock-recrutement bayésien hiérarchique. Les distributions sont paramétrées comme suit : Gamma (forme, échelle inverse); Normal (moyenne, précision).

Paramètres	Distributions
α	$Normal(0,0.01)$
β	$Normal(0,0.01)$
τ^{Sopt}	$Gamma(0.1,0.1)$
$Logit(\mu^{hopt})$	$Normal(0,0.01)$
τ^{hopt}	$Gamma(0.1,0.1)$
μ^{τ}	$Gamma(1,0.01)$
β^{τ}	$Gamma(0.01,0.01)$

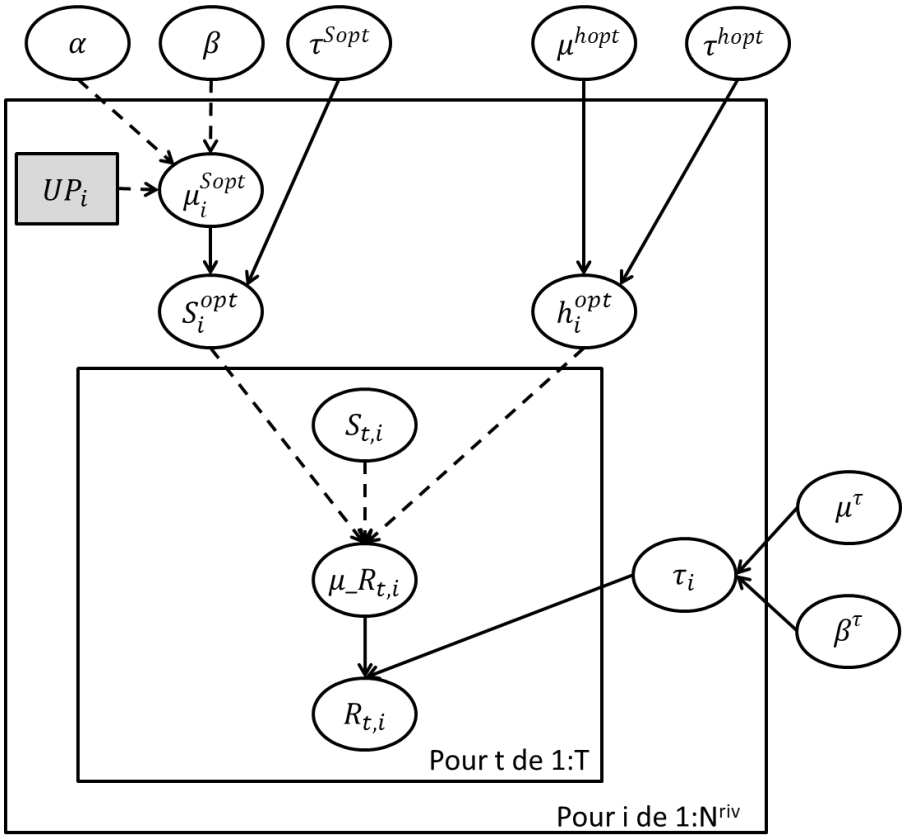


Figure 3. Diagramme DAG illustrant le modèle bayésien hiérarchique utilisé pour représenter la dynamique des populations de chacune des 12 rivières témoins. Chaque cadre représente une répétition pour chacune des rivières i et chaque année t. Les flèches indiquent les dépendances parent(s) - enfant entre chaque variable. Les flèches en trait plein indiquent des relations probabilistes entre les variables et les flèches pointillées des relations déterministes.

Estimation des points de référence pour les autres rivières du Québec

Au Québec, près d'une centaine de rivières ne possèdent pas de donnée SR détaillée, mais possèdent par contre des données de disponibilité et de qualité d'habitat pour le saumon atlantique exprimées en UP (Picard, 1998; annexe III).

Grâce à la relation mise en place entre les UP et S^{opt} pour les 12 rivières témoins dans le modèle hiérarchique et l'estimation des paramètres de cette relation, il est possible d'estimer les S^{opt} pour les rivières ne disposant que des données d'UP.

Résultats

Analyses stock-recrutement avec modèle bayésien par rivière

Les modèles bayésiens par rivière (non hiérarchiques) utilisant une relation de Ricker ou de Beverton-Holt, ainsi que les résidus associés aux modèles, sont présentés pour la rivière Saint-Jean, en Gaspésie, à titre d'illustration (figure 4). Les modèles stock-recrutement par rivière pour les autres populations sont présentés à l'annexe IV.

La comparaison des deux modèles pour la rivière Saint-Jean ainsi que celle pour les autres rivières témoins indique que la valeur médiane du S^{opt} pour le modèle Beverton-Holt est plus faible que la valeur médiane pour le modèle de Ricker. De plus l'incertitude associée au S^{opt} est beaucoup plus importante pour le modèle de Beverton-Holt (tableau VI). Les résidus sont répartis de façon équilibrée autour de 0.

Tableau VI. Valeurs estimées de S^{opt} par les modèles stock-recrutement bayésiens par rivière de Ricker et Beverton-Holt pour les 12 rivières témoins (non hiérarchiques), ainsi que l'écart type associé (σ^2, valeur médiane). Les captures à S^{opt} 25 %, le taux d'exploitation (h^{opt}) à S^{opt} 25 % et le S^{max} médian sont indiqués.

Rivière	Ricker					Beverton-Holt				
	S^{opt} 75 %	σ^2	C^{opt} 25%	h^{opt} 25%	S^{max}	S^{opt} 75 %	σ^2	C^{opt} 25%	h^{opt} 25%	
York	3 229 880	0,20	4 702 760	0,60	4 951 780	1 811 030	0,48	5 380 570	0,75	
Dartmouth	1 738 580	0,31	2 000 380	0,54	2 862 050	938 290	0,29	2 458 860	0,72	
Bonaventure	3 477 250	0,34	6 218 840	0,64	4 886 450	1 746 470	0,32	6 484 070	0,79	
Cascapédia	6 649 500	0,25	9 981 360	0,60	9 866 230	3 580 340	0,24	11 655 090	0,77	
Grande-Rivière	899 340	0,37	1 144 740	0,57	1 432 150	483 600	0,34	1 263 400	0,73	
Sainte-Anne	1 181 720	0,48	1 752 830	0,60	1 743 370	568 790	0,41	1 850 160	0,77	
Madeleine	1 995 330	0,34	1 607 060	0,45	3 834 360	1 192 360	0,31	2 040 100	0,63	
Matane	4 371 200	0,23	4 573 140	0,52	7 660 500	2 744 120	0,21	5 174 520	0,65	
Jupiter	1 240 530	0,35	486 290	0,29	3 446 330	778 680	0,31	796 250	0,51	
Chaloupe	585 850	0,90	120 350	0,22	1 713 820	285 720	0,85	229 090	0,45	
Saint-Jean	1 929 610	0,33	2 638 040	0,58	3 006 690	984 140	0,32	3 055 150	0,76	
Trinité	1 494 940	0,59	1 654 790	0,53	2 292 410	1 058 570	0,60	1 697 680	0,62	

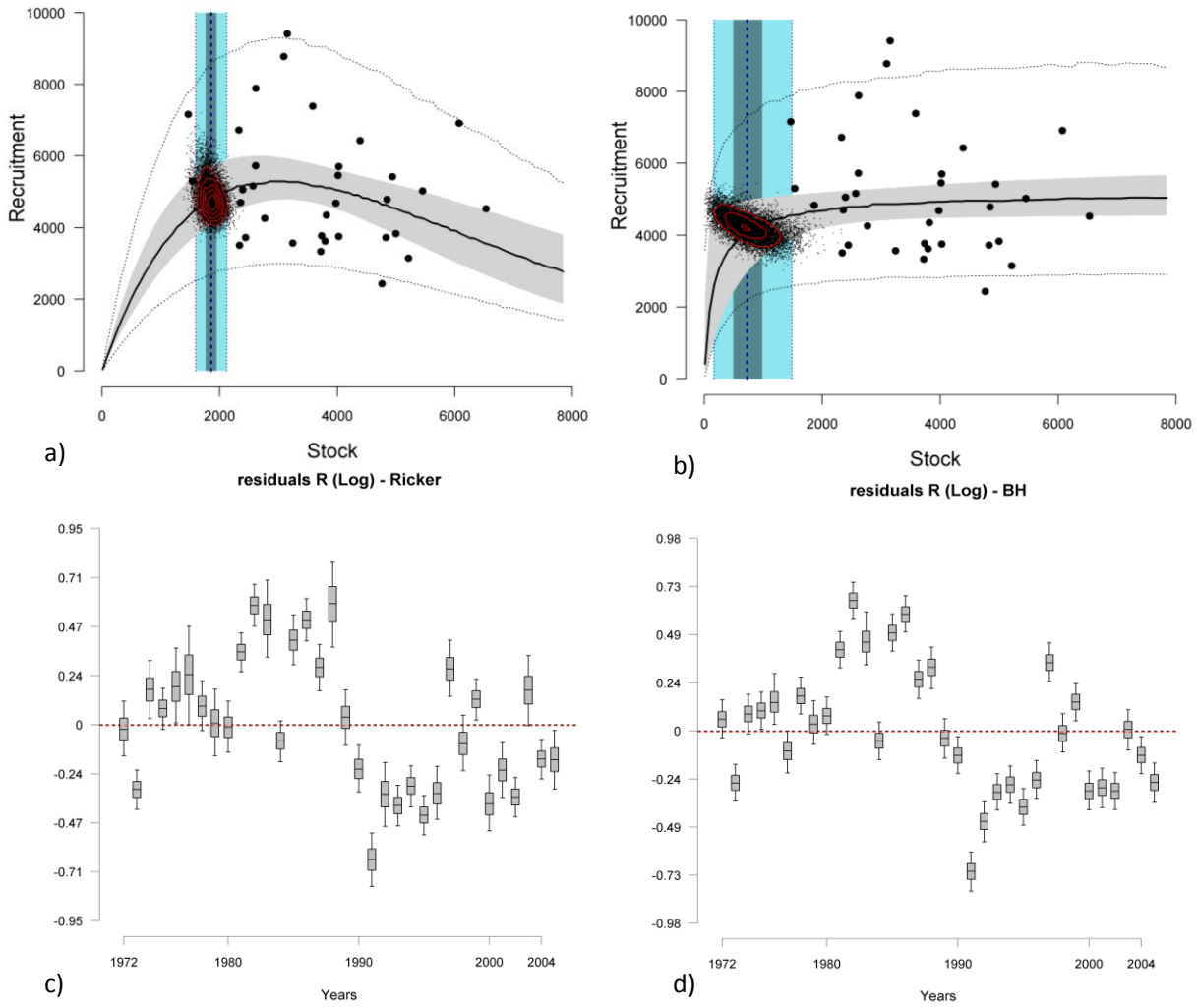


Figure 4. Relation stock-recrutement de a) Ricker et de b) Beverton-Holt (BH) avec approche bayésienne par rivière pour la rivière Saint-Jean, en Gaspésie. Les points noirs représentent les données de stock-recrutement disponibles pour la rivière Saint-Jean (1972-2005), la courbe en noir représente le modèle médian, la zone grisée représente l'intervalle de crédibilité à 25 – 75 % et la zone entre les lignes pointillées représente l'intervalle de crédibilité à 5 – 95 %. Le nuage de points noirs représente les distributions a posteriori du S^{opt} et du R^{opt}. Les intervalles en bleu foncé et bleu pâle représentent respectivement les intervalles de probabilité à 25 – 75 % et 5 – 95 % du S^{opt}. Les graphiques c et d représentent les résidus du modèle de Ricker et Beverton-Holt respectivement. Les diagrammes en boîtes grises indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %, la ligne séparant la boîte correspond à la médiane et la ligne pointillée rouge indique la médiane des résidus sur l'ensemble de la série temporelle.

La comparaison des modèles bayésiens par rivière (non hiérarchiques) utilisant les données avec ou sans correction pour les ensemencements est présentée au tableau VII. La comparaison du point de référence S^{opt} 75 % entre les deux modèles indique une différence

absolue allant de 0 à 57 420 œufs (moyenne = 12 500 œufs), ce qui correspond à une différence relative comprise entre 0 à 5,7 %. Pour ces rivières, l'indice d'intensité des ensemencements, en termes de proportion moyenne d'adultes potentiellement issus des ensemencements dans le recrutement durant la période d'analyse (selon un taux de survie normalisé), est entre 0 et 7 % de l'abondance totale des retours d'adultes par rivière. La différence maximale de S^{opt} 75 % entre les deux modèles se trouve chez la Grande-Rivière, où l'indice d'intensité des ensemencements est la plus élevée (7 %). Cette différence maximale de 57 420 œufs représente environ entre 6 et 14 adultes dans les retours (rédibermarins et madeleineaux respectivement, considérant : red. = 1745 œufs / kg x 5 kg et mad. = 2025 œufs / kg x 2 kg), alors que la différence moyenne de 12 500 œufs représente plutôt un écart dans les modèles d'environ 1 à 3 adultes dans les retours (rédibermarins et madeleineaux respectivement). En résumé, les différences dans les données prenant en compte ou pas les ensemencements sont relativement faibles et la comparaison des points de référence estimés en utilisant ces deux jeux de données n'a pas montré de différence significative due aux ensemencements. Ces résultats ne sont donc pas élaborés davantage dans ce document.

Afin de comparer la relation précédemment utilisée entre le point de référence S^{opt} 75 % et les covariables (Fontaine et Caron, 1999; Caron et coll., 1999) avec celles obtenues par le modèle bayésien par rivière actuel, la relation entre S^{opt} 75 % et les trois covariables suivantes a été calculé : UP, surface accessible (m^2) et IQH moyen pondéré pour la surface de chaque segment homogène (figure 5). La relation linéaire la plus forte se trouve entre le S^{opt} 75 % et les UP (r^2 = 0,91, p = $1.1 \cdot 10^{-6}$), avec une pente de 2,00 œufs/UP. Lorsque les UP sont divisées en composantes surface et IQH, les régressions linéaires suggèrent une corrélation importante et significative entre la surface accessible au saumon et les S^{opt} 75 % (m^2 : r^2 = 0,89, p = $4.3 \cdot 10^{-6}$). Une légère corrélation entre les IQH et les S^{opt} 75 % est observée (r^2 = 0,10) mais celle-ci n'est pas significative (p = 0,31).

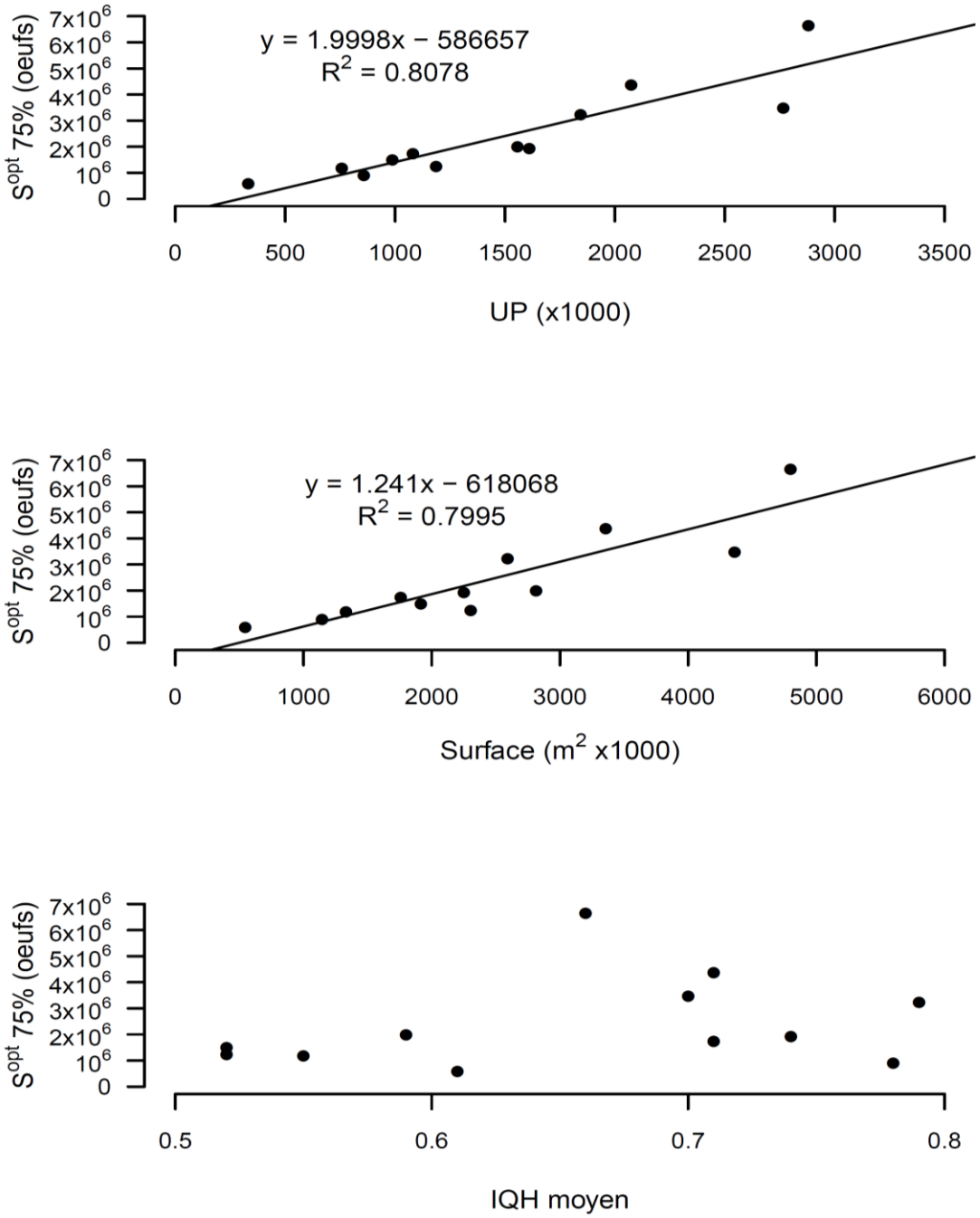


Figure 5. Régression linéaire entre les points de référence S^{opt} 75 % estimés à l'aide du modèle bayésien par rivière et les covariables unité de production (UP), surface accessible au saumon (m2) et indice de qualité d'habitat moyen pondéré pour la surface du segment (IQH moyen). L'équation de la régression linéaire et son coefficient de corrélation sont indiqués pour chaque régression statistiquement significative.

Tableau VII. Comparaison de deux modèles bayésiens par rivière : un premier assumant la présence dans le recrutement d'adultes issus des ensemencements selon un taux de survie normalisé (modèle de base avec ensemencement) et un deuxième modèle assumant aucune influence des ensemencements dans le recrutement pour chacune des rivières témoins. Les différences en terme de S^{opt} 75 % estimé en œufs et en proportion (%) sont indiquées (modèle sans ensemencement – modèle avec ensemencement). L'intensité indique la proportion moyenne d'adultes potentiellement issus des ensemencements dans le recrutement pendant la période d'analyse, en assumant un taux de survie normalisé.

Rivière	No	Intensité	Différence (œufs)	Différence (%)
York	1	0,010	-10 260	-0,004
Dartmouth	2	0,005	270	0,000
Bonaventure	3	0,010	6 870	0,002
Cascapédia	4	0,010	34 380	0,007
Grande-Rivière	5	0,070	57 420	0,057
Sainte-Anne	6	0,070	24 310	0,019
Madeleine	7	0,030	-16 320	-0,009
Matane	8	0,010	8 390	0,002
Jupiter	9	0,002	6 340	0,005
Chaloupe	10	0,000	0	0,000
Saint-Jean	11	0,010	14 930	0,008
Trinité	12	0,000	0	0,000

Analyses stock-recrutement avec modèle bayésien hiérarchique

Le modèle bayésien hiérarchique de Ricker traite l'ensemble des 12 rivières témoins dans un seul modèle global. Les paramètres de la relation stock-recrutement de chaque rivière sont considérés comme étant différents mais issus d'une même distribution de probabilité. L'incorporation de la covariable UP dans ce modèle permet d'estimer des points de référence pour les rivières du Québec sans donnée SR mais avec UP connues ainsi que leur incertitude associée.

La comparaison entre le modèle hiérarchique et les modèles par rivière non hiérarchique est illustrée à la figure 6. De façon générale, les deux modèles fournissent des résultats similaires en termes de points de référence. L'un des principaux apports de la hiérarchisation est la réduction de l'incertitude associée à certains paramètres pour certaines rivières (ex. S^{opt}; figures 6 et 7). Également, il faut signaler que les valeurs de S^{opt} 75 % du modèle hiérarchique sont dans l'ensemble cohérentes avec celles du modèle précédent (Fontaine et Caron, 1999), bien que l'on puisse trouver des différences importantes pour certaines rivières (ex. Grande-Rivière; figure 7, tableau VIII).

Plusieurs covariables (UP, surface et IQH) ont été mises en relation avec les deux points de référence d'intérêt (S^{opt} et $\boldsymbol{h}^{opt}$) afin d'évaluer laquelle ou lesquelles permettaient les meilleures prédictions pour des rivières ne possédant que de l'information relative à ces covariables. Aucun des modèles testés n'a émergé comme étant significativement meilleur qu'un autre (DIC variant de 6 624 à 6 627). Un modèle parcimonieux n'utilisant que la covariable UP associée au S^{opt} et aucune covariable associée au $\mathbf{h}^{\mathbf{opt}}$, avec certes une structure hiérarchique sur ce paramètre (cf. Équation 10), sera donc utilisé. Les UP représentent en effet la covariable la plus intégratrice et la mieux documentée pour plusieurs rivières de l'ensemble des régions du Québec (Picard, 1998).

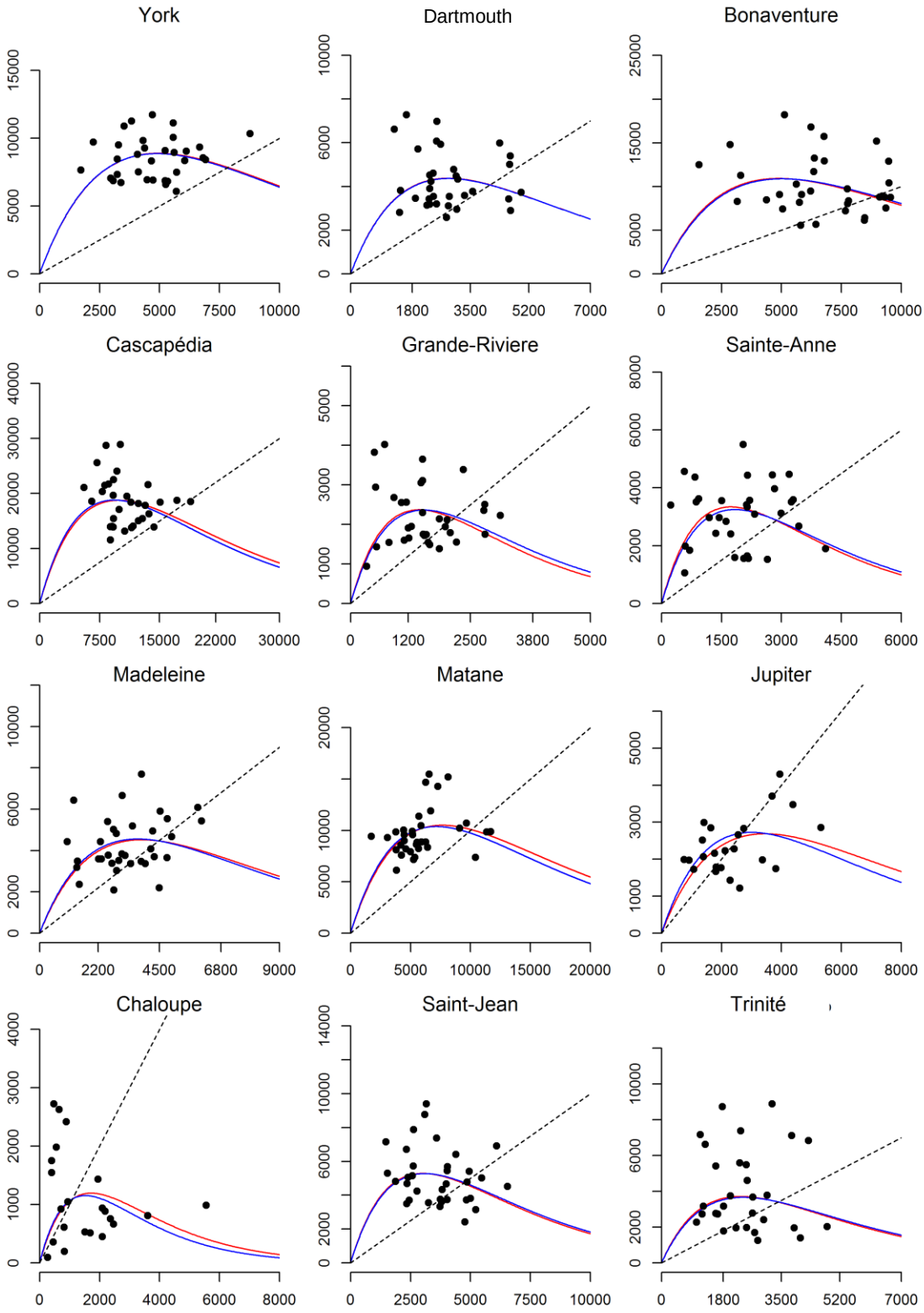


Figure 6. Comparaison du modèle bayésien hiérarchique (bleu) avec les modèles bayésiens par rivière (rouge) pour chacune des rivières témoins. La droite pointillée est la droite de remplacement.

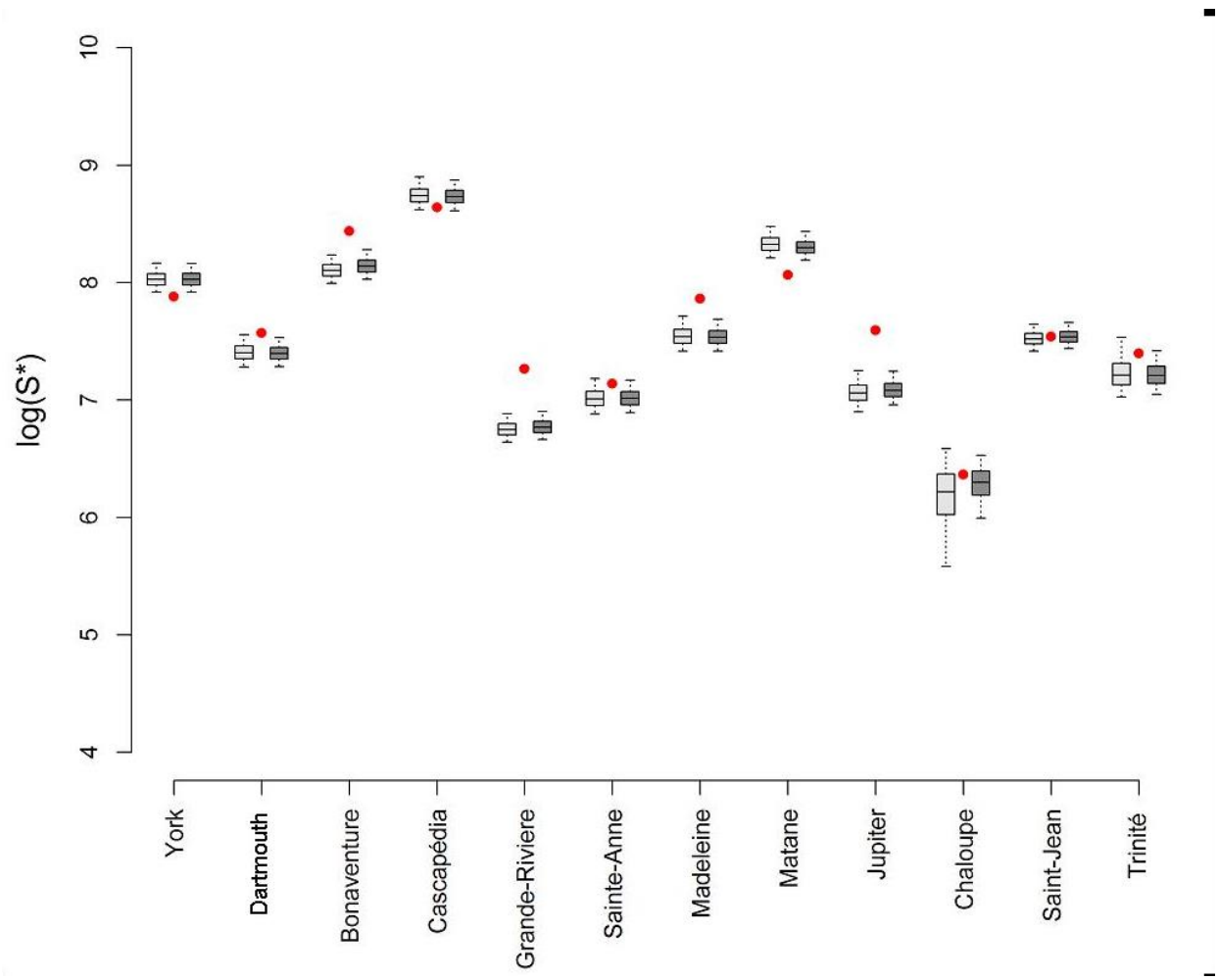


Figure 7. Comparaison des distributions a posteriori des S^{opt} (échelle log) pour les 12 rivières témoins (modèle non hiérarchique en gris clair et modèle hiérarchique en gris foncé) et valeurs de S^{opt} 75 % du modèle de Fontaine et Caron (1999; points rouges). Les diagrammes de boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la médiane.

Tableau VIII. Comparaison des valeurs de S^{opt} 75 % en nombre d'œufs pour le précédent modèle, pour les modèles bayésiens hiérarchiques et non hiérarchiques ainsi que la différence en pourcentage entre les modèles hiérarchiques – non hiérarchiques (Différence 1) et entre hiérarchiques – précédent (Différence 2).

Rivière	No.	Précédent	Non hiérarchique	Hiérarchique	Différence 1	Différence 2
York*	1	2 640 000	3 229 880	3 227 654	- 0,07%	18,21%
Dartmouth*	2	1 940 000	1 738 580	1 715 387	- 1,35%	-13,09%
Bonaventure	3	4 620 000	3 477 250	3 599 834	3,41%	-28,34%
Cascapédia*	4	5 650 000	6 649 500	6 550 136	- 1,52%	13,74%
Grande-Rivière	5	1 430 000	899 340	915 511	1,77%	-56,20%
Sainte-Anne	6	1 260 000	1 181 720	1 178 061	- 0,31%	- 6,96%
Madeleine	7	2 600 000	1 995 330	1 975 953	- 0,98%	-31,58%
Matane*	8	3 180 000	4 371 200	4 234 271	- 3,23%	24,90%
Jupiter	9	1 982 000	1 240 530	1 267 240	2,11%	-56,40%
Chaloupe	10	581 000	585 850	599 541	2,28%	3,09%
Saint-Jean*	11	1 880 000	1 929 610	1 963 416	1,72%	4,25%
Trinité*	12	1 630 000	1 494 940	1 452 356	- 2,93%	-12,23%

* Les rivières utilisées dans le modèle développé par Caron et coll. (1999).

Estimation des points de référence pour les rivières sans donnée biologique mais avec unités de production connues

L'utilisation de la covariable UP en relation avec le S^{opt} pour les 12 rivières témoins dans le modèle hiérarchique et l'estimation des paramètres associés à cette relation permet d'estimer les S^{opt} des rivières pour lesquelles la seule information disponible est la covariable UP (figure 8). Cette hiérarchisation permet également d'estimer un h^{opt} pour les rivières. À noter que puisqu'il n'y a pas de covariable utilisée pour ce point de référence, bien que chaque rivière témoin ait son propre h^{opt}, le h^{opt} prédit sera le même pour les rivières sans donnée biologique (figure 9).

Les valeurs des différents points de référence biologiques, incluant S^{opt} 75 %, estimés par le modèle bayésien hiérarchique avec covariable UP sont présentées aux tableaux IX pour les 12 rivières témoins. Les valeurs de S^{opt} pour les rivières du Québec sans donnée SR, mais avec UP connues, sont présentées au tableau X. Ces valeurs estimées de S^{opt} pour l'ensemble des rivières du Québec sont également présentées en comparaison avec les seuils de conservation, S^{opt} 75 %, issus du précédent modèle à la figure 10. La figure 11 montre la relation entre les nouvelles valeurs estimées de S^{opt} et les UP pour l'ensemble des rivières du Québec sans donnée SR mais avec UP connues. Trente-quatre des rivières estimées se situent dans la gamme d'UP des rivières témoins, 54 rivières possèdent moins d'UP, alors que 4 rivières possèdent plus d'UP que les rivières témoins du modèle.

À titre de comparaison, la différence moyenne entre le modèle précédent et le modèle bayésien hiérarchique est en moyenne de 2,48 % en moins pour S^{opt} 75 % et 6,46 % en plus pour S^{opt} 95 % pour les 12 rivières témoins. Si la relation entre S^{opt} et UP était réduite à une simple régression linéaire sans tenir compte de la distribution de probabilité autour des valeurs, les relations entre UP et les points de référence S^{opt} 75 % et S^{opt} 95 % se traduiraient en un seuil de 2,00 œufs/UP et de 2,23 œufs/UP respectivement (modèle précédent = 1,67 oeufs/UP).

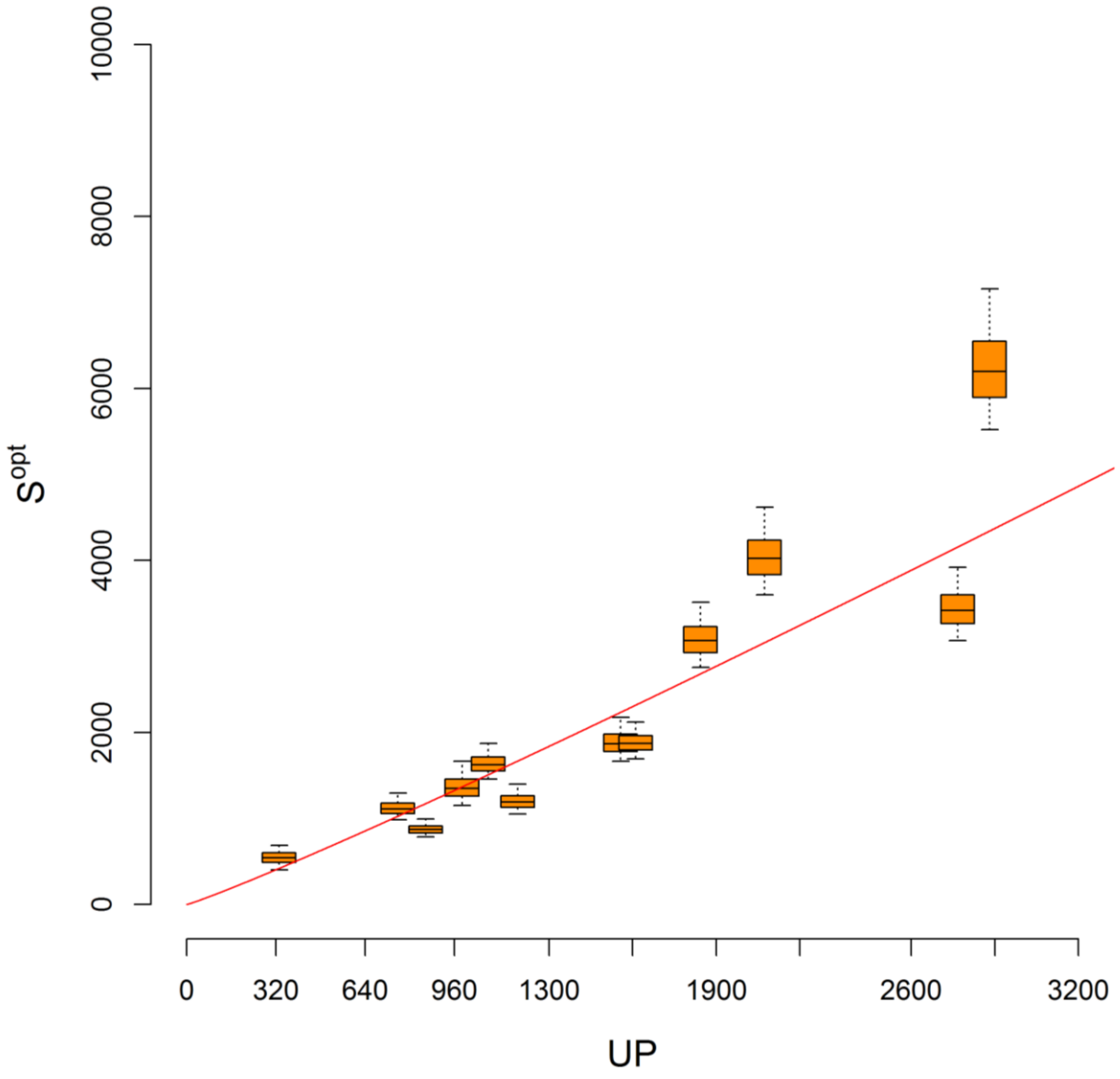


Figure 8. Relation entre les valeurs d'unité de production (UP) (x 1 000) et les distributions a posteriori des S^{opt} (x 1 000) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (orange). Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 % et les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %. La ligne séparant la boîte correspond à la relation médiane.

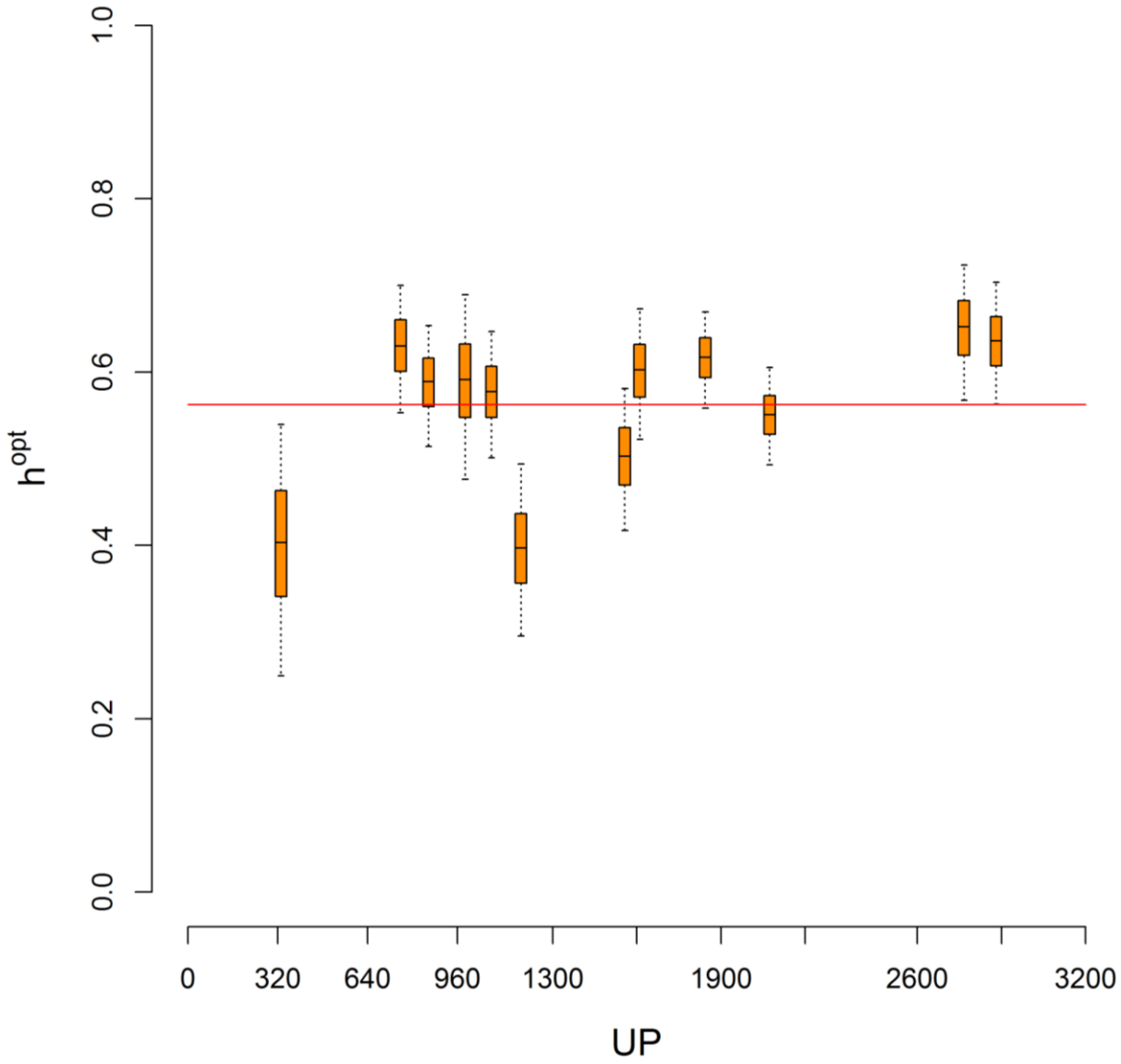


Figure 9. Relation entre les valeurs estimées de h^{opt} par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (orange) et leurs unités de production (UP) respectives (x 1 000). Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la relation médiane.

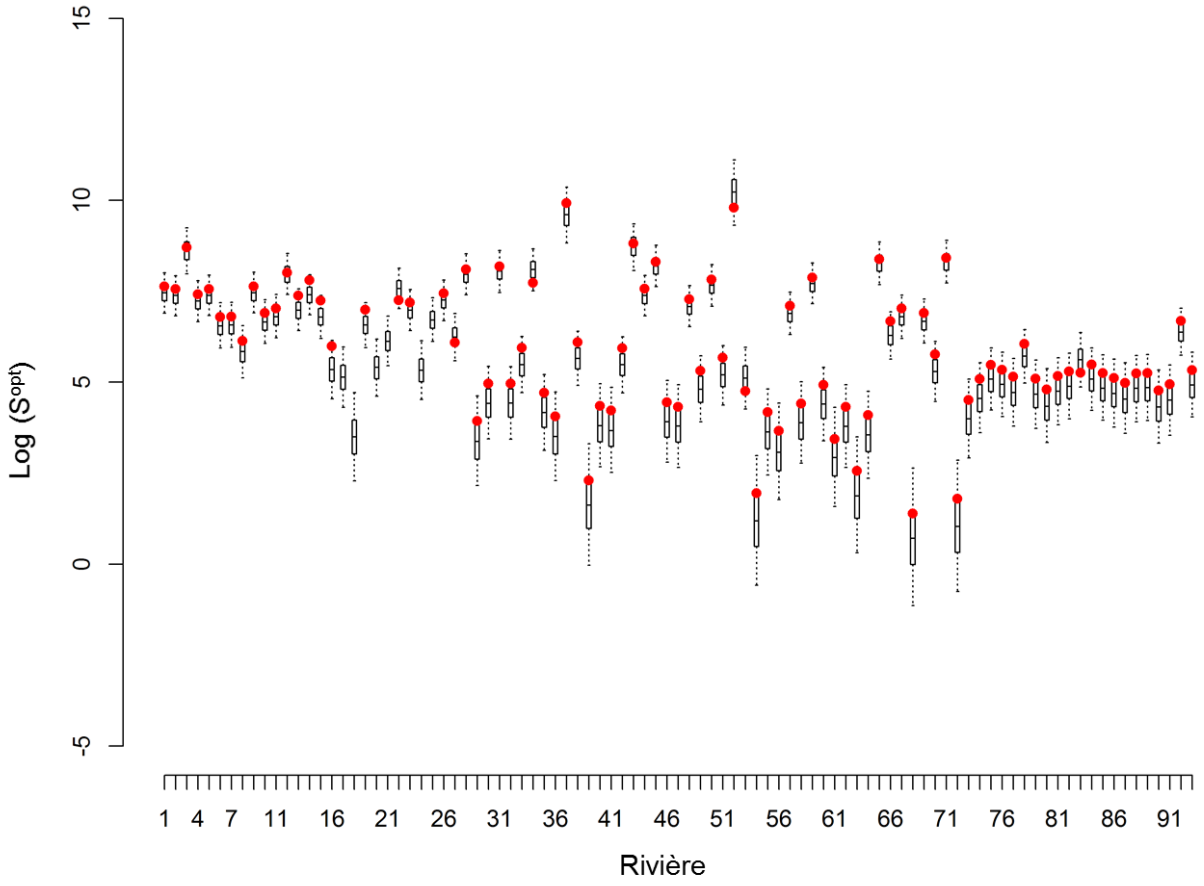


Figure 10. Distribution a posteriori des S^{opt} (échelle log) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour l'ensemble des rivières du Québec sans donnée stock-recrutement mais avec les unités de production (UP) connues. Les points rouges représentent les seuils de conservation, S^{opt} 75 %, issus du précédent modèle. Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 % et la ligne séparant la boîte correspond à la médiane.

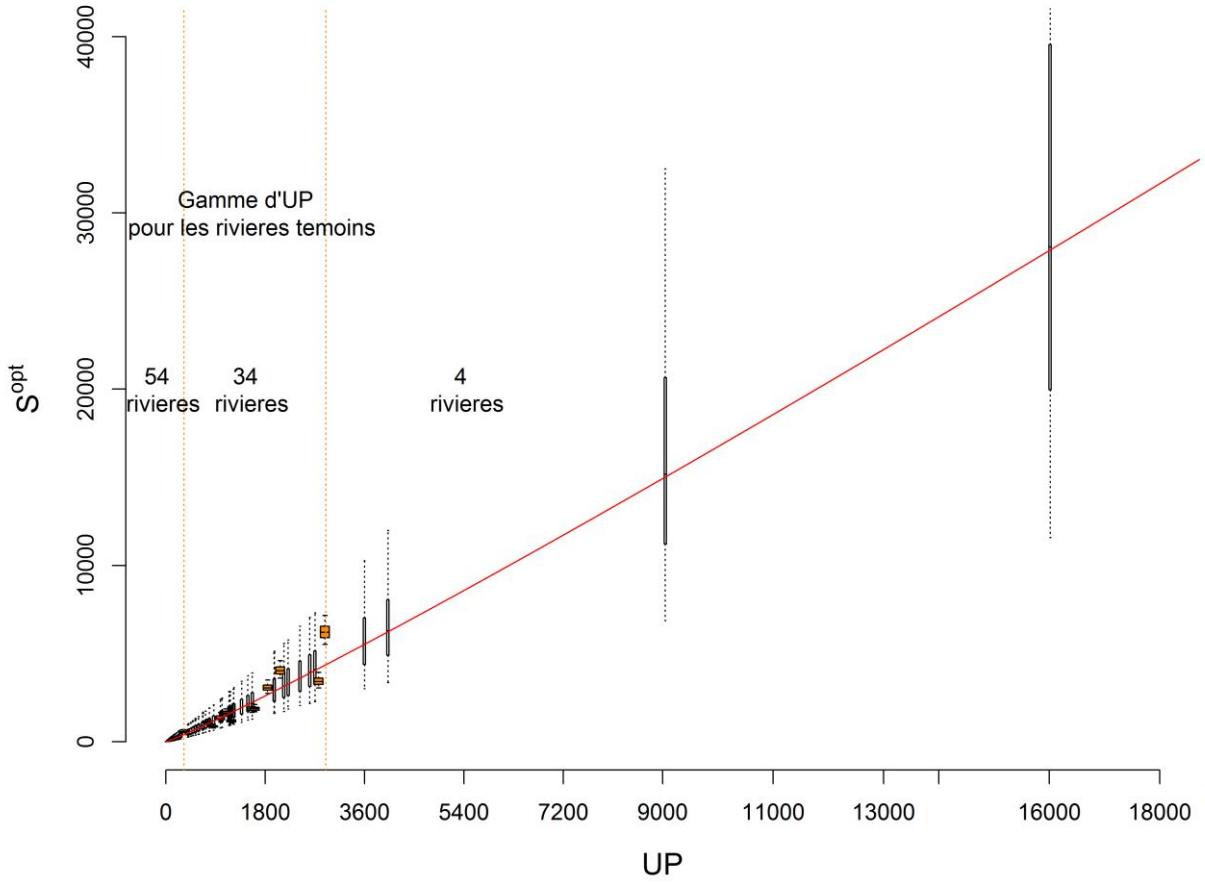


Figure 11. Relation entre les valeurs d'unités de production (UP) (x 1 000) et les distributions a posteriori des S^{opt} (x 1 000) fournies par le modèle bayésien hiérarchique pour les 12 rivières témoins (en orange) ainsi que pour les 92 rivières du Québec pour lesquelles la seule information disponible est la covariable UP (gris clair). Trente-quatre de ces rivières sont dans l'intervalle d'UP couvert par les rivières témoins alors que 54 rivières possèdent des UP plus faibles et 4 possèdent des UP plus élevés que les rivières témoins. Les diagrammes en boîtes indiquent la distribution à 25 – 75 %, les segments en dehors des boîtes indiquent la distribution à 5 – 95 %. La ligne séparant la boîte correspond à la médiane.

Tableau IX. Points de référence biologiques estimés par le modèle bayésien hiérarchique avec covariable unité de production (UP) pour S^{opt} et aucune pour h^{opt}, pour les 12 rivières témoins.

Rivière	No.	Précédent	S 50% R^{max}	S^{opt} 75%	S^{opt} 95%	S^{max}	R^{max}	S^{rep}	h^{opt} 25%	σ
York*	1	2 640 000	1 155 919	3 227 654	3 513 543	4 983 249	8 917 534	7 848 709	0,59	0,22
Dartmouth*	2	1 940 000	655 044	1 715 387	1 872 198	2 823 942	4 422 172	4 063 888	0,55	0,31
Bonaventure	3	4 620 000	1 222 270	3 599 834	3 934 847	5 269 293	10 746 209	8 978 414	0,62	0,34
Cascapédia*	4	5 650 000	2 261 798	6 550 136	7 164 417	9 750 771	18 809 937	16 063 908	0,61	0,26
Grande-Rivière	5	1 430 000	343 029	915 511	996 519	1 478 821	2 404 638	2 186 327	0,56	0,37
Sainte-Anne	6	1 260 000	410 555	1 178 061	1 294 229	1 769 932	3 341 264	2 876 627	0,6	0,46
Madeleine	7	2 600 000	863 481	1 975 953	2 179 543	3 722 526	4 603 366	4 471 905	0,47	0,34
Matane*	8	3 180 000	1 697 599	4 234 271	4 594 372	7 318 469	10 432 087	9 871 947	0,53	0,24
Jupiter	9	1 982 000	700 537	1 267 240	1 398 978	3 020 063	2 767 958	2 721 220	0,36	0,35
Chaloupe	10	581 000	315 290	599 541	693 087	1 359 237	1 276 664	1 249 721	0,34	0,84
Saint-Jean*	11	1 880 000	722 214	1 963 416	2 121 400	3 113 517	5 312 552	4 751 493	0,57	0,33
Trinité*	12	1 630 000	530 767	1 452 356	1 657 261	2 288 173	3 793 351	3 399 209	0,55	0,56

* Les rivières utilisées pour le modèle précédent

Tableau X. Valeurs de S^{opt} selon différentes probabilités estimées par le modèle bayésien hiérarchique avec la covariable unité de production (UP) pour l'ensemble des rivières du Québec sans donnée stock-recrutement mais avec UP connues. Le seuil de conservation S^{opt} 75 % du modèle précédent est indiqué (Précédent). Le numéro de la rivière est indiqué par son numéro de rivière prédite, ainsi que son numéro d'identité (No. Rivière).

No.	No. Rivière	Région	Rivière	UP	Précédent	2.50%	25%	50%	75%	85%	95%	97.50%
1	1090000	Q01	Petite rivière Cascapédia	1 224 913	2 050 000	868 941	1 397 992	1 731 350	2 136 945	2 419 863	3 039 569	3 436 963
2	1120000	Q01	Nouvelle	1 145 008	1 910 000	809 378	1 296 380	1 600 148	1 993 168	2 253 791	2 806 702	3 163 300
3	1150000	Q01	Matapédia	3 597 843	5 990 000	2 593 726	4 336 506	5 550 493	7 005 616	8 027 225	10 233 419	11 700 165
4	1151000	Q01	Causapscal	990 434	1 650 000	694 089	1 106 569	1 376 715	1 706 585	1 921 036	2 397 654	2 713 050
5	1163000	Q01	Patapédia	1 153 622	1 920 000	801 991	1 303 954	1 615 812	2 006 812	2 251 557	2 873 059	3 280 536
6	1020000	Q02	Du Petit Pabos	532 724	890 000	335 916	553 318	703 308	893 324	1 025 191	1 294 362	1 497 843
7	1030000	Q02	Du Grand Pabos	539 126	900 000	339 910	562 303	709 926	902 792	1 033 570	1 321 756	1 532 478
8	1040000	Q02	Du Grand Pabos Ouest	275 648	460 000	147 328	262 619	342 959	451 558	528 601	713 949	835 729
9	2150000	Q03	Cap-Chat	490 942	820 000	301 539	507 966	644 073	820 937	946 302	1 210 046	1 406 594
10	2190000	Q03	Mitis	1 233 206	2 050 000	886 489	1 411 515	1 749 127	2 142 368	2 410 664	3 010 425	3 429 027
11	2200000	Q03	Rimouski	592 415	990 000	379 999	626 809	786 280	994 231	1 125 139	1 426 792	1 641 528
12	2270000	Q03	Ouelle	673 476	1 120 000	449 147	722 284	905 151	1 130 813	1 291 279	1 632 836	1 895 953
13	5080000	Q05	Jacques-Cartier	1 962 947	3 000 000	1 425 973	2 318 299	2 861 199	3 553 301	4 010 018	5 067 434	5 739 078
14	5130000	Q05	Du Gouffre	787 890	1 600 000	537 389	863 884	1 068 857	1 332 827	1 511 036	1 892 910	2 144 765
15	5150000	Q05	Malbaie (Charlevoix)	1 168 606	2 450 000	837 495	1 329 209	1 644 552	2 031 140	2 286 019	2 854 173	3 266 974
16	6010000	Q06	Petit Saguenay	668 200	1 400 000	433 627	712 877	895 673	1 133 144	1 295 223	1 630 464	1 851 682
17	6020000	Q06	Saint-Jean	174 554	400 000	80 448	154 986	210 916	286 579	341 235	471 891	562 938
18	6070000	Q06	À Mars	541 453	1 080 000	341 253	569 830	716 120	906 754	1 043 688	1 318 869	1 512 813
19	6280000	Q06	Sainte-Marguerite	1 373 593	1 410 000	982 184	1 577 798	1 941 174	2 413 655	2 747 807	3 466 005	3 954 134
20	6281000	Q06	Ste-Marguerite N-E	790 281	1 320 000	522 263	857 460	1 072 129	1 339 210	1 519 698	1 916 293	2 181 866
21	7020000	Q07	Des Escoumins	1 017 899	1 700 000	716 666	1 144 684	1 417 857	1 757 045	1 964 946	2 497 733	2 827 420
22	7060000	Q07	Laval	398 463	441 000	231 546	398 300	509 203	653 314	749 504	977 386	1 124 233
23	7070000	Q07	Betsiamites	1 967 504	3 286 000	1 469 640	2 323 161	2 874 957	3 571 338	4 044 507	5 079 067	5 756 850
24	7120000	Q07	Aux Anglais	27 693	51 000	6 608	17 934	28 745	46 707	61 224	100 505	128 241
25	7130000	Q07	Franquelin	73 789	142 000	25 077	56 515	82 882	121 547	150 751	223 922	285 144
26	7140000	Q07	Godbout	2 139 454	3 573 000	1 546 997	2 538 999	3 165 802	3 926 914	4 450 083	5 515 156	6 242 782
27	7160000	Q07	Petite rivière de la Trinité	74 110	142 000	25 109	57 331	83 982	123 970	154 691	227 948	290 902
28	7170000	Q07	Pentecôte	197 736	380 000	94 608	179 802	239 722	327 912	388 142	511 335	608 324
29	7190000	Q07	Aux Rochers	2 217 024	2 276 000	1 607 921	2 613 639	3 268 727	4 079 467	4 623 011	5 842 976	6 590 231
30	7840000	Q07	Mistassini	57 994	111 000	17 839	42 979	63 992	96 552	121 249	185 055	236 093
31	7900000	Q07	Du Calumet	31 393	58 000	7 858	20 991	32 928	53 042	68 525	109 155	144 445

No.	No. Rivière	Région	Rivière	UP	Précédent	2.50%	25%	50%	75%	85%	95%	97.50%
32	7230000	Q08	Moisie	9 044 427	20 391 000	5 755 185	10 948 500	14 886 034	20 131 618	23 808 963	32 178 167	38 244 081
33	7250000	Q08	Matamec	231 728	445 000	117 630	215 962	286 802	383 886	452 149	597 954	712 042
34	7270000	Q08	Pigou	5 551	10 000	676	2 751	5 123	9 703	13 954	26 601	37 514
35	7280000	Q08	Au Bouleau	41 726	77 000	11 084	29 419	45 452	69 966	90 877	139 014	175 838
36	7320000	Q08	Sheldrake	37 110	68 000	9 976	25 419	39 755	62 099	80 434	125 866	163 505
37	7340000	Q08	Jupitagon	196 088	377 000	93 844	176 091	238 644	324 984	388 514	523 004	632 011
38	7360000	Q08	Saint-Jean (Moyenne Côte)	4 024 277	6 721 000	2 778 685	4 885 117	6 270 732	7 962 187	9 137 638	11 755 726	13 573 318
39	7370000	Q08	Mingan	1 154 116	1 927 000	829 956	1 312 316	1 621 096	2 018 210	2 278 162	2 856 616	3 284 498
40	7380000	Q08	Romaine	2 429 661	4 058 000	1 778 431	2 886 696	3 597 386	4 483 660	5 094 858	6 369 807	7 238 282
41	7400000	Q08	De la Corneille	46 193	85 000	13 122	33 175	50 216	76 976	98 702	155 186	206 676
42	7410000	Q08	Piashti	40 864	75 000	11 408	28 349	43 940	68 107	86 813	136 753	175 058
43	7430000	Q08	Watshishou	866 984	1 448 000	583 872	946 086	1 171 414	1 464 437	1 668 075	2 077 647	2 371 823
44	7440000	Q08	Petite rivière Watshishou	105 245	202 000	40 636	85 440	121 455	171 855	209 937	304 579	375 505
45	7460000	Q08	Nabisipi	1 487 005	2 483 000	1 066 656	1 721 597	2 128 618	2 640 072	2 975 555	3 718 687	4 207 144
46	7470000	Q08	Aguanish	151 381	291 000	65 794	132 113	181 261	249 388	297 376	413 675	504 328
47	7490000	Q08	Natashquan	16 017 361	17 864 000	9 083 415	19 503 210	27 510 871	39 188 355	47 288 672	66 261 688	80 997 564
48	7500000	Q09	Kégaska	139 841	116 000	60 153	119 373	166 066	230 882	277 745	385 628	478 552
49	7510000	Q09	Musquaro	3 636	7 000	394	1 651	3 193	6 458	9 432	19 216	28 338
50	7520000	Q09	Musquanousse	35 338	65 000	9 096	24 048	37 465	59 048	75 866	121 829	158 067
51	7530000	Q09	Washicoutai	21 240	39 000	4 609	13 138	21 750	36 006	47 422	81 098	108 474
52	7540000	Q09	Olomane	721 318	1 205 000	472 637	772 665	967 734	1 214 911	1 382 320	1 724 959	1 977 119
53	7550000	Q09	Coacoachou	44 652	82 000	12 728	31 876	49 007	74 624	96 986	147 169	191 397
54	7560000	Q09	Étamamiou	1 565 697	2 615 000	1 136 371	1 809 735	2 252 801	2 795 601	3 161 809	3 951 475	4 509 583
55	7570000	Q09	Du Petit Mécatina	71 468	137 000	23 875	55 226	80 871	117 385	145 754	218 870	275 681
56	7571000	Q09	Nétagamiou	18 533	31 000	3 685	11 128	18 649	31 474	41 910	71 595	96 200
57	7580000	Q09	Du Gros Mécatina	41 086	75 000	11 191	28 866	44 268	68 436	87 875	141 353	178 615
58	7590000	Q09	Véco	7 004	13 000	961	3 565	6 555	12 382	17 229	32 452	45 060
59	7600000	Q09	Kécarpoui	32 732	60 000	8 210	22 008	34 877	54 575	70 358	113 310	146 837
60	7610000	Q09	Saint-Augustin	2 608 259	4 356 000	1 861 911	3 119 651	3 925 367	4 910 281	5 549 272	6 980 969	8 039 291
61	7611000	Q09	Saint-Augustin Nord-Ouest	413 203	794 000	249 774	415 215	532 068	681 545	790 974	1 029 289	1 194 045
62	7620000	Q09	Coxipi	670 493	1 120 000	438 448	716 312	899 600	1 133 570	1 282 913	1 637 887	1 888 799
63	7630000	Q09	Chécatica	2 379	4 000	205	991	2 014	4 264	6 302	13 142	20 476
64	7640000	Q09	Napetipi	594 661	993 000	388 298	628 844	789 513	999 883	1 142 287	1 446 216	1 648 104
65	7650000	Q09	Du Vieux Fort	165 527	318 000	74 926	146 394	199 436	270 395	325 828	446 861	531 395
66	7660000	Q09	Saint-Paul	2 703 128	4 514 000	1 969 327	3 234 747	4 036 262	5 086 133	5 757 804	7 312 107	8 479 796
67	7670000	Q09	Ruisseau des Belles Amours	3 174	6 000	322	1 395	2 813	5 639	8 344	16 828	26 254

No.	No. Rivière	Région	Rivière	UP	Précédent	2.50%	25%	50%	75%	85%	95%	97.50%
68	7680000	Q09	Brador Est	49 312	91 000	14 812	35 615	53 536	81 827	103 537	161 513	208 595
69	7631000	Q09	Ruisseau au Saumon	84 301	162 000	29 405	66 892	95 771	138 178	169 458	251 451	305 709
70	13060000	Q10	Petite rivière de la Loutre	135 871	238 000	58 610	116 293	161 139	223 711	269 569	379 580	463 308
71	13100000	Q10	Bell	119 414	209 000	47 912	98 721	138 979	195 605	238 526	338 590	405 275
72	13120000	Q10	Ruisseau Box	97 817	172 000	36 231	79 260	112 617	160 272	197 017	284 348	351 427
73	13130000	Q10	Dauphiné	242 728	426 000	120 832	225 291	298 358	397 035	463 896	625 622	747 552
74	13180000	Q10	Ferrée	92 933	163 000	34 771	75 000	106 532	153 597	189 118	272 965	344 673
75	13210000	Q10	Du Pavillon	68 722	121 000	23 106	52 193	76 609	113 395	141 503	213 956	261 470
76	13230000	Q10	Aux Plats	99 591	175 000	37 863	80 071	114 369	164 643	200 627	292 441	358 694
77	13240000	Q10	Chicotte	113 614	199 000	45 766	93 921	132 109	185 211	225 702	325 034	398 645
78	13260000	Q10	Galiote	222 687	192 000	110 161	204 753	276 480	369 177	435 146	583 018	696 923
79	13320000	Q10	À la Loutre	137 147	240 000	59 180	117 744	162 726	225 683	272 819	378 676	457 104
80	13340000	Q10	Aux Cailloux	108 829	191 000	43 368	90 317	126 782	180 763	219 988	311 649	385 340
81	13350000	Q10	Sainte-Marie	94 790	166 000	34 859	76 080	109 654	157 459	194 310	280 101	350 299
82	13370000	Q10	Bec-Scie	82 495	145 000	29 764	64 387	93 965	137 325	169 871	250 668	303 225
83	13520000	Q10	À l'Huile	107 262	188 000	42 923	88 006	125 400	177 891	215 325	310 921	384 423
84	13580000	Q10	McDonald	108 849	191 000	41 501	89 476	125 951	178 587	218 685	309 467	379 924
85	13610000	Q10	À la Patate	67 124	118 000	22 216	50 574	75 033	110 920	139 446	212 426	263 637
86	13650000	Q10	Vauréal	79 669	140 000	27 775	62 155	90 332	131 359	164 382	243 242	302 041
87	13730000	Q10	Aux Saumons	453 875	796 000	269 223	461 601	589 374	753 538	865 214	1 115 638	1 270 567
88	13800000	Q10	Du Renard	117 570	206 000	48 103	97 996	136 793	192 468	234 226	335 940	400 552

Discussion

Le travail effectué au cours de cette étude a permis de mettre à jour les relations stock-recrutement chez le saumon atlantique au Québec. Ce modèle représente la base pour la gestion des populations au Québec et permet la détermination des seuils de conservation rivière par rivière. L'élaboration du nouveau modèle a d'abord permis l'ajout de nouvelles données, tant au niveau temporel que spatial. En effet, une quinzaine de cohortes supplémentaires ont pu être intégrées pour les rivières témoins « historiques » et six nouvelles rivières témoins ont été ajoutées au modèle pour mieux représenter la variabilité de la dynamique des populations, observée au Québec. Également, un changement du cadre de modélisation a permis l'élaboration d'un modèle statistique intégrant les derniers développements dans le domaine. L'utilisation des statistiques bayésiennes a permis d'avoir accès aux distributions de probabilité de toutes les variables d'intérêt, permettant ainsi de tenir compte de façon rigoureuse des différentes formes d'incertitude associées à tout système biologique. L'utilisation d'une structure hiérarchique a également permis d'effectuer un partage de l'information entre les rivières tout en considérant la dynamique unique de chaque population. Par ailleurs, cette étude a permis d'explorer les relations potentielles entre certaines covariables d'habitat et les points de référence du nouveau modèle stock-recrutement. Au final, le modèle retenu incorpore une relation entre les unités de production et le stock optimal (S^{opt}). L'ajout de cette covariable ainsi que d'une structure hiérarchique sur le taux d'exploitation h^{opt} permet de réaliser des prédictions de points de référence pour d'autres rivières du Québec sans donnée biologique où seules les données sur l'habitat sont disponibles.

Validation et choix du modèle

Au Québec, près de la moitié des 114 rivières à saumon sont suivies pour un décompte annuel des géniteurs en rivière. Il est également obligatoire de déclarer les captures par pêche sportive. Ainsi, le décompte des adultes et le suivi des captures s'effectuent de façon rigoureuse depuis les dernières décennies par le travail conjoint du Ministère, des gestionnaires de rivières à saumon, des partenaires et la collaboration des pêcheurs (Cauchon, 2015). Ces données ont permis d'obtenir des estimés de retours de saumon chaque année avec un bon niveau de confiance sur plusieurs rivières. Les données supplémentaires disponibles sur les caractéristiques de certaines populations (âge, poids, % de femelles, etc.) ont ainsi permis de mettre au point un modèle stock-recrutement robuste incluant 12 rivières témoins. Les pêches commerciales, arrêtées au Canada depuis l'an 2000, sont également répertoriées et ont pu être considérées dans ce modèle, bien qu'absentes ou résiduelles pour la plupart des rivières témoins. La population de la rivière de la Trinité a pu être influencée davantage par les pêches commerciales entre 1976 et 1992, et un ajustement a été effectué en fonction des analyses d'assignation génétique des débarquements dans le secteur (Colombani et coll., 1998). Par ailleurs, la pêche d'alimentation est absente ou résiduelle pour la majorité des rivières considérées dans le modèle selon les données partielles disponibles. Seule la population de la rivière Cascapédia a pu être influencée davantage entre 1972 et 2008, ces captures ayant été

prises en compte dans le calcul des géniteurs. L'ajout des captures par pêche sportive, commerciale et autochtone dans les retours a pour conséquence d'ajuster la productivité des rivières à la hausse. En effet, ces saumons représentent bel et bien les recrues des cohortes précédentes et doivent être inclus comme tels afin d'obtenir une relation stock-recrutement le plus près possible de la réalité.

L'activité humaine sur les rivières (pêche, ensemencement, etc.) peut influencer la dynamique des populations et doit donc être prise en compte lors du développement d'un modèle stock-recrutement. Les différents scénarios testés concernant l'impact potentiel des ensemencements sur la dynamique des populations de saumon atlantique ont démontré que l'influence des ensemencements est négligeable. Cependant, par précaution, les ensemencements ont été pris en compte dans le calcul des retours à la rivière. Par ailleurs, ces tests démontrent que le modèle développé est robuste, même pour des rivières ayant reçu des ensemencements par le passé. En calculant ce que représentent ces ensemencements en termes d'adultes de retour en rivière par rapport aux retours d'adultes sauvages dans les 12 rivières témoins (en fonction d'hypothèses optimistes de taux de survie), nous constatons qu'en moyenne les ensemencements ont un impact limité et relativement faible sur les retours d'adultes (≤ 7 %) malgré les efforts importants déployés pour certaines rivières .

La forme du modèle retenu dans cette étude est une fonction de Ricker, cependant une relation de Beverton-Holt a également été testée. D'un point de vue biologique, la relation de Beverton-Holt est souvent considérée comme plus représentative de la dynamique des populations de salmonidés et est ainsi utilisée dans plusieurs études de modélisation (ex. Gibson, 2006; Massiot-Granier et coll., 2014). En effet, la relation de densité-dépendance, représentée par la diminution du recrutement à haute densité dans le modèle de Ricker, est remise en question par certains auteurs (ex. Gibson, 2006). Cependant, en raison de la structure des données, la pente de la relation de Beverton-Holt est estimée avec une incertitude élevée et le point de référence S^{opt} estimé est en général beaucoup plus bas que celui estimé avec la relation de Ricker, tel qu'observé dans cette étude. Dans le cas des populations du Québec, les deux relations (Ricker et Beverton-Holt) s'ajustent aux données de façon similaire. Par principe de précaution, et pour des raisons historiques, la relation de Ricker a été retenue pour modéliser les populations de saumon atlantique. Ce modèle est largement utilisé à des fins de gestion, c'est le cas par exemple pour plusieurs espèces de salmonidés du Pacifique et chez le saumon atlantique pour certains pays d'Europe (pour un résumé voir Prévost et Chaput, 2001 et Chaput, 2015).

Points de référence et seuils de conservation

Les modèles stock-recrutement permettent de déterminer des points de référence biologiques utiles pour définir des limites de gestion à des fins de conservation des populations. Chez le saumon atlantique, ce type de modèle et ses points de référence associés sont utilisés en Europe dans différents pays dont la France, l'Irlande et la Norvège (pour un résumé voir Chaput, 2015). Au Canada, seul le Québec utilise ce type de modèle pour la gestion du saumon

atlantique, bien que la mise en place de cette approche soit en cours pour certaines autres provinces dans l'optique d'uniformiser l'approche de gestion (Chaput et coll., 2015).

Le choix des points de référence cibles pour la gestion peut varier selon la dynamique de la population et le contexte de gestion. Pêches et Océans Canada a proposé la Politique pour la conservation du saumon atlantique sauvage (MPO, 2009) qui identifie le concept de limites inférieures et supérieures pour évaluer l'état des stocks. Le transfert de ce concept aux points de référence biologiques demeure toutefois à définir (Chaput, 2015). Au Québec, le point de référence biologique S^{opt} issu du modèle stock-recrutement précédent a été identifié comme seuil de conservation et est utilisé dans la gestion des stocks depuis les années 2000 (Fontaine et Caron, 1999). Ce point de référence correspond au stock permettant un rendement maximal soutenable. Par approche de précaution dans un contexte de déclin des populations, une probabilité de 75 % d'atteindre ou d'être au-dessus de la valeur S^{opt} avait alors été choisie. Dans le contexte du présent modèle élaboré, ce point de référence biologique et sa distribution de probabilité demeurent un choix adéquat pour la gestion des populations du Québec, tout comme d'autres points de référence, tels que ceux associés au stock et au recrutement maximal (S^{max} et R^{max}).

Une limitation du modèle persiste toutefois quant aux petites populations. En effet, chez les petites populations, le risque d'un faible recrutement augmente. Par contre, avec un modèle de type stock-recrutement et un point de référence tel que S^{opt}, il est toujours possible d'avoir un potentiel de pêche, même à très faible abondance, et ce, jusqu'à extinction. Le recours à d'autres points de référence est alors requis pour assurer la viabilité de ces petites populations, qui jouent un rôle essentiel dans le maintien des adaptations et de la diversité génétique de l'espèce (Garcia de Leaniz et coll., 2007; Palstra et coll., 2007; Palstra et Ruzzante, 2010). Chez les petites populations, la faible diversité génétique peut constituer une composante limitant l'augmentation de la population de façon soutenable. Les effets négatifs reliés à la consanguinité ont en effet été observés chez plusieurs espèces en milieu naturel et peuvent mener à l'extinction (Frankham et coll., 2002; Frankham et coll., 2014). Un point de référence associé à une taille effective minimale (Ne) permettant le maintien d'un niveau acceptable de diversité génétique pourrait donc représenter un point de référence complémentaire au modèle actuel pour les petites populations (Perrier et coll., 2015). Chez certains organismes de conservation, tel l'Union internationale pour la conservation de la nature (UICN), le maintien de 90 % de la diversité génétique sur 100 ans est une cible réaliste sélectionnée. Cette cible a d'ailleurs été appliquée au Québec pour le chevalier cuivré (Lippé et coll., 2006).

Limitations et développements futurs

La qualité des données d'abondance des adultes en rivière ainsi que celle des captures par la pêche représente un aspect essentiel au développement d'un modèle stock-recrutement fiable. Au Québec, des données de qualité et détaillées sont disponibles pour plusieurs populations, permettant ainsi la mise au point d'un tel modèle. Tout de même, certaines incertitudes associées aux données demeurent, notamment en lien avec les captures par pêche

d'alimentation et sportive. Cela peut augmenter l'incertitude associée aux retours réels d'adultes en rivière. Il importe de noter également que les populations de la région de la Côte-Nord demeurent moins connues, même sur le plan de l'abondance des adultes en rivière, et une amélioration de nos connaissances des stocks dans ce secteur serait un atout pour l'élaboration d'un prochain modèle. En effet, seule la population de la rivière de la Trinité présentait assez d'information pour représenter cette région dans l'analyse. Néanmoins, l'ensemble des 12 rivières incluses dans le modèle global demeure très concordant, tel qu'il est observé dans la relation presque linéaire entre les unités de production et le point de référence S^{opt}.

Les relations stock-recrutement ajustées dans cette étude (mais également précédemment) reposent sur plusieurs hypothèses concernant les différents taux de survie interstades. Ces hypothèses supposent que les données de stock et de recrutement pour les rivières témoins sont connues précisément, ce qui n'est pas exact, et conduit à réduire l'incertitude des estimations produites. Le modèle fait également l'hypothèse de la stabilité de la fécondité, de la productivité, et de la capacité d'accueil des rivières au cours de la période considérée. L'observation des résidus démontre une variabilité temporelle dans les niveaux de productivité des populations, sans toutefois démontrer une tendance d'évolution de la productivité claire et consistante entre les rivières, sauf pour la rivière de la Trinité, où une baisse de productivité franche est observée à partir des années 1980, tel qu'attendu selon l'abondance des stocks répertoriés (Cauchon, 2015). Ainsi, dans le contexte du présent travail, il n'était pas justifié de modifier cette hypothèse de stabilité de la productivité des rivières. Toutefois, il serait pertinent d'explorer davantage cette avenue pour un prochain modèle. À noter également que la mortalité due aux pêcheries en haute mer (ex. Groenland) n'a pas été considérée dans ce modèle-ci ni dans le précédent, comme pour la plupart des modèles actuels. En effet, il est encore difficile de connaître avec précision les mortalités par rivière associée à cette pêche, bien que les récentes découvertes sur la structure génétique des populations en Amérique du Nord (Dionne et coll., 2008; Bourret et coll., 2013; Moore et coll., 2014) ainsi que sur la composition des stocks mixtes au Groenland (Gauthier-Ouellet et coll., 2009; Bradbury et coll., 2015) pourront permettre un tel ajustement dans le futur.

Grâce à l'approche bayésienne hiérarchique, nous avons rendu possible l'exportation de la relation stock-recrutement et son incertitude à des rivières sans donnée biologique mais avec unités de production (UP) connues. Par ailleurs, cette exportation est facilitée dans la gamme d'unité de production représentée par les 12 rivières témoins. Les prédictions associées aux rivières ayant des UP en dehors du spectre d'UP des rivières témoins doivent être considérées avec prudence dans la mesure où il manque des observations de stock-recrutement à ces valeurs d'unités de production. En effet, l'incertitude associée à l'estimation des points de référence peut être plus grande pour les rivières à UP en dehors du spectre d'UP des rivières témoins, comme c'est le cas pour les 4 grandes rivières sur les 92 où la relation stock-recrutement a été estimée grâce aux unités de production. Le modèle mis au point et son exportation aux rivières du Québec permet, somme toute, de représenter une gamme intéressante et encore plus large de tailles de rivières que le modèle précédent.

En conclusion, le développement d'un nouveau modèle stock-recrutement pour les populations de saumon atlantique du Québec a permis l'ajout de nouvelles données et l'utilisation d'une approche de modélisation à la fine pointe des développements scientifiques prenant en compte l'incertitude de façon formelle et cohérente. Le nouveau modèle représente la dynamique des populations actualisée, en fonction des données disponibles à ce jour, et permettra de déterminer des points de référence biologiques ainsi que des nouveaux seuils de conservation en fonction des objectifs de gestion actuels.

RÉFÉRENCES

ANUP (2001). *Nations Unies, Accord aux fins de l'application des dispositions de la Convention des Nations Unies sur le droit de la mer du 10 décembre 1982 relatives à la conservation et à la gestion des stocks de poissons chevauchants et des stocks de poissons grands migrateurs*, sixième session, New York, du 24 juillet au 4 août 1995, article 6 et annexe II.

BALMFORD, A. et coll. (2005). «°Ecology: The Convention on Biological Diversity's 2010 Target°», *Science*, vol. 307, p. 212-213.

BOURRET, V., M. DIONNE, M. P. KENT, L. SIGBJORN et L. BERNATCHEZ (2013). «°Landscape genomics in Atlantic salmon (*salmo salar)*: searching for gene-environment interactions driving local adaptation°», *Evolution*, vol. 67, nº 12, p. 3469-3487.

BRADBURY, I. R., L. C. HAMILTON, S. RAFFERTY, D. MEERBURG, R. POOLE, J. B. DEMPSON, M. J. ROBERTSON, D. G. REDDIN, V. BOURRET, M. DIONNE, G. CHAPUT, T. F. SHEEHAN, T. L. KING, J. R. CANDY et L. BERNATCHEZ (2015). «°Genetic evidence of local exploitation of Atlantic salmon in a coastal subsistence fishery in the northwest Atlantic°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 72, p. 83-95

CARON, F. et J.-P. LE BEL (éd.) (1991). *Normes biologiques applicables dans le cadre du programme de développement économique du saumon*, Québec, ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, Direction de la gestion des espèces et des habitats, Service de la faune aquatique, 58 p.

CARON, F., P.-M. FONTAINE et S.-É. PICARD (1999). *Seuil de conservation et cible de gestion pour les rivières à saumon (*Salmo salar*) du Québec*, Québec, Société de la faune et des parcs du Québec, Direction de la faune et des habitats, 48 p.

CAUCHON, V. (2015). *Bilan de l'exploitation du saumon au Québec en 2014*, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Secteur de la faune, 298 p.

CHAPUT, G., J. ALLARD, F. CARON, J. B. DEMPSON, C. C. MULLINS et M. F. O'CONNELL (1998). «°River-specific target spawning requirements for atlantic salmon (*Salmo salar*) based on a generalized smolt production model°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 55, p. 246-261.

CHAPUT, G. 2015. Considerations for defining reference points for Atlantic Salmon that conform to the Precautionary Approach. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2015/074. pv + 46 p.

CHAPUT, G., E. PREVOST, J. B. DEMPSON, M. DIONNE, R. JONES, A. LEVY, M. ROBERTSON et G. VEINOTT (2015). Hierarchical Bayesian modelling of Atlantic

Salmon egg to smolt time series from monitored rivers of eastern Canada to define and transport limit reference points. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2015/075. v + 84 p.

CIEM (2015). *Report of the Working Group on North Atlantic Salmon (WGNAS), 17-26 Mars 2015*, Moncton, Canada, ICES CM 2015/ACOM:09, 330 p.

CNUED (1992). *Déclaration de Rio sur l'environnement et le développement*, Conférence des Nations Unis sur l'environnement et le développement, Rio de Janeiro, Brésil, du 3 au 14 juin 1992.

COLOMBANI, F., A. MALTAIS et J. DODSON (1998). L*a pêche commerciale du saumon atlantique (*Salmo salar*) sur la Basse Côte-Nord du Saint-Laurent : une analyse génétique de la relation des prises commerciales avec cinq populations de la Côte-Nord*, Centre interuniversitaire de recherche sur le saumon atlantique, Département de biologie, Université Laval, Québec, 71 p.

CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY (2011). [En ligne] [http://www.cbd.int/].

COSEPAC (2010). *Évaluation et rapport de situation du COSEPAC sur la saumon Atlantique (*Salmo salar*) au Canada*, Comité sur la situation des espèces en péril au Canada*,* Ottawa, i+162 p.

CÔTÉ, Y., D. CLAVET, J.-M. DUBOIS et A. BOUDREAULT (1987a). «°Inventaire des habitats à saumon et estimation de production par photographie aérienne°», p. 85-95 dans M. Thibault et R. Billard (éd.). *La restauration des rivières à saumon*, INRA, Paris, 444 p.

CÔTÉ, Y., P. DULUDE, D. JOMPHE, J.-P. LE BEL, G. OUELLET, A. ROULEAU et L. ROY (1987b). *Essai de classification normalisée des substrats granulaires et des faciès d'écoulement pour l'évaluation de la production salmonicole*, ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, Direction générale des opérations régionales, Direction générale de la faune, 9 p.

CÔTÉ, Y. (1990). «°Concepts et objectifs biologiques de gestion du saumon atlantique°», p. 3-5 dans N. Samson et J.-P. Le Bel (éd). *Compte rendu de l'atelier sur le nombre de reproductions requis dans les rivières à saumon*, L'Isle-aux-Coudres, février 1988, ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche du Québec, Direction de la gestion des espèces et des habitats, 329 p.

DFO (2008). *NuSEDS, V. 2.0, Regional adult salmon escapement database 1950-2005*, British Columbia, Pêches et Océans Canada, La station biologique du Pacifique.

DIONNE, M., K. M. MILLER, J. J. DODSON, F. CARON et L. BERNATCHEZ (2007). «°Clinal variation in MHC diversity with temperature: evidence for the role of host-pathogen interaction on local adaptation in Atlantic salmon°», *Evolution*, vol. 61, p. 2154-2164.

DIONNE, M., F. CARON, J. J. DODSON et L. BERNATCHEZ (2008). «°Landscape genetics and hierarchical genetic structure in Atlantic salmon: the interaction of gene flow and local adaptation°», *Molecular Ecology*, vol. 17, p. 2382-2396.

DIONNE, M., K. M. MILLER, J. J. DODSON et L. BERNATCHEZ (2009). «°MHC standing genetic variation and pathogen resistance in wild Atlantic salmon°», *Philosophical transactions of the Royal Society Series B.*, vol. 364, p. 1555-1565.

DIONNE, M. et V. CAUCHON (2015). *Écologie et évolution des populations témoins de saumon atlantique au Québec : rapport de recherche 2014*, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, Direction de la faune aquatique, 86 p.

DYKE, A. S. et V. K. PREST (1987). «°Late Wisconsinian and Holocene history of the Laurentide Ice Sheet°», *Géographie physique et Quaternaire*, vol. 41, p. 237-263.

ELLISON, M. A. (1996), «°An introduction to bayesian inference for ecological research and environmental decision-making°», *Ecological applications*, vol. 6(4), p. 1036-1046

ELSON, P. F. (1975). «°Atlantic salmon rivers smolt production and optimal spawning an overview of natural production°», *International Atlantic Salmon Found, Special Publication*, Serie 6, p. 96-119.

FAO (1997). Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture [En ligne] [http://www.fao.org/docrep/003/w3592f/w3592f00.htm].

FONTAINE, P.-M., et F. CARON (1999). *Détermination d'un seuil de conservation pour les rivières à saumon atlantique (*Salmo salar*) au Québec au moyen des relations stock-recrutement*, Faune et Parcs Québec, Direction de la faune et des habitats, 136 p.

FONTAINE, P.-M., J. J. DODSON, L. BERNATCHEZ et A. SLETTAN (1997). «°A genetic test of metapopulation structure in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using microsatellites°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 54, p. 2434-2442.

FRANKHAM, R., J. D. BALLOU et D. A. BRISCOE (2002). *Introduction to conservation genetics*, Cambridge, Cambridge University Press, 617 p.

FRANKHAM, R., C. J. A BRADSHAW et B. W. Brook (2014). «°Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses°». *Biological conservation* 170, p. 56-63.

FRASER, D. J., L. K. WEIR, L. BERNATCHEZ, M. M. HANSEN et E. B. TAYLOR (2011). «°Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis°», *Heredity*, vol. 106, p. 404-420.

FRIEDLAND, K., L. P. HANSEN, D. A. DUNKLEY et J. MACLEAN (2000). « Linkage between ocean climate, post-smolts growth, and survival of Atlantic salmon (*Salmo salar L*) in the North Sea area°», *ICES Journal of Marine Science*, vol. 57, p. 419-429.

GARCIA DE LEANIZ, C., I. A. FLEMING, S. EINUM et coll. (2007). «°A critical review of adaptive genetic variation in Atlantic salmon: implication for conservation°», *Biological Review*, vol. 82, p. 173-211.

GAUTHIER-OUELLET, M., M. DIONNE, F. CARON, T. L. KING et L. BERNATCHEZ (2009). «°Spatiotemporal dynamics of the Atlantic salmon (*Salmo salar*) Greenland fishery inferred from mixed-stock analysis°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 66, p. 2040-2051.

GIBSON, A. J. F. (2006). *Population regulation in Eastern Canadian Atlantic salmon (Salmo salar) populations*, Canadian Science Advisory Secretariat, Research Document 2006/016.

GRANT, S. C. H., S. M. KALYN, J. E. MAHONEY et J. A. TADEY (2007). *Coho (*Oncorhynchus kisutch*) and Chum (*O. keta*) salmon visual enumeration surveys in twenty-six lower Fraser area streams: 1999-2005*, Ottawa, Pêches et Océans Canada, VI + 154 p. (Canadian Technical Report of Fisheries and Aquatic Sciences, vol. 2727).

HILBORN, R. et M. MANGEL (1997). *The ecological Detective Confronting Models with Data*, volume 28 of Monographs in population biology, Princeton University Press, Princeton, New Jersey.

KENNEDY, G. J. A. et W. W. CROZIER (1993). «°Juvenile Atlantic salmon (*Salmo salar*)—production and prediction°», p. 179-187 dans R. J. Gibson et R. E. Cutting (éd.), Production of juvenile Atlantic salmon, *Salmo salar*, in natural waters, *Canadian Special Publication of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 118

LECLERC, V. (2015). *Révision des valeurs standards de fécondité relative utilisées au Québec pour le saumon atlantique (salmo salar)*, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Direction de la faune aquatique, 10 p.

LIPPÉ, C., P. DUMONT et L. BERNATCHEZ (2006). «°High genetic diversity and no inbreeding in the endangered copper redhorse, *Moxostoma hubbsi* (Catostomidae, Pisces): the positive sides of a long generation time°», *Molecular Ecology*, vol. 15(7), p. 1769-1780.

MASSIOT-GRANIER, F., E. PRÉVOST, G. CHAPUT, T. POTTER, G. SMITH, J. WHITE, S. MÄNTYNIEMI et E. RIVOT (2014). «°Embedding stock assessment within an integrated hierarchical Bayesian life cycle modelling framework: an application to Atlantic salmon in the Northeast Atlantic°», *ICES Journal of Marine Science*, doi.10.1093/icesjms/fst240.

McALLISTER, M. K. et G. P. KIRKWOOD (1998). «°Bayesian stock assessment: a review and example application using the logistic model°», *ICES Journal of Marine Science*, vol. 55, p. 1031–1060.

McCONNELL, S. K. J., D. E. RUZZANTE, P. T. O'REILLY, L. HAMILTON et J. M. WRIGHT (1997). «°Microsatellite loci reveal highly significant genetic differentiation among Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) stocks from the East coast of Canada°», *Molecular Ecology*, vol. 6, p. 1075-1089.

MOORE, J.-S., V. BOURRET, M. DIONNE, I. BRADBURY, P. O'REILLY, M. KENT, G. CHAPUT et L. BERNATCHEZ (2014). «°Conservation genomics of anadromous Atlantic salmon across its North American range: outlier loci identify the same patterns of population structure as neutral loci°», *Molecular Ecology*, vol. 23, p. 5680-5697.

MPO (2006). *Stratégie de pêche en conformité avec l'approche de précaution*, Pêches et Océans Canada, Secrétariat canadien de consultation scientifique, Avis scientifique 2006/023, [En ligne] [http://www.dfo-mpo.gc.ca/csas/Csas/etat/2006/sar-as2006_023_f.pdf].

MPO (2009). *Politique du Canada pour la conservation du saumon atlantique sauvage*, Pêches et Océans Canada, [En ligne] [http://www.dfo-mpo.gc.ca/fm-gp/policies-politiques/wasp-pss/wasp-psas-2009-fra.htm#toc-pcsas].

O'REILLY, P. T., L. HAMILTON, S. K. J. McCONNELL et J. M. WRIGHT (1996). "Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites", *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 53, p. 2292-2298.

PALSTRA, F. P., M. F. O'CONNELL et D. E. RUZZANTE (2007). "Population structure and gene flow reversals in Atlantic salmon (*Salmo salar*) over contemporary and long-term temporal scales: Effects of population size and life history", *Molecular Ecology*, vol. 16, p. 4504-4522.

PALSTRA, F. P., et D. E. RUZZANTE (2010). «°A temporal perspective on population structure and gene flow in Altantic salmon (*Salmo salar*) in Newfoundland, Canada°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 67(2), p. 225-242.

PARENT, E. et E. RIVOT (2012). *Introduction to Hierarchical Bayesian Modeling for Ecological Data*, Chapman & Hall/CRC Press, Collection Applied Environmental Statistics, 405 p.

PARRISH, D. L., R. J. BEHNKE, S. R. GEPHARD, S. D. McCORMICK et G. H. REEVES (1998). «°Why aren't there more Atlantic salmon (*Salmo salar*)?°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 55, p. 281-287.

PEREIRA, H. M. et H. D. COOPER (2006). «°Towards the global monitoring of biodiversity changes°», *Trends in Ecology and Evolution*, vol. 21, p. 123-129.

PERRIER, C., J. APRIL, G. CÔTE, L. BERNATCHEZ et M. DIONNE (2015). «°Effective number of breeders in relation to census size as management tools for Atlantic salmon conservation in a context of stocked populations°», *Conservation Genetics*, p. 1-14.

PICARD, S. E. (1998). *Élaboration d'un indice de qualité d'habitat (IQH) caractérisant les aires de croissance des juvéniles de saumon atlantique (*Salmo salar*) pour les rivières du Québec*, Mémoire de maîtrise présenté à l'Université du Québec à Rimouski, 84 p.

PNUE (1972). Programme des Nations Unies pour l'environnement : [En ligne] [http://www.unep.org].

PREVOST, E. et G. CHAPUT (éd.) (2001). *Stock, recruitment and reference points: assessment and management of Atlantic salmon,* INRA Éditions, Paris, 223 p.

PREVOST, E., G. CHAPUT et E. M. P. CHADWICK (2001). «°Transport of stock-recruitment reference points for Atlantic salmon°», p. 95-135, dans E. Prévost et G. Chaput (éd.), *Stock, Recruitment and Reference Points: Assessment and Management of Atlantic salmon*, INRA Editions, Paris, 223 p.

PREVOST, E., E. PARENT, W. CROZIER, I. DAVIDSON, J. DUMAS, G. GUDBERGSSON, K. HINDAR, P. MCGINNITY, J. MACLEAN et L. M. SATTEM (2003). «°Setting biological reference points for Atlantic salmon stocks: transfer of information from data-rich to sparse-data situations by Bayesian hierarchical modelling°», *ICES Journal of Marine Science*, vol. 60, p. 1177-1193.

PUNT, A. E. et R. HILBORN (1997). «°Fisheries stock assessment and decision analysis: A review of the Bayesian approach°», *Reviews in Fish Biology and Fisheries,* vol. 7, p. 35-63.

RICKER, W. E. (1954). «°Stock and recruitment°», *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, vol. 11, p. 559-623.

RIVOT, E., E. PRÉVOST et E. PARENT (2001). «°How robust are Bayesian posterior inferences based on a Ricker model with regards to measurement errors and prior assumptions about parameters?°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 58, p. 2284-2297.

ROBB, C. A. et R. M. PETERMAN (1998). «°Application of Bayesian decision analysis to the management of a sockeye salmon fishery°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol 55(1), p. 86-98.

SCHMIDT, R. E. (1986). «°Zoogeography of the northern Appalachians°», dans C. H. Hocutt et E. O. Wiley (éd.), *The zoogeography of North American freshwater fishes*, New York, John Wiley and Sons, p. 137-159.

SCHNUTE, J. T. et A. R. KRONLUND (1996). «°A management oriented approach to stock recruitment analysis°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 53, p. 1281-1293.

SCHNUTE, J. T, A. CASS et L. RICHARDS (2000). «°A Bayesian decision analysis to set escapment goals for Fraser river Sockeye salmon (*onchorhynchus nerka*) fishery°», *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, vol. 57, p. 962-979.

SCHWARTZ, M. K., G. LUIKART et R. S. WAPLES (2006). «°Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management°», *Trends in Ecology and Evolution*, vol. 22, p. 25-33.

SPIDLE, A. P., S. T. KALINOWSKI, B. A. LUBINSKI et coll. (2003). «°Population structure of Atlantic salmon in Maine with reference to populations from Atlantic Canada°», *Transaction of the American Fisheries Society*, vol. 132, p. 196-209.

STABELL, O. B. (1984). «°Homing and olfaction in salmonids: a critical review with special references to the Atlantic salmon°», *Biological Review*, vol. 59, p. 333-388.

TAYLOR, E. B. (1991). «°A review of local adaptation in salmonidae, with particular reference to Pacific and Atlantic salmon°», *Aquaculture*, vol. 98, p. 185-207.

THORSTAD, E. B., F. WHORISKEY, A. H. RIKARDSEN et K. AARESTRUP (2011). «°Aquatic nomads: the life and migrations of the Atlantic salmon°», dans Ø Aas, S. Einum, A. Klemetsen et J. Skurdal (ed.), *Atlantic salmon ecology*, Blackwell Publishing, Oxford, UK, p 1-32.

UICN (1948). Union internationale pour la conservation de la nature, [En ligne] [http://www.iucn.org.]

URKE, H. A., T. KRISTENSEN et J. B. ULVUND (2013). «°Riverine and fjord migration of wild and hatchery-reared Atlantic salmon smolts°», *Fisheries Management and Ecology*, vol. 20, p. 544-552.

VERSPOOR, E., J. A. BEARDMORE et S. CONSUEGRA (2005). «°Population structure in the Atlantic salmon: insights from 40 years of research into genetic protein variation°», *Journal of Fish Biology*, vol. 67, p. 3-54.

WWF (1980). Fonds mondial pour la nature [En ligne] [http://wwf.org.]

WWF (2001). *Report on the status of Atlantic salmon: a river by river assessment,* Washington DC, Marine conservation program, [En ligne] [http://wwf.panda.org/about_our_earth/blue_planet/publications/?3729/The-Status-of-Wild-Atlantic-Salmon-A-River-by-River-Assessment].

ANNEXES

Annexe I. Modélisation stock-recrutement de Ricker et de Beverton-Holt avec approche bayésienne pour chacune des 12 rivières incluses dans le modèle global.

```
# Inspired by Parent et Rivot 2012, Chapter 7
# Analysis of the SR data from salmon populations of Quebec
# Ricker model
# Management related parameterization (Schnute et Kronlund, 1996)
# LogNormal error structure
# ------------------------------------------------------------------------
model
{
# Informative priors for the management parameters
tau ~ dgamma(0.001 0.001)
hopt ~ dbeta(2 2)
Sopt ~ dlnorm(7 1.0E-5)

Copt <- hopt*Sopt/(1-hopt)
Ropt <- Copt/hopt

# The classical Ricker parameters as function of Copt and Sopt
alpha <- exp(Copt/(Sopt + Copt)) * ((Sopt + Copt)/Sopt)
beta <- Copt/(Sopt*(Sopt + Copt))

# Additional variables derived from the parameters
Slope <- exp(alpha)
sigma <- pow(tau  -0.5)
Smax <- 1/beta

# Likelihood
for( t in 1 : n )
{

# LogR[t] is the logarithm of the Ricker function
LogR[t] <- log(s[t]) + log(alpha) - beta*s[t]

# Recruitment (observed) follows a lognormal distribution which position depends on the stock (observed)
r[t] ~ dlnorm(LogR[t]  tau)
res_R[t]<-log(r[t])-LogR[t]

# Recruitment predictions
r.star[t] ~ dlnorm(LogR[t]  tau)
}
}
# Inspired by Parent et Rivot 2012, Chapter 7
# Analysis of the SR data from salmon populations in Quebec
# Beverton-Holt model
```

```
# Management related parameterization (Schnute et Kronlund, 1996)
# LogNormal error structure
# ------------------------------------------------------------------------
model
{

# Informative priors for the management parameters
tau ~ dgamma(0.001 0.001)
hopt ~ dbeta(2 2)
Sopt ~ dlnorm(7 1.0E-5)

Copt <- hopt*Sopt/(1-hopt)
Ropt <- Copt/hopt

# from management parameters to Beverton-Holt natural parameters
alpha <- (Ropt*Ropt)/(Sopt*Sopt)
beta <- (Ropt-Sopt)/(Sopt*Sopt)

# Additional variables of interest derived from the parameters
Soptbis<- (sqrt(alpha)-1)/beta
Coptbis<--Soptbis+alpha*Soptbis/(1+beta*Soptbis)
sigma <- pow(tau  -0.5)
Smax <- 1/beta

# Likelihood
for( t in 1 : n )
{
# Recruitment (observed) follows a lognormal distribution which position depends on the stock (observed)
r[t] ~ dlnorm(LogR[t]  tau)
r.star[t] ~ dlnorm(LogR[t]  tau)

# LogR[t] is the logarithm of the Beverton-Holt function
LogR[t] <- log(s[t]) + log(alpha) -log(1+ beta*s[t])
res_R[t]<-log(r[t])-LogR[t]
}
}
```

Annexe II. Modélisation stock-recrutement de Ricker avec approche bayésienne hiérarchique incluant les 12 rivières témoins.

```
# ----------------------------------------------------
# BUGS program for Stock-recruitment analysis
# Hierarchical model with covariate "UP – Unités de Production"
# Inspired by Parent et Rivot 2012, Chapter 9
# ----------------------------------------------------

model
{
# Prior for the parameters of the regression on Sst = f(UP)

        alpha ~dnorm(0 0.01)
        B2 ~ dnorm(0 0.01)
        beta <- B2 - alpha*mean(log_UP[])

        tau_sst ~ dgamma(0.1 0.1)
        var_sst <- 1 / tau_sst

# Prior for the parameters of the regression on h = f(UP)
        mu_logitEhst~dnorm(0 0.01)
        tau.h ~ dgamma(0.1 0.1)
        sigma.h <- sqrt(1/tau.h)

# Priors for the n.riv rivers
# Priors for the variance

alpha_hier <- mu_hier * beta_hier
beta_hier ~ dgamma(0.01 0.01)
mu_hier ~ dgamma(1 0.01)

for( r in 1 : n.riv )
{
        log_UP[r] <- log(UP[r])

# Precision of the recruitment process
# Gamma distribution with very small parameters

        tau[r] ~ dgamma(alpha_hier beta_hier)
        sigma[r] <- sqrt(1/tau[r])
}
for( r in 1 : n.riv )
{

# Sst (hierarchical) with covariable UP
        log.ESst[r] <- alpha * (log_UP[r]-mean(log_UP[])) + B2
        ESst[r] <- exp(log.ESst[r])

        Sst[r] ~ dlnorm(log.ESst[r] tau_sst)    #dgamma(a[r] b[r])      #I( 200)
```

```
# hst (hierarchical) without covariable

        logit(hst[r]) <- logithst[r]
        logithst[r] ~ dnorm(mu_logitEhst tau.h)

} # end loop on rivers (priors)

# Likelihood
# Recruitment process
# Ricker equation with lognormal process errors
# Management parameters (see Schnute et Kronlund, 1996)
# Mean R with parameterization (hst Sst)
# Sst = stock at MSY
# Cst = MSY
# Rst = recruitment at MSY
# hst  = exploitation rate at MSY = Cst/Rst
# tau = precision of process errors (1/variance)

for( i in 1 : n )
{
        log.R[i] <-  log(S[i]) + hst[riv[i]] - log(1-hst[riv[i]]) - (hst[riv[i]]/Sst[riv[i]]) *S[i]
        R[i] ~ dlnorm(log.R[i]  tau[riv[i]])
        res_R_hier[i]<-log(R[i])-log.R[i]
}

# Posterior Predictive for new rivers with UP UP.pred[p]

alpha_cut <-cut(alpha)
beta_cut <-cut(beta)
tau_sst_cut <- cut( tau_sst)

mu_logitEhst_cut<-cut(mu_logitEhst)
tau.h_cut<-cut(tau.h)

alpha_hier_cut <- cut(alpha_hier)
beta_hier_cut <- cut(beta_hier)
tau_cut ~ dgamma(alpha_hier_cut beta_hier_cut)

for( p in 1 : n.pred )
{
        log_UP.pred[p] <- log(UP_pred[p])
}

for( p in 1 : n.pred )
{
        log.ESst.pred[p] <- alpha_cut * log_UP.pred[p] + beta_cut
        ESst.pred[p] <- exp(log.ESst.pred[p])

        Sst.pred[p] ~ dlnorm(log.ESst.pred[p] tau_sst_cut)   )
        logithst.pred[p] ~ dnorm(mu_logitEhst_cut tau.h_cut)
```

```
        logit(hst.pred[p]) <- logithst.pred[p]

} # end loop on predictions p
}  # end model
```

Annexe III. Unités de production par rivière estimées selon la méthode de Picard (1998) et utilisées pour la gestion des populations de saumon atlantique au Québec.

Numéro de rivière	Zone	Nom de rivière	UP	M2	IQH Moyen pondéré pour la surface
01080000	Q01.	Bonaventure	2 766 182	4 361 239	0,70
01090000	Q01.	Petite rivière Cascapédia	1 224 913	1 996 260	0,68
01100000	Q01.	Cascapédia	2 881 000	4 797 125	0,66
01120000	Q01.	Nouvelle	1 145 008	1 574 073	0,74
01150000	Q01.	Matapédia	3 597 843	5 403 421	0,72
01151000	Q01.	Causapscal	990 434	1 407 786	0,72
01162000	Q01.	Kedgwick	n.d.	n.d.	
01163000	Q01.	Patapédia	1 153 622	1 486 590	0,74
01010000	Q02.	Grande-Rivière	857 203	1 143 660	0,78
01020000	Q02.	Du Petit Pabos	532 724	682 425	0,78
01030000	Q02.	Du Grand Pabos	539 126	719 975	0,80
01040000	Q02.	Du Grand Pabos Ouest	275 648	359 100	0,72
01050000	Q02.	Port-Daniel du Milieu		161 677	
01060000	Q02.	Petite rivière Port-Daniel		179 641	
01180000	Q02.	Port-Daniel Nord		321 429	
01440000	Q02.	De l'Anse à la Barbe		119 760	
02010000	Q02.	Malbaie		273 810	
02030000	Q02.	Saint-Jean	1 610 502	2 251 410	0,74
02040000	Q02.	York	1 843 792	2 591 190	0,79
02060000	Q02.	Dartmouth	1 081 688	1 758 200	0,71
02080000	Q03.	Madeleine	1 556 853	2 813 595	0,59
02090000	Q03.	De Mont-Louis		155 689	
02140000	Q03.	Sainte-Anne	757 278	1 331 171	0,55
02150000	Q03.	Cap-Chat	490 942	913 281	
02160000	Q03.	Matane	2 073 338	3 357 411	0,71
02190000	Q03.	Mitis	1 233 206	1 817 256	0,77
02200000	Q03.	Rimouski	592 415	973 450	0,69
02220000	Q03.	Sud-Ouest	n.d.	n.d.	
02270000	Q03.	Ouelle	673 476	820 820	0,83
05080000	Q05.	Jacques-Cartier	1 962 947	5 427 920	0,36
05130000	Q05.	Du Gouffre	787 890	1 541 005	0,53
05150000	Q05.	Malbaie (Charlevoix)	1 168 606	2 530 640	0,46
06010000	Q06.	Petit Saguenay	668 200	960 095	0,70
06020000	Q06.	Saint-Jean (total)	174 554	270 549	0,73
6020000	Q06.	Saint-Jean (aval)	143 461	227 305	0,72
6020000	Q06.	Saint-Jean (amont)	31 094	43 244	0,74
06070000	Q06.	À Mars (total)	541 453	829 194	0,66
06070000 (aval)		À Mars (aval, embouchure-Muraille)	182 702	238 920	0,77

Numéro de rivière	Zone	Nom de rivière	UP	M2	IQH Moyen pondéré pour la surface
06070000		À Mars (amont, Muraille-Castule)	358 751	590 274	0,61
06280000	Q06.	Sainte-Marguerite	1 373 593	2 367 800	0,58
06281000	Q06.	Sainte-Marguerite Nord-Est (total)	790 281	1 389 273	0,57
06281000		Sainte-Marguerite Nord-Est (aval)	168 918	308 246	0,55
06281000		Sainte-Marguerite Nord-Est (amont)	621 362	1 081 027	0,57
07020000	Q07.	Des Escoumins	1 017 899	1 190 232	0,55
07060000	Q07.	Laval	398 463	779 411	0,61
07070000	Q07.	Betsiamites	1 967 504	8 169 276	0,54
07120000	Q07.	Aux Anglais	27 693	45 785	0,46
07130000	Q07.	Franquelin	73 789	143 663	0,49
07140000	Q07.	Godbout	2 139 454	5 265 599	0,53
07150000	Q07.	De la Trinité	987 058	1 916 081	0,52
07160000	Q07.	Petite rivière de la Trinité	74 110	106 416	0,62
07170000	Q07.	Pentecôte	197 736	406 458	0,48
07190000	Q07.	Aux Rochers	2 217 024	7 870 018	0,42
07840000	Q07.	Mistassini	57 994	102 219	0,63
07900000	Q07.	Du Calumet	31 393	49 267	0,34
07230000	Q08.	Moisie	9 044 427	39 343 869	0,39
07250000	Q08.	Matamec	231 728	566 248	0,36
07270000	Q08.	Pigou	5 551	12 511	0,49
07280000	Q08.	Au Bouleau	41 726	100 942	0,54
07320000	Q08.	Sheldrake	37 110	147 825	0,45
07330000	Q08.	Au Tonnerre			
07340000	Q08.	Jupitagon	196 088	437 001	0,47
07350000	Q08.	Magpie			
07360000	Q08.	Saint-Jean (Moyenne Côte)	4 024 277	12 405 517	0,46
07370000	Q08.	Mingan	1 154 116	8 772 024	0,29
07380000	Q08.	Romaine	2 429 661	13 890 695	0,33
07400000	Q08.	De la Corneille	46 193	235 135	0,43
07410000	Q08.	Piashti	40 864	157 877	0,42
07430000	Q08.	Watshishou	866 984	4 452 129	0,37
07440000	Q08.	Petite rivière Watshishou	105 245	795 529	0,40
07460000	Q08.	Nabisipi	1 487 005	9 639 269	0,36
07470000	Q08.	Aguanus	151 381	879 331	0,26
07490000	Q08.	Natashquan	16 017 361	86 892 854	0,41
07500000	Q09.	Kégaska	139 841	3 075 674	0,38
07510000	Q09.	Musquaro	3 636	2 593 829	0,26
07520000	Q09.	Musquanousse	35 338	424 928	0,41
07530000	Q09.	Washicoutai	21 240	121 678	0,27
07540000	Q09.	Olomane	721 318	13 163 865	0,35
07550000	Q09.	Coacoachou	44 652	116 485	0,51
07560000	Q09.	Étamamiou	1 565 697	6 847 078	0,41
07570000	Q09.	Du Petit Mécatina	71 468	3 038 368	0,24
07571000	Q09.	Nétagamiou	18 533	185 328	0,08

Numéro de rivière	Zone	Nom de rivière	UP	M2	IQH Moyen pondéré pour la surface
07590000	Q09.	Véco	7 004	792 125	0,28
07600000	Q09.	Kécarpoui	32 732	90 913	0,38
07610000	Q09.	Saint-Augustin	2 608 259	24 905 233	0,28
07611000	Q09.	Saint-Augustin Nord-Ouest	413 203	4 560 685	0,29
07620000	Q09.	Coxipi	670 493	2 804 472	0,31
07630000	Q09.	Chécatica	2 379	4 032	0,49
07640000	Q09.	Napetipi	594 661	1 873 349	0,37
07650000	Q09.	Du Vieux Fort	165 527	650 334	0,37
07660000	Q09.	Saint-Paul	2 703 128	14 200 161	0,33
07670000	Q09.	Ruisseau des Belles Amours	3 174	7 269	0,44
07680000	Q09.	Brador Est	49 312	156 034	0,41
07631000	Q09.	Ruisseau au Saumon (De Salmon Bay)	84 301	300 777	0,34
13060000	Q10.	Petite rivière de la Loutre	135 871	214 344	0,64
13100000	Q10.	Bell	119 414	192 314	0,63
13120000	Q10.	Ruisseau Box	97 817	152 420	0,64
13130000	Q10.	Dauphiné	242 728	372 334	0,65
13140000	Q10.	De la Chaloupe	331 119	546 310	0,61
13150000	Q10.	Petite rivière de la Chaloupe			
13170000	Q10.	Maccan			
13180000	Q10.	Ferrée	92 933	153 351	0,64
13190000	Q10.	Ruisseau Martin			
13210000	Q10.	Du Pavillon	68 722	115 943	0,58
13230000	Q10.	Aux Plats	99 591	156 364	0,62
13240000	Q10.	Chicotte	113 614	184 230	0,60
13260000	Q10.	Galiote	222 687	404 610	0,63
13270000	Q10.	Du Brick			
13290000	Q10.	Jupiter	1 186 836	2 303 244	0,52
13320000	Q10.	À la Loutre	137 147	250 010	0,54
13340000	Q10.	Aux Cailloux	108 829	206 935	0,55
13350000	Q10.	Sainte-Marie	94 790	217 460	0,50
13370000	Q10.	Bec-Scie	82 495	164 569	0,53
13520000	Q10.	À l'Huile	107 262	193 524	0,56
13580000	Q10.	McDonald	108 849	191 929	0,57
13610000	Q10.	À la Patate	67 124	113 082	0,58
13650000	Q10.	Vauréal	79 669	138 120	0,56
13730000	Q10.	Aux Saumons	453 875	868 196	0,55
13800000	Q10.	Du Renard	117 570	236 819	0,58
10270000	Q11.	Aux Feuilles			
10350000	Q11.	Koksoak			
10400000	Q11.	À la Baleine			
10480000	Q11.	George			
10000000	Q11.	Autres rivières			

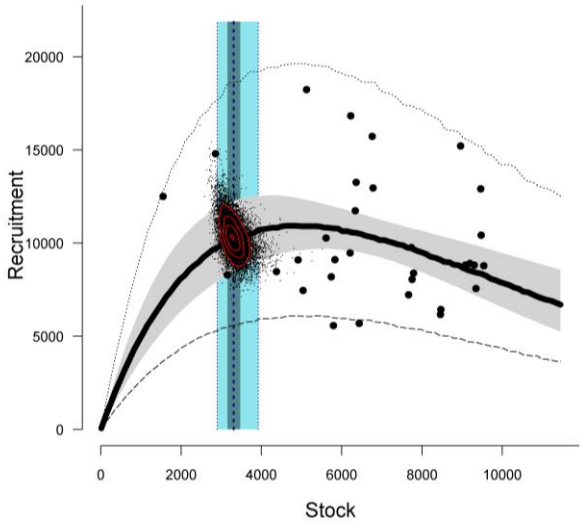
Remarques: La rivière Sainte-Marguerite inclus les segments 1 à 245

La rivière Sainte-Marguerite Nord-Est (total) inclus les segments 1 à 31 excluant le 15

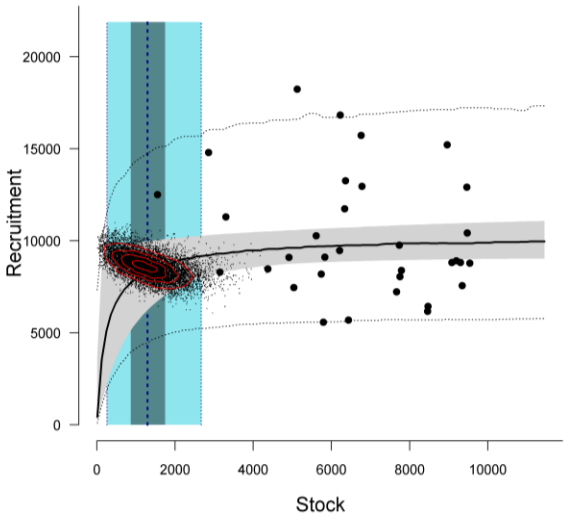
Annexe IV : Modèles stock-recrutement de Ricker et de Beverton-Holt (BH) avec approche bayésienne par rivière, incluant la distribution des résidus pour chacun des modèles.

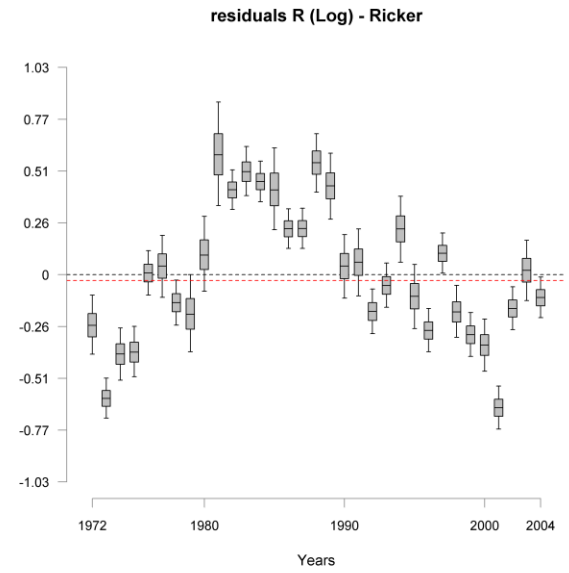
Rivière Bonaventure

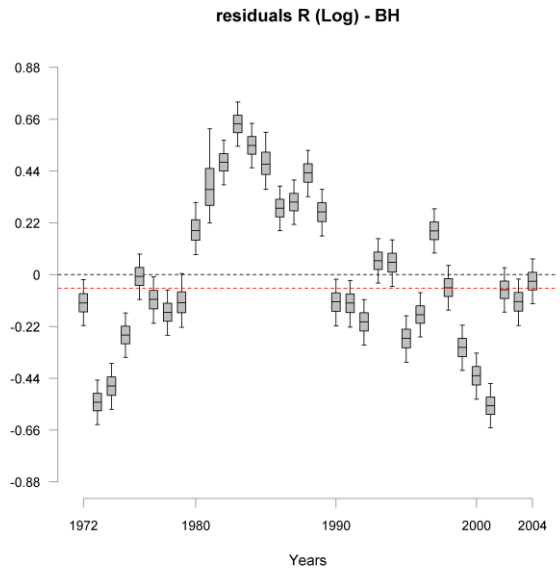
Ricker



Beverton-Holt

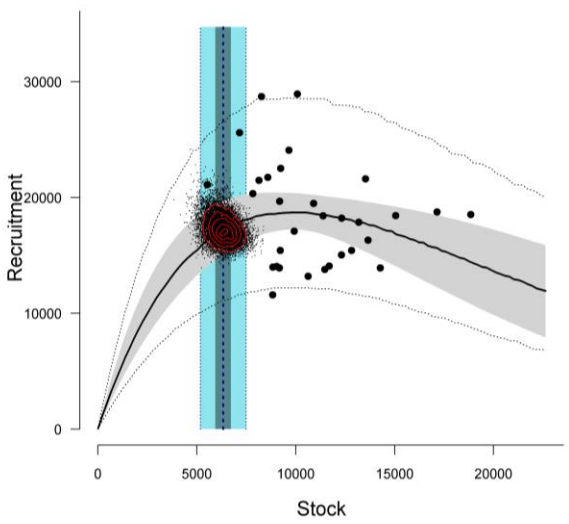




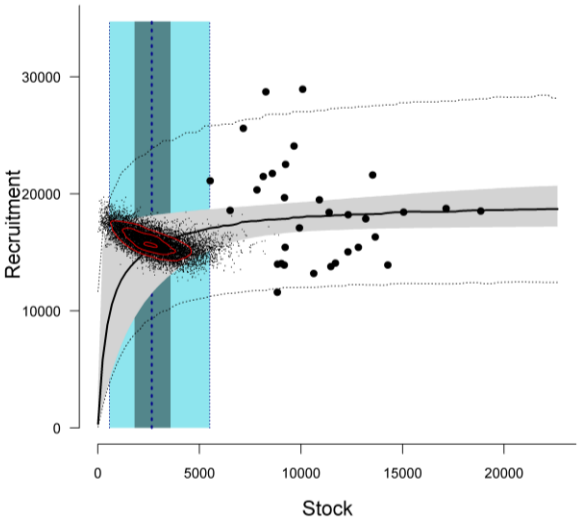


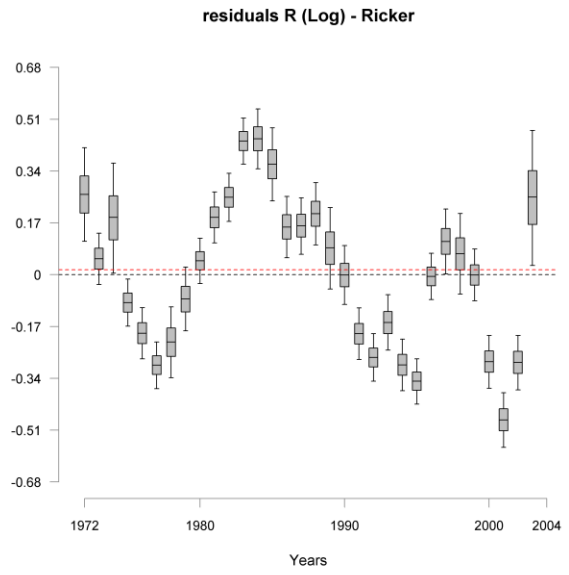
Rivière Cascapédia

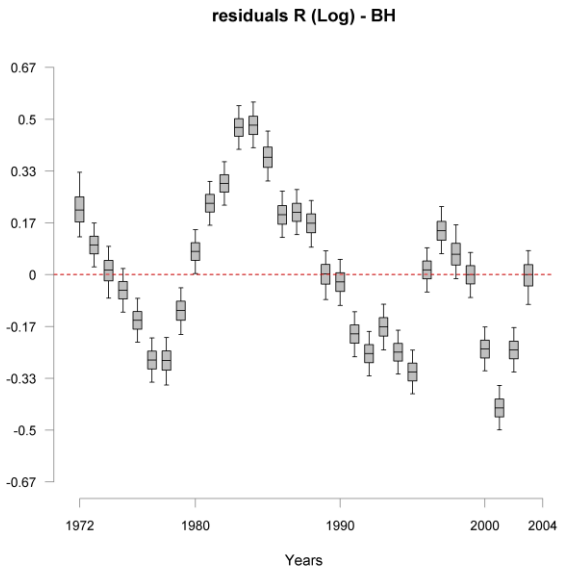
Ricker



Beverton-Holt

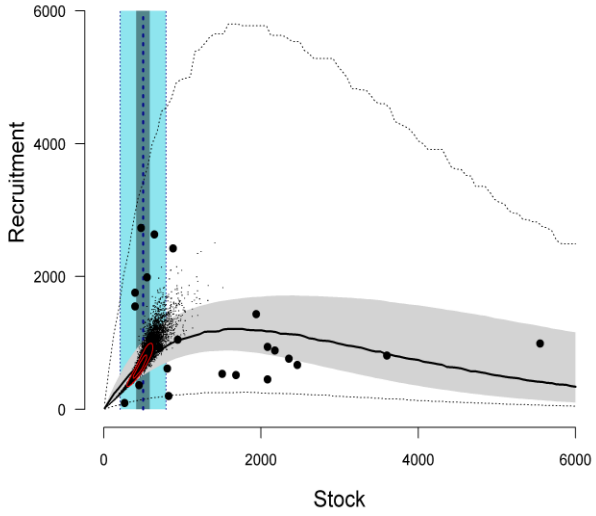




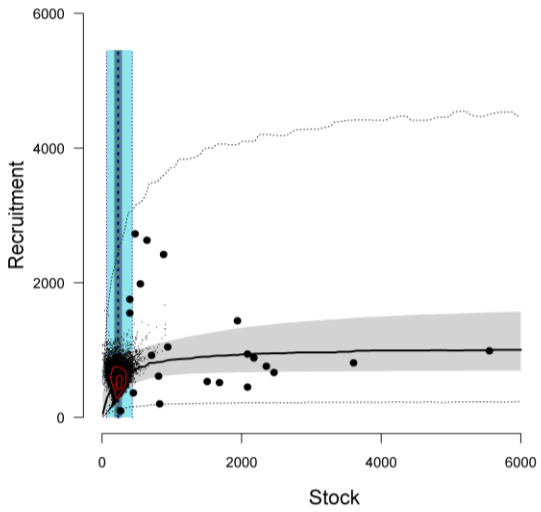


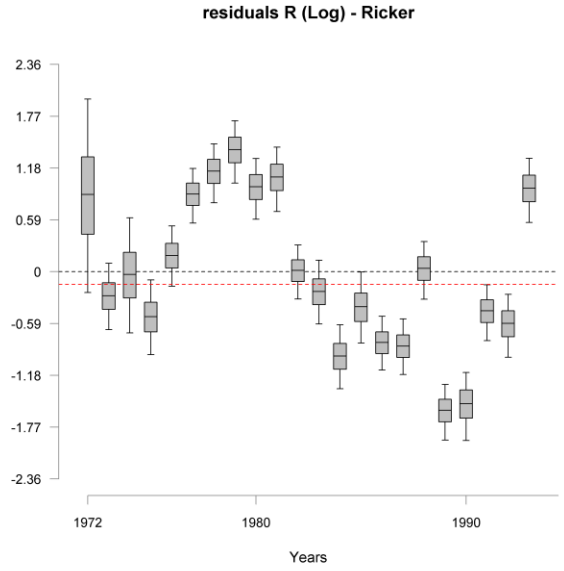
Rivière Chaloupe

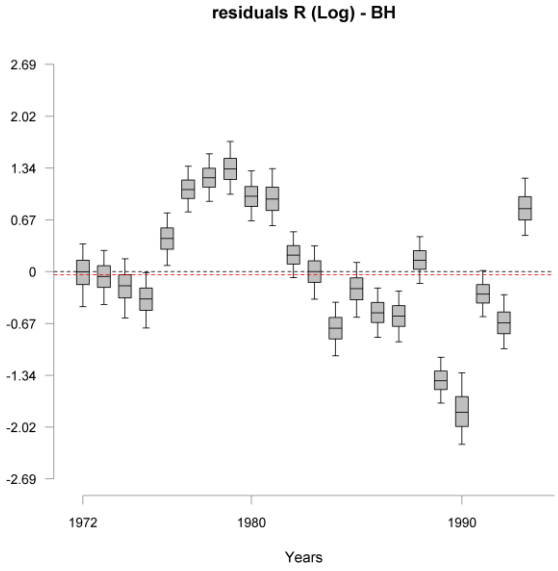
Ricker



Beverton-Holt

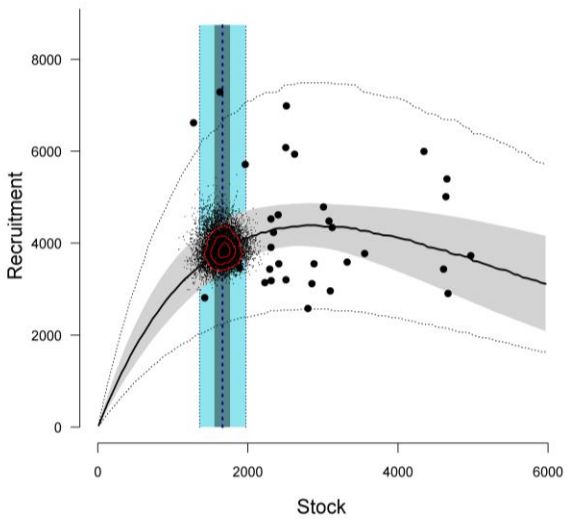




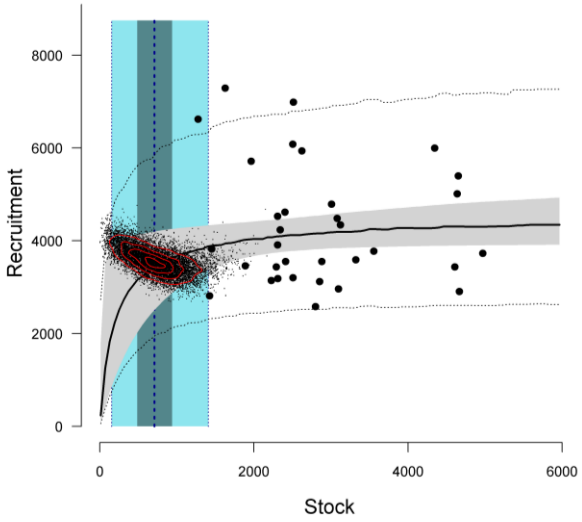


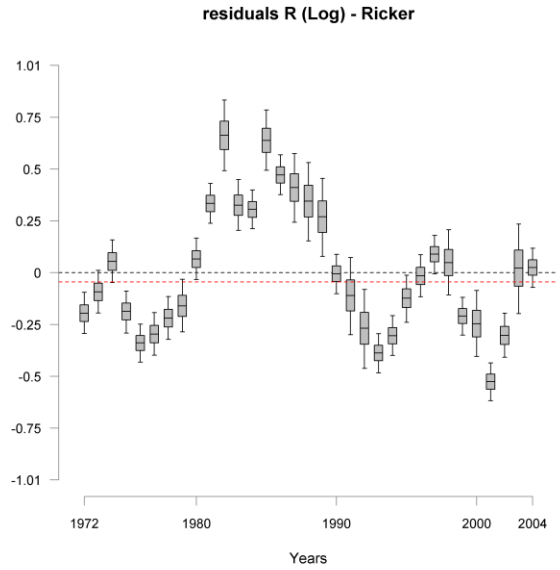
Rivière Dartmouth

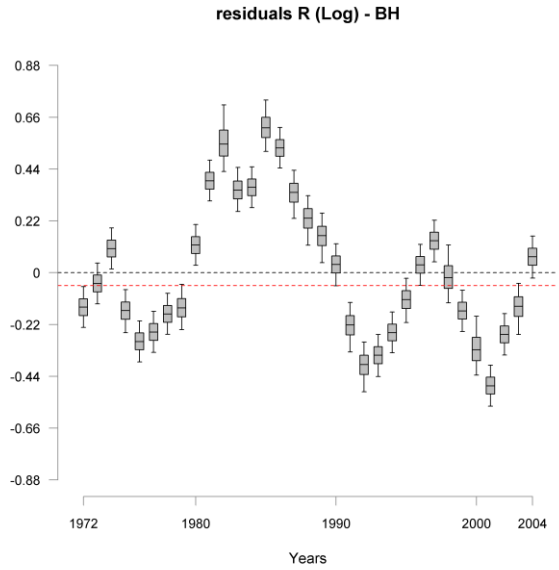
Ricker



Beverton-Holt

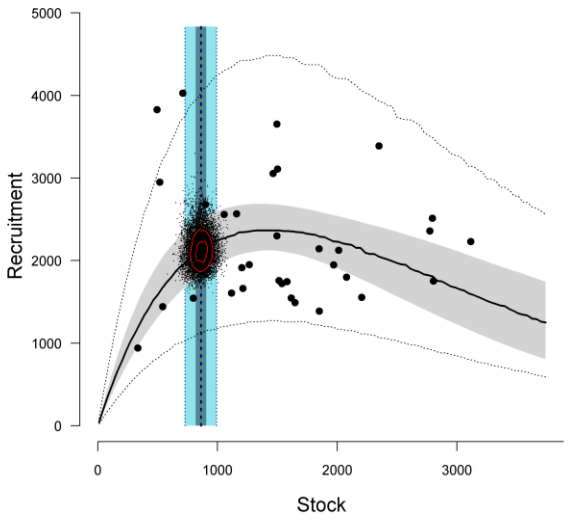




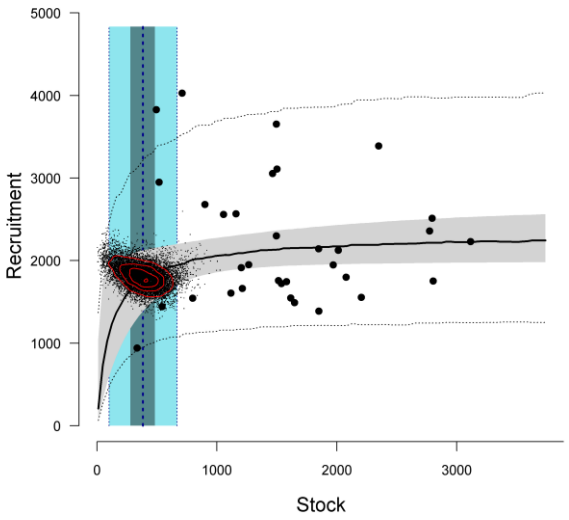


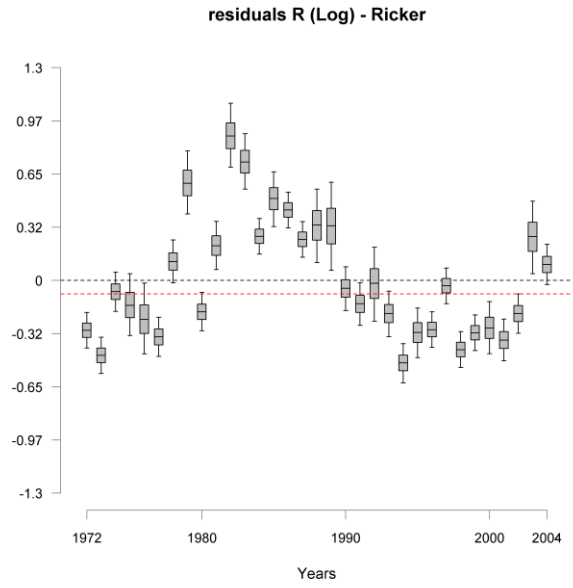
Grande-Rivière

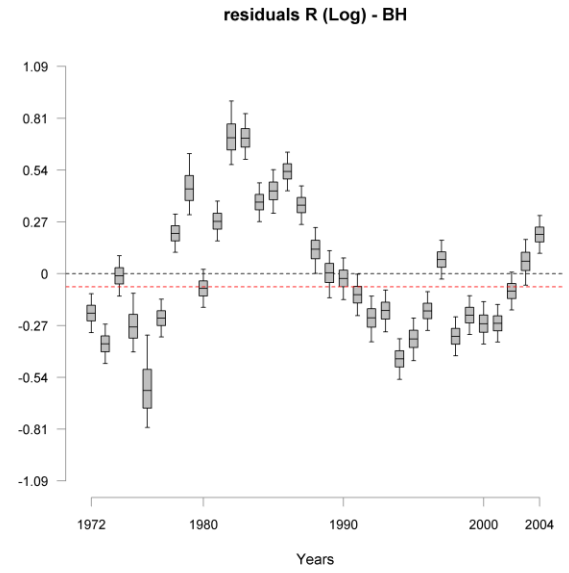
Ricker



Beverton-Holt

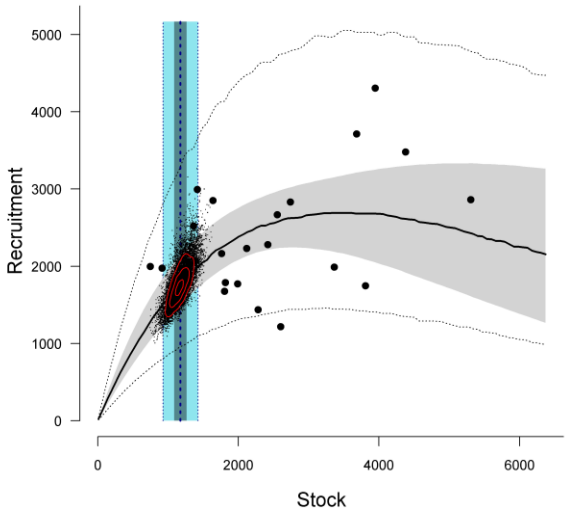




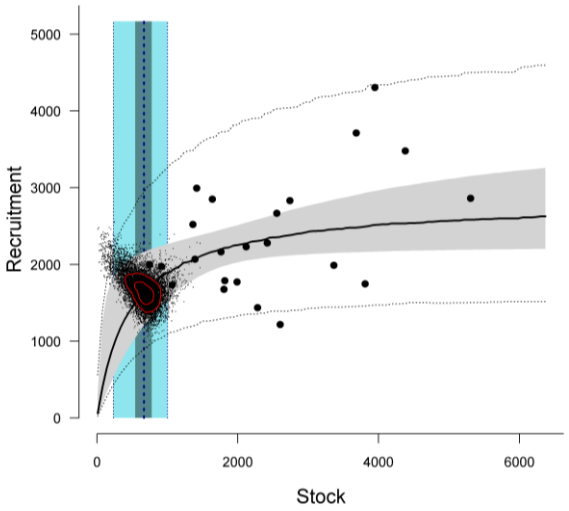


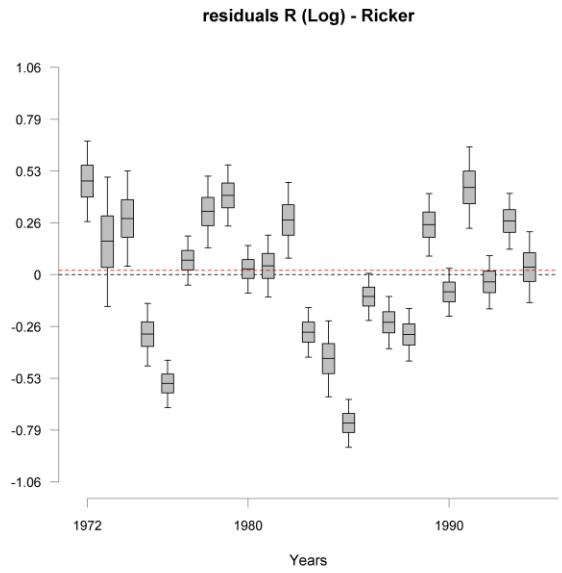
Rivière Jupiter

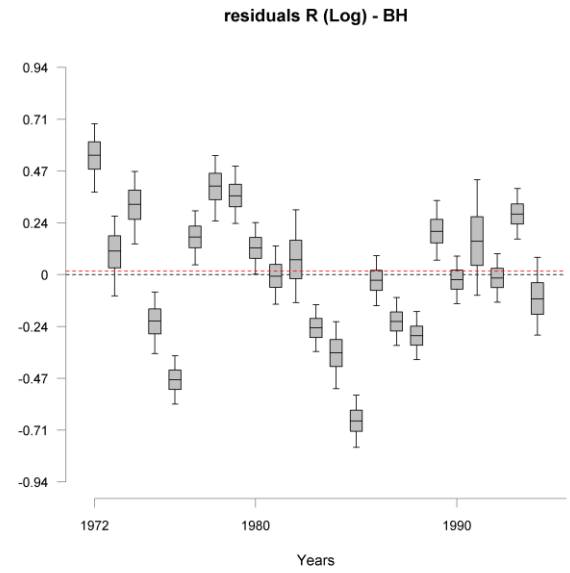
Ricker



Beverton-Holt

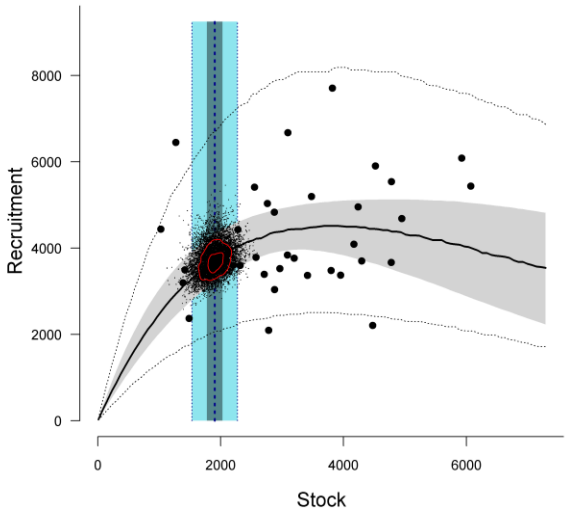




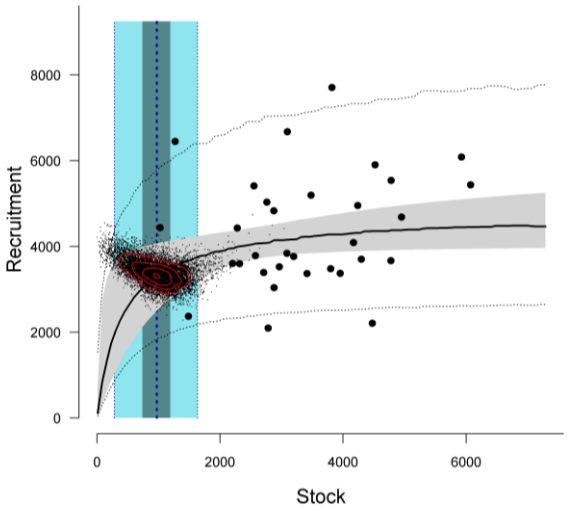


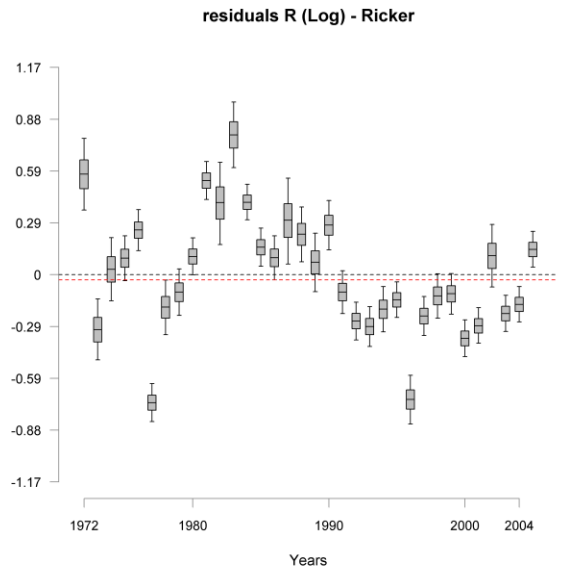
Rivière Madeleine

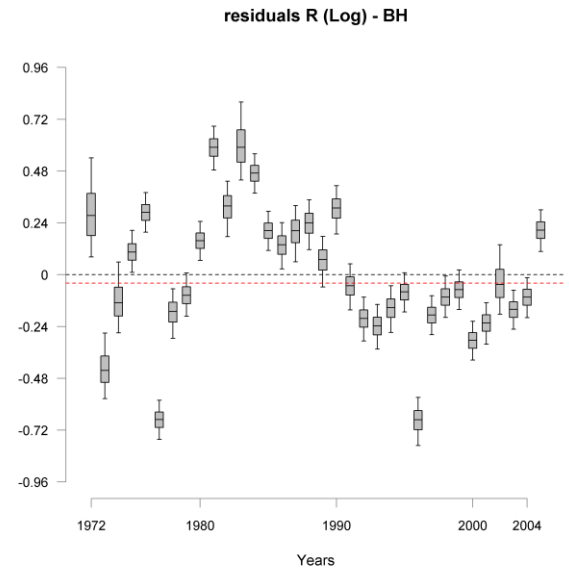
Ricker



Beverton-Holt

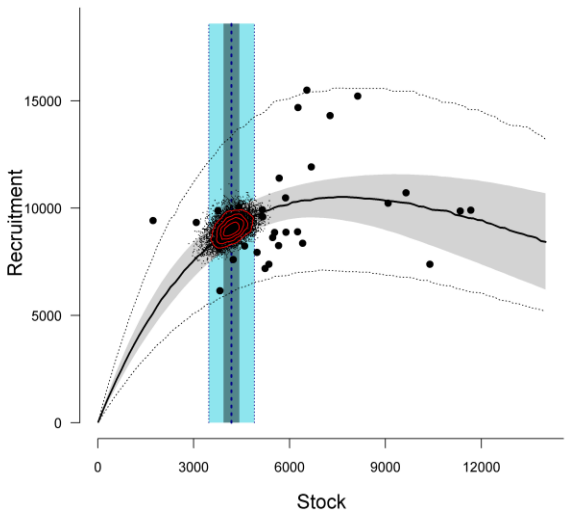




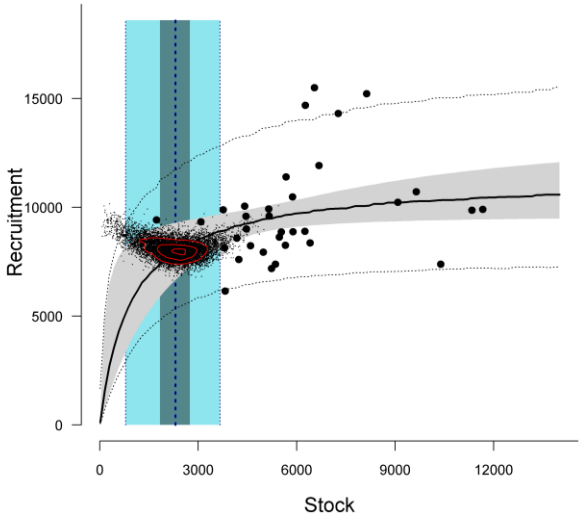


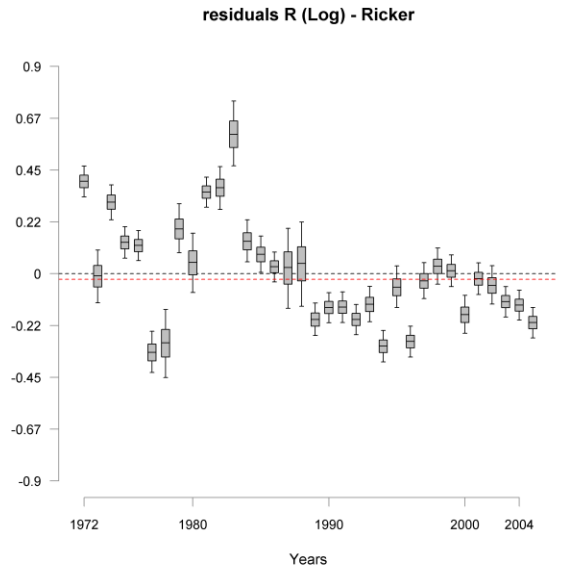
Rivière Matane

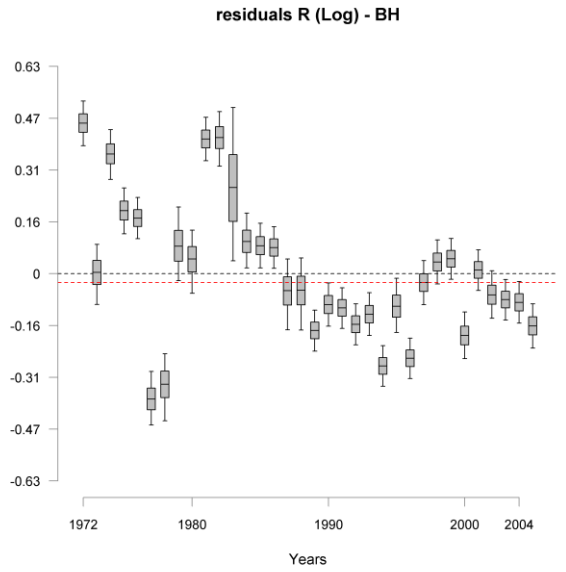
Ricker



Beverton-Holt

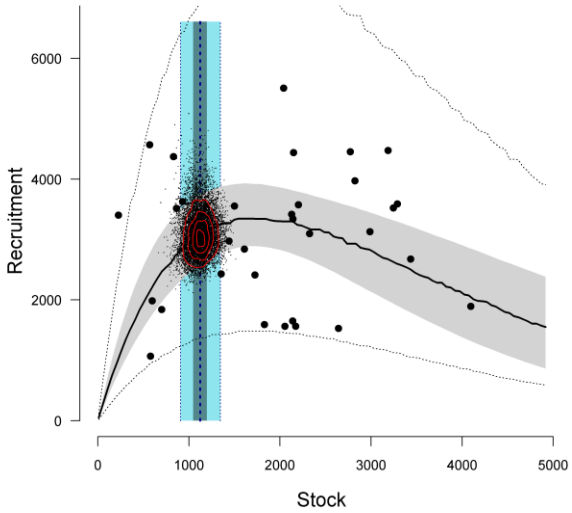




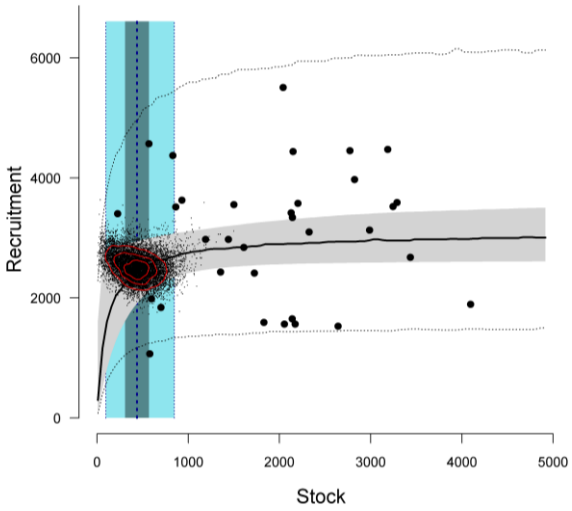


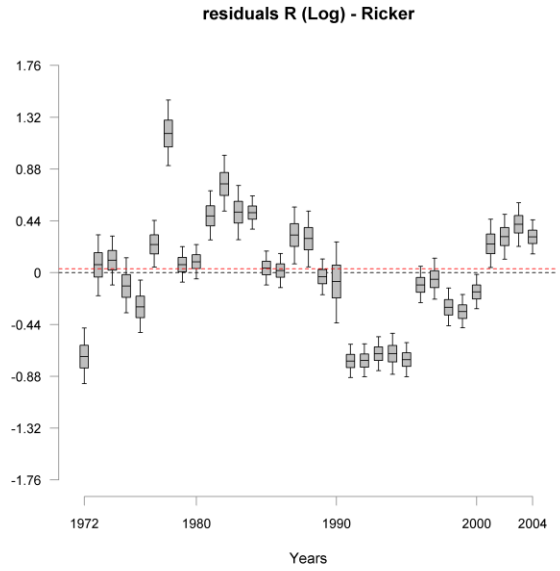
Rivière Sainte-Anne

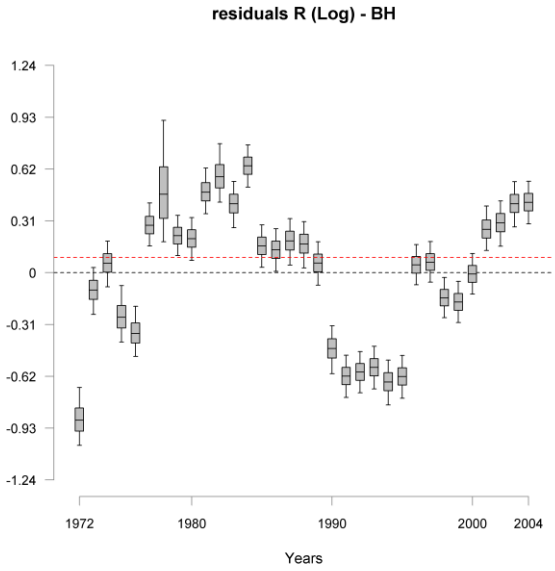
Ricker



Beverton-Holt

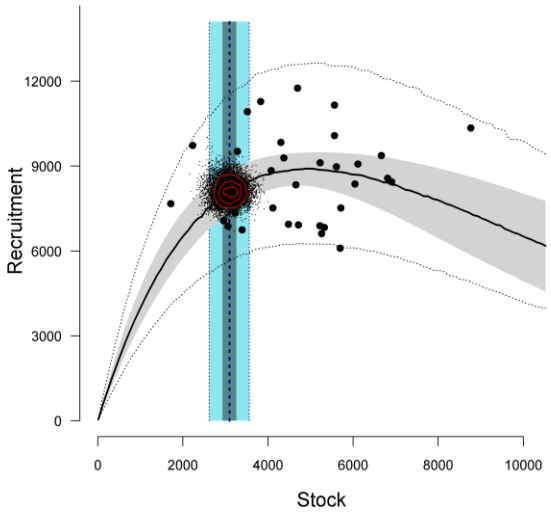




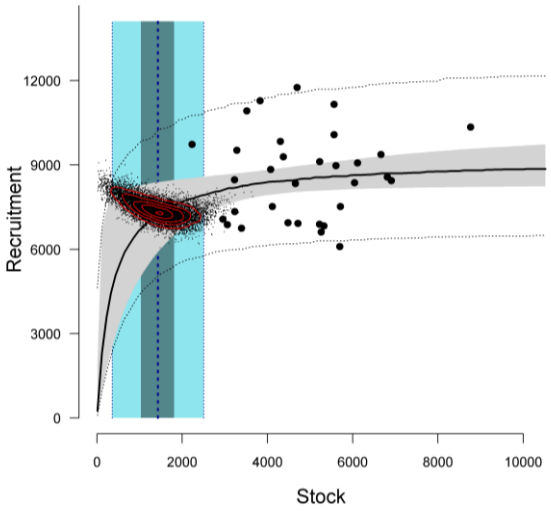


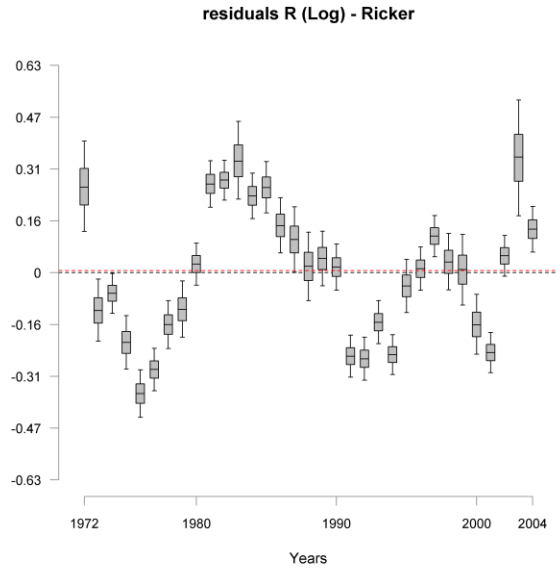
Rivière York

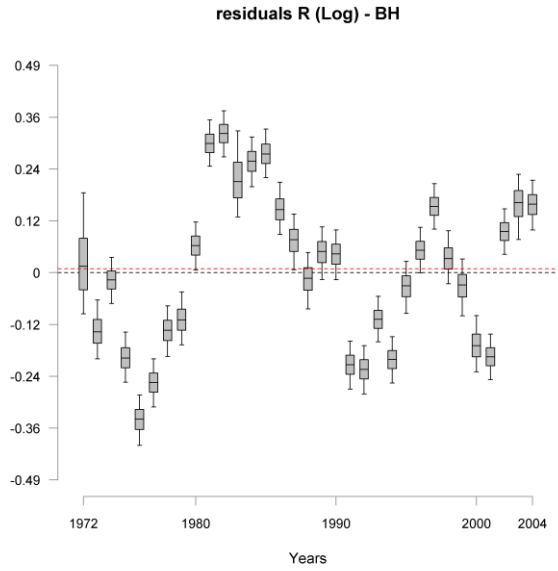
Ricker



Beverton-Holt

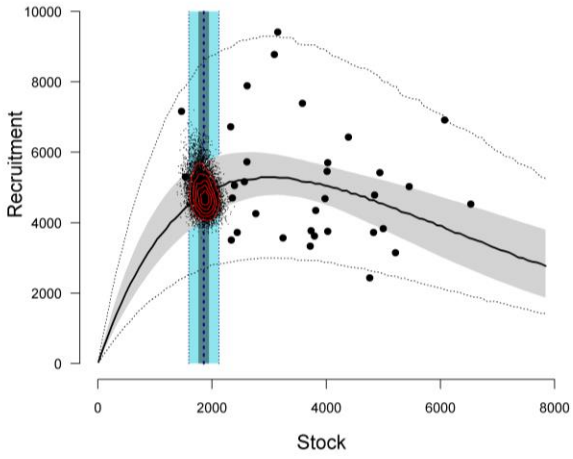




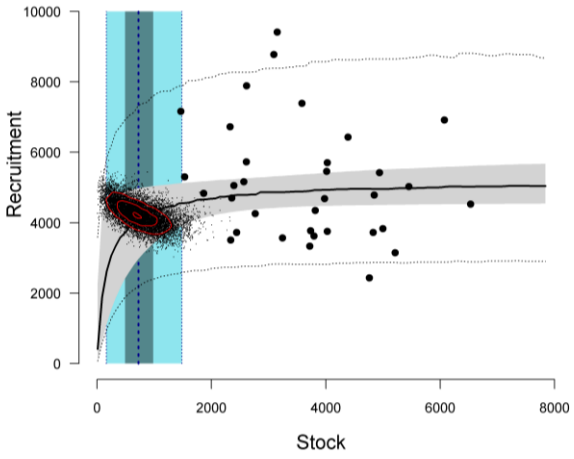


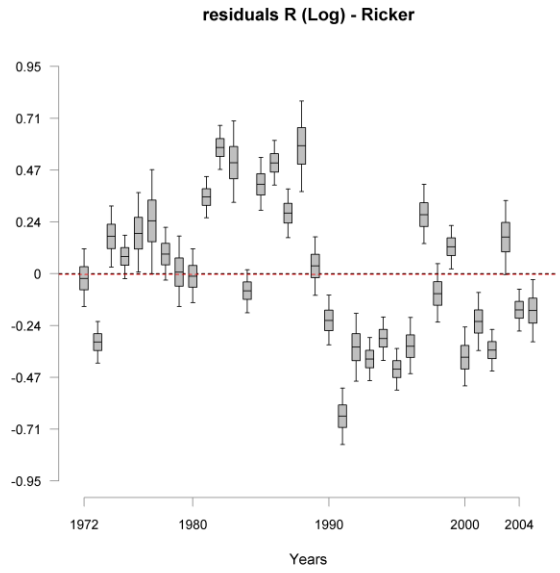
Rivière Saint-Jean

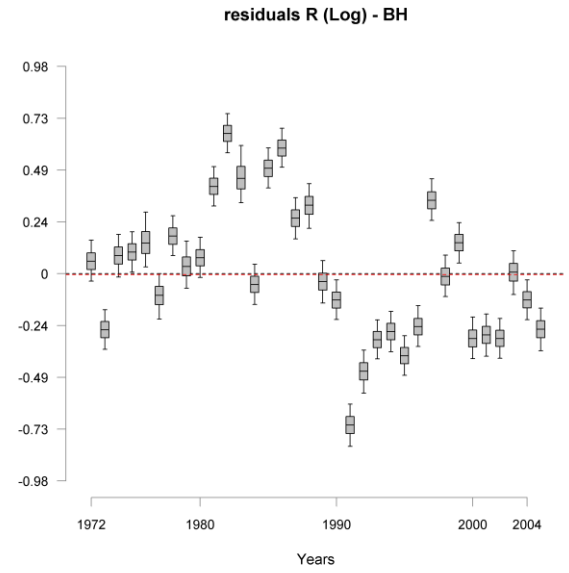
Ricker



Beverton-Holt

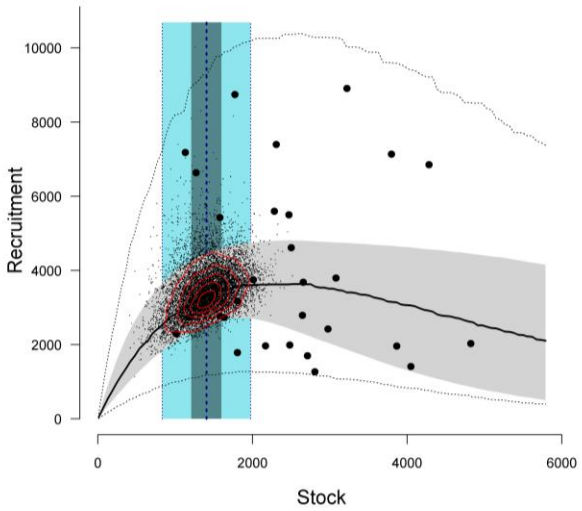
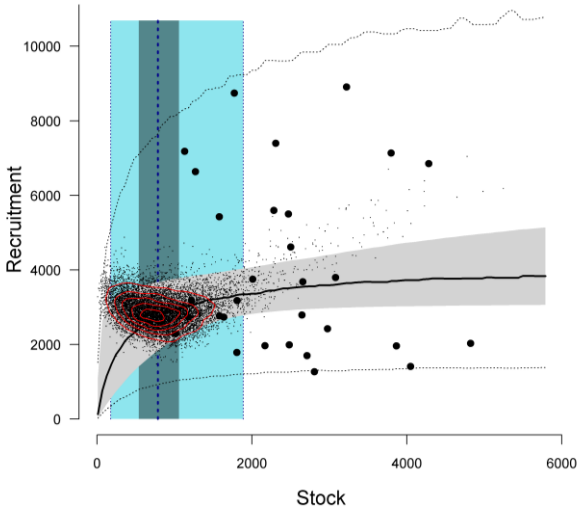
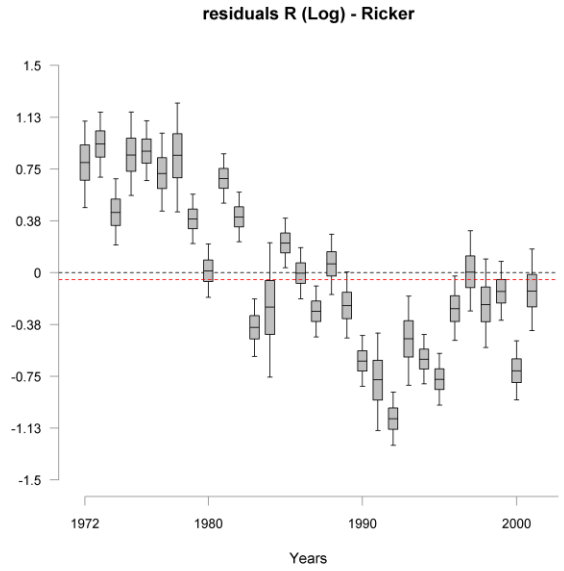
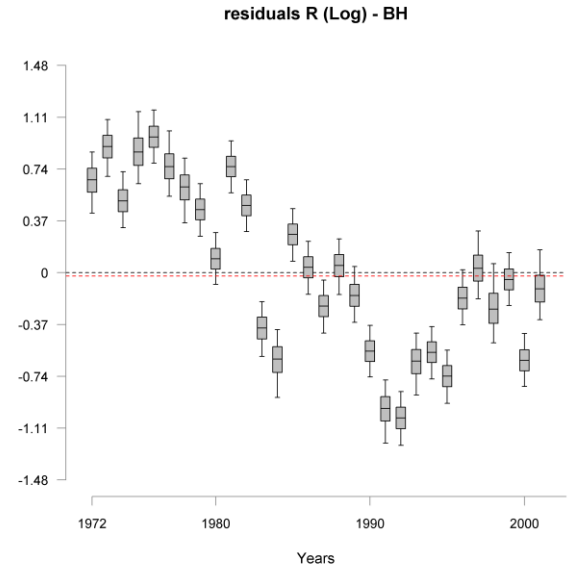






Rivière Trinité

Ricker



Beverton-Holt