

Evaluation et suivi de l'état génétique des populations de saumon atlantique au Québec : rapport scientifique années 2010 à 2012

Charles Perrier, Melanie Dionne, Guillaume Côté, Louis Bernatchez

► **To cite this version:**

Charles Perrier, Melanie Dionne, Guillaume Côté, Louis Bernatchez. Evaluation et suivi de l'état génétique des populations de saumon atlantique au Québec : rapport scientifique années 2010 à 2012. Direction de la faune aquatique. 2013, pp.1-73. hal-02921523

HAL Id: hal-02921523

<https://hal.inrae.fr/hal-02921523>

Submitted on 25 Aug 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



ÉVALUATION ET SUIVI DE L'ÉTAT GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS DE SAUMON ATLANTIQUE AU QUÉBEC

RAPPORT SCIENTIFIQUE ANNÉES 2010 À 2012

Septembre 2013
Direction de la faune aquatique

*Développement durable,
Environnement,
Faune et Parcs*

Québec 

Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats

**ÉVALUATION ET SUIVI DE L'ÉTAT GÉNÉTIQUE DES
POPULATIONS DE SAUMON ATLANTIQUE AU QUÉBEC
RAPPORT SCIENTIFIQUE — ANNÉES 2010 À 2012**

Charles Perrier
Mélanie Dionne
Guillaume Côté
et
Louis Bernatchez

Ministère du Développement durable, de l'Environnement,
de la Faune et des Parcs
Secteur Faune

Septembre 2013

Réalisation

Analyses et rédaction : Charles Perrier, post-doctorant¹
Mélanie Dionne, biologiste chercheure²
Louis Bernatchez, professeur chercheur¹

Analyses génétiques : Guillaume Côté, professionnel de recherche¹

Échantillonnages et collaborations: Richard Audy, technicien de la faune
Valérie Bujold, biologiste
François Barnard, agent de recherche et de planification socioéconomique
François-Alexis Behm, technicien de la faune
Amélie Bérubé, biologiste
Guy Biron, technicien de la faune
Marcel Castilloux, technicien de la faune
Vanessa Cauchon, technicienne de la faune
William Cayer-Blais, technicien de la faune
Daniel Dorais, technicien de la faune
Nicolas Gagné, technicien de la faune
Karine Gagnon, biologiste
Monique Godin, technicien de la faune
Serge Gravel, technicien de la faune
Nicolas Harnois, technicien de la faune
René Isabel, technicien de la faune
Mathieu Joubert, technicien de la faune
Alain Lapointe, technicien de la faune
Charlène Lavallée, biologiste
Denis Lavergne, technicien de la faune
Alain Lehoux, technicien de la faune
Mathieu McCann, technicien de la faune
Sylvain Pelletier, technicien de la faune
Jérôme Plourde, biologiste
Daniel Poirier, biologiste
Sébastien Ross, biologiste
Yanick Soulard, technicien de la faune
Marc Talbot, technicien de la faune
Jean Tanguay, technicien de la faune
Benoît Thomas, biologiste
Marc Valentine, biologiste
Alain Vallières, technicien de la faune

Remerciements : Marie-Michelle Bertrand, stagiaire
Stéphanie Boily, étudiante
Alexandre Brousseau, étudiant
Kariane Filion, étudiante
Roxanne Hamel, étudiante
Mélanie Laflèche, étudiante
Émilie Lebel, étudiante
Amélie Levert-Rossignol, étudiante
Jean-Sébastien Messier, étudiant
Mireille Ouellet, Corporation du Saumon de la Rivière
Malbaie
Nicolas Parent, étudiant
Isabelle Saint-Loup, étudiante

Conception graphique : Charles Perrier

Lecture d'écailles : Denise Deschamps, technicienne de la faune

Traitement de texte : Vanessa Cauchon

¹ Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS)
Pavillon Charles-Eugène-Marchand, Université Laval
Québec G1V 0A6
Téléphone : 418 656-3402
Télécopieur: 418 656-7176
Courriel : charles5perrier@gmail.com, louis.bernatchez@bio.ulaval.ca,
Guillaume.Cote@giroq.ulaval.ca

²Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs
Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats
Direction de la faune aquatique
880, chemin Sainte-Foy, Québec (Québec) G1S 4X4
Téléphone : 418 627-8694
Télécopieur : 418 646 6863
Courriel : melanie.dionne@mrn.gouv.qc.ca

Référence à citer :

PERRIER, C., M. DIONNE, G. CÔTE et L. BERNATCHEZ (2013). *Évaluation et suivi de l'état génétique des populations de saumon atlantique au Québec : rapport scientifique — années 2010 à 2012*, Québec, ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, Direction de la faune aquatique, 57 p.

© Gouvernement du Québec
Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs
Dépôt légal – Bibliothèque et Archives nationales du Québec
ISBN : 978-2-551-25553 (PDF)

RÉSUMÉ

Dans un contexte de changements environnementaux rapides, le suivi serré de populations de poissons de référence est un outil essentiel afin d'évaluer la santé des populations, leur potentiel d'adaptation à un environnement changeant et leur capacité de persistance à long terme. Ce type de suivi permet ultimement d'orienter les mesures de conservation et de gestion selon une optique prédictive, ce qui est primordial dans le cas d'espèces en déclin comme le saumon atlantique. Le présent rapport fait état des résultats des trois premières années du premier suivi génétique instauré pour le saumon atlantique au Québec. L'objectif de cette étude est d'évaluer l'état de santé génétique des populations de saumon atlantique au Québec et de développer des outils génétiques novateurs pour la gestion de cette espèce. Plus particulièrement, ce projet vise à déterminer les risques chez les petites populations concernant la perte de diversité génétique et la probabilité d'extinction. Il vise également à évaluer l'influence des ensemencements passés sur l'intégrité génétique des populations de saumon atlantique indigènes. L'évolution des caractéristiques génétiques de 10 populations modèles de saumon atlantique, provenant de 3 régions génétiques et géographiques distinctes, et ayant des tailles variables de même que des taux d'ensemencement d'intensités faibles à élevés, est suivie au Québec depuis 2010. Également, cinq d'entre elles sont analysées depuis 1958 à intervalles réguliers grâce à l'analyse des écailles historiques du ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs (MDDEFP). De façon générale, la diversité génétique des populations est relativement élevée et stable au cours de la période étudiée, soit de 1958 à 2012, bien qu'elle varie d'une rivière à l'autre. L'étude de la structure génétique indique également une différenciation génétique significative entre les rivières étudiées et une stabilité temporelle de cette structure dans le temps. Toutefois, le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) varie d'une rivière à l'autre et diminue de façon générale depuis les années 1960, en association avec la diminution observée de la taille des populations (N). Les rivières Grand-Pabos, Jacques-Cartier et Laval possèdent les plus faibles nombres de reproducteurs efficaces (N_b) avec des valeurs inférieures à 100, ce qui suggère des niveaux de consanguinité plus élevés et implique d'y porter une attention particulière. Une diminution récente du ratio N_b/N avec l'intensité des ensemencements suggère une augmentation de la consanguinité dans les populations étudiées. Le ratio N_b/N moyen varie de 0,51 à 0,34 de 2010 à 2012, ce qui suggère qu'actuellement, pour une

rivière donnée, moins de la moitié des individus recensés dans une population sont des reproducteurs efficaces. L'ensemble des résultats suggère que lesensemencements effectués dans le passé ont pu avoir un effet cumulatif sur l'intégrité génétique des populations de saumon atlantique en augmentant leur niveau de consanguinité. La poursuite de ce projet permettra d'approfondir le lien entre les différentes méthodes d'ensemencement et leur effet potentiel sur les populations de saumon atlantique, de définir de nouveaux indices de l'état des populations pour la gestion et de mieux comprendre l'évolution des populations à plus long terme.

TABLE DES MATIÈRES

1	INTRODUCTION	1
1.1	Mise en contexte	1
1.2	Objectifs généraux et spécifiques	3
2	METHODOLOGIE.....	5
2.1	Échantillonnage.....	5
2.1.1	Échantillons récents	5
2.1.2	Échantillons historiques.....	5
2.2	Analyses de laboratoire.....	9
2.2.1	Sélection des marqueurs génétiques	9
2.2.2	Extraction de l'ADN.....	9
2.2.3	Amplification des loci microsatellites	10
2.2.4	Migration et détermination du génotype.....	10
2.2.5	Caractéristiques propres aux échantillons historiques	11
2.3	Analyses statistiques des données.....	11
2.3.1	Statistiques descriptives des échantillons	11
2.3.2	Nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et ratio Nb/N.....	12
2.3.3	Structure génétique entre les échantillons historiques	13
3	RÉSULTATS	15
3.1	Volet récent.....	15
3.1.1	Taille des populations étudiées	15
3.1.2	Diversité génétique	15
3.1.3	Nombre de reproducteurs efficaces	19
3.2	Volet historique.....	24
3.2.1	Diversité génétique	24
3.2.2	Structure génétique	25
3.2.3	Nombre de reproducteurs efficaces Nb.....	26
4	DISCUSSION	31
4.1	Indices de diversité génétique.....	31
4.2	Structure génétique des populations	32

4.3	Indices de consanguinité : nombre de reproducteurs efficaces (N_b) et rapport N_b/N_e ..	32
5	CONCLUSION.....	35
	RÉFÉRENCES	37
	ANNEXES	42

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I.	Description des rivières et du nombre d'échantillons analysés dans le cadre du volet historique et du volet récent.....	8
Tableau II.	Nombre de reproducteurs estimés (N), nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et intervalle de confiance à 95 %, et ratio Nb/N pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010.....	20
Tableau III.	FST entre les échantillons successifs et entre tous les échantillons historiques de chacune des cinq rivières. Les FST significativement différents de zéro sont illustrés en gras. Le tableau global des FST est présenté à l'annexe V	25
Tableau IV.	FST global entre les cinq rivières pour les quatre périodes historiques étudiées. Les intervalles de confiance à 5 % et 95 % et les FST minimums et maximums sont indiqués. Toutes les valeurs de FST sont significativement différentes de zéro.....	26
Tableau V.	Nombre de reproducteurs estimés (N), nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et intervalle de confiance à 95 %, et ratio Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010.....	28

LISTE DES FIGURES

Figure 1.	Localisation des 12 rivières échantillonnées dans le cadre du projet de suivi de l'état des populations de saumon atlantique au Québec. Les couleurs des rivières symbolisent leur appartenance à trois régions génétiques déterminées dans Dionne et coll., 2008.....	7
Figure 2.	Nombre de reproducteurs estimé (N) sur les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010 (rivières triées par N moyen croissant)	16
Figure 3.	Richesse allélique (Ar) dans les 12 populations étudiées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010	17
Figure 4.	Richesse allélique (Ar) en fonction de l'abondance de géniteurs (N) dans les 12 populations étudiées.....	17
Figure 5.	Richesse allélique moyenne (Ar) pour les trois régions génétiques considérées.....	18
Figure 6.	Richesse allélique moyenne (Ar) pour les deux groupes d'intensité d'ensemencement considérés (faibles ou nuls vs élevés)	18
Figure 7.	Nombre de reproducteurs efficaces (Nb) pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010	21
Figure 8.	Ratio Nb/N pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010.....	21
Figure 9.	Ratio Nb/N moyen en 2008, 2009 et 2010 pour les 10 rivières échantillonnées chaque année (RIM et JCA non considérées).....	22
Figure 10.	Ratio Nb/N moyen pour les trois régions génétiques considérées en 2008, 2009 et 2010.....	22
Figure 11.	Ratio Nb/N moyen pour les années 2008, 2009 et 2010 pour les deux groupes d'intensité d'ensemencement considérés (faibles ou nuls vs élevés).....	23

Figure 12. Régression linéaire entre le ratio Nb/N et le nombre d'années où il y a eu ensemencement.....	23
Figure 13. Richesse allélique des cinq rivières analysées historiquement pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010	24
Figure 14. Nb pour les cinq rivières étudiées temporellement pour les années 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010.....	29
Figure 15. Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010.....	29
Figure 16. Évolution du N, du Nb et du Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010.....	30

LISTE DES ANNEXES

- Annexe I Informations sur les 15 loci utilisés pour la caractérisation génétique des individus génotypés. Les marqueurs utilisés dans Dionne et coll. (2008) sont également identifiés.
- Annexe II Protocole utilisé pour les extractions d'ADN des échantillons
- Annexe III Protocole utilisé pour les amplifications et la migration sur capillaires des loci microsatellites
- Annexe IV Richesse allélique (A_r), hétérozygotie attendue et observée (H_E , H_O).
- Annexe V Matrice des F_{ST} entre les échantillons historiques

1 INTRODUCTION

1.1 Mise en contexte

Le saumon atlantique, espèce emblématique de la pêche sportive au Québec, revêt une importance sociale, culturelle et économique, en plus d'avoir un rôle clé sur le plan biologique. Depuis les années 1970, on observe un déclin démographique marqué de plusieurs populations dans toute l'aire de distribution de l'espèce, et ce, malgré les efforts de conservation (CIEM, 2012). Le taux de mortalité des saumons adultes semble être particulièrement important lors de la période de migration en mer et différents facteurs pourraient être responsables de ce déclin. Les changements anthropiques et climatiques, notamment la pollution, les changements de température de l'eau, les changements dans la chaîne trophique et la pêche, sont des facteurs identifiés comme ayant une influence sur l'abondance de cette espèce (Hansen et Quinn, 1998).

Dans un contexte de changements anthropiques et environnementaux rapides, la biodiversité, et plus particulièrement la diversité génétique, est particulièrement importante pour assurer la viabilité des populations (Frankham et coll., 2002). En effet, la diversité génétique des populations naturelles permet une plus grande adaptabilité aux changements du milieu, réduit les effets nuisibles de la consanguinité associés à la fécondité et à la survie et diminue ainsi le risque d'extinction (Frankham et coll., 2002; Frankham, 2005). Dans une optique de conservation et de gestion moderne, il importe de comprendre comment les populations fauniques s'adaptent aux fluctuations du milieu pour ainsi prévoir les répercussions potentielles et effectuer une gestion avant-gardiste des espèces sensibles, telles que les populations de saumon atlantique. Pour ce faire, un suivi serré de populations de référence permet de mieux comprendre comment les populations s'adaptent au milieu changeant et comment elles réagissent aux perturbations environnementales (Charlier et coll., 2012; Glover et coll., 2012; Perrier et coll., 2013). Ce type de suivi peut également permettre d'évaluer la probabilité de survie des populations à plus long terme et d'orienter les mesures de conservation et de gestion selon une optique prédictive.

Au Québec, un suivi des caractéristiques phénotypiques et des taux de survie est effectué depuis le début des années 1980 sur deux populations témoins de saumon atlantique. Ces données ainsi

que d'autres, amassées au cours des dernières décennies, ont permis au Ministère d'instaurer, à la fin des années 1990, une approche de gestion fiable basée sur la dynamique connue des populations de saumon atlantique. Cette approche, basée sur la dynamique « stock-recrutement », suppose que l'abondance des populations dépend de la densité des reproducteurs dans une population. Toutefois, étant donné la faible abondance de plusieurs populations de saumon atlantique dans l'est du Canada actuellement, la densité des populations ne représente pas toujours le facteur limitant l'expansion des populations. En effet, chez les petites populations et chez celles ayant reçu desensemencements, les composantes génétiques peuvent limiter la reprise des populations et influencer leur probabilité de persistance à long terme. Il importe donc de compléter le suivi actuel par un suivi sur la santé génétique des populations de saumon atlantique au Québec afin d'évaluer l'intégrité actuelle des stocks et leur potentiel de persistance à long terme.

Le présent rapport représente le bilan des trois premières années d'un projet de suivi qui vise à évaluer l'état de santé génétique des populations de saumon atlantique au Québec, et de développer des outils génétiques novateurs pour la gestion de cette espèce. Ceux-ci permettront de comparer l'état historique et actuel des populations et d'évaluer leur potentiel de persistance à long terme selon leur taille et leur taux d'ensemencement. Plus particulièrement, ce projet vise à déterminer les risques de perte de diversité génétique chez les petites populations et la probabilité d'extinction. Il vise également à évaluer l'influence desensemencements, effectués depuis plusieurs décennies, sur le maintien de la diversité génétique des populations de saumon atlantique indigènes. Les résultats permettront d'orienter le ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs du Québec vers une gestion prédictive des stocks et seront indispensables pour mettre à jour le plan de gestion et d'exploitation du saumon atlantique en fonction des nouvelles réalités, et ce, dans une perspective durable au bénéfice des pêcheurs sportifs.

1.2 Objectifs généraux et spécifiques

S'insérant dans le plan de gestion du saumon atlantique, la présente étude a pour objectif principal le développement d'outils génétiques pour l'évaluation et le suivi de l'état des populations de saumon atlantique au Québec.

Les objectifs généraux de ce projet sont les suivants :

- afin de vérifier le degré de stabilité génétique chez les petites populations, caractériser l'évolution temporelle des indices d'intégrité génétique selon la taille des populations de saumon atlantique;
- afin d'évaluer l'impact génétique desensemencements passés sur les petites et les grandes populations, caractériser l'évolution temporelle des indices d'intégrité génétique selon le niveau d'ensemencement des populations.

Les objectifs spécifiques, basés sur l'étude d'échantillons historiques et récents de 1958 à 2012, sont les suivants :

- caractériser la diversité génétique actuelle de 10 populations modèles de saumon atlantique (+2 rivières supplémentaires en 2011; $n = 100$ individus par rivière; 15 marqueurs microsatellites);
- caractériser la diversité génétique historique de 5 populations de saumon atlantique parmi les 10 populations modèles étudiées ($n = 50$ individus par rivières pour 4 années de dépose d'œufs 1958, 1977, 1991 et 2003, 15 marqueurs microsatellites);
- effectuer les analyses statistiques pertinentes au projet, à savoir le calcul des indices de diversité génétique (richesse allélique et hétérozygotie), la quantification du nombre de reproducteurs efficaces (N_b) et le ratio N_b/N ;
- caractériser l'évolution à court et à moyen terme de ces indices de diversité, du N_b et du ratio N_b/N ;
- caractériser l'évolution à moyen terme de la structure génétique entre les cinq rivières et au sein de celles-ci, caractérisées à l'aide d'échantillons historiques;
- évaluer les liens entre la taille des populations et leur diversité génétique, leur nombre de reproducteurs efficaces et l'évolution de ces caractéristiques;

- évaluer l'impact desensemencements chez les petites et les grandes populations de saumon atlantique, sur la diversité, le Nb et le ratio Nb/N.

2 MÉTHODOLOGIE

2.1 Échantillonnage

2.1.1 Échantillons récents

Les échantillons de saumon atlantique, tacons 1+, ont été récoltés par pêche électrique au cours des étés 2010, 2011 et 2012 dans les 10 rivières modèles, ainsi que dans les rivières Rimouski et Jacques-Cartier uniquement pour l'été 2011 (tableau I, figure 1). Ces tacons âgés 1+ au moment de l'échantillonnage sont issus des années de reproduction 2008, 2009 et 2010, respectivement. Ces 10 rivières ont été sélectionnées en fonction de plusieurs critères, dont l'abondance des adultes (N), leur taille efficace (N_e) calculée à partir d'adultes échantillonnés en 2004 (M. Dionne, comm. pers.), leur niveau d'ensemencement depuis 1984 et la disponibilité d'écailles historiques durant les années 1958 à 2000. Dans le cadre de cette étude, les rivières ont été classées *a priori* en deux groupes selon leur taille efficace en 2004 ($N_e < 100$: petite, $N_e > 100$: grande). Également, les rivières ont été classées en deux groupes selon leur niveau d'ensemencement (faible, soit < 12 années d'ensemencement et élevé, soit > 16 années d'ensemencement). Les données d'ensemencement ont été tirées de la banque de données historiques d'ensemencement du MDDEFP.

2.1.2 Échantillons historiques

Les échantillons historiques sont des écailles ayant été prélevées sur des saumons adultes capturés à la ligne sur les rivières Trinité, Godbout, Sainte-Marguerite, Matane et Saint-Jean, et conservées au MDDEFP (tableau I, figure 1). Ces échantillons étaient conservés dans des enveloppes en papier. Ces rivières ont été sélectionnées parmi les rivières modèles en fonction de plusieurs critères, dont leur localisation, l'abondance des adultes (N), leur taille efficace (N_e) calculée à partir d'adultes échantillonnés en 2004 (M. Dionne, comm. pers.), leur niveau d'ensemencement depuis 1984 et la disponibilité d'écailles pour une étude rétrospective. Les écailles ont été collectées sur des adultes effectuant leur montaison en rivière en 1964-65, 1982-83, 1996-97 et 2008. Ces géniteurs étaient pour la plupart issus des reproductions des années 1958, 1977, 1991 et 2003. Ces années ont été choisies pour couvrir la plus longue période

possible et obtenir un intervalle relativement similaire entre les périodes analysées, tout en considérant la nécessité d'échantillonner les mêmes années pour les cinq rivières. En tout, 1 049 saumons ont été sélectionnés, soit de 39 à 55 individus par rivière et par année, pour une moyenne de 52.

Figure 1. Localisation des 12 rivières échantillonnées dans le cadre du projet de suivi de l'état des populations de saumon atlantique au Québec. Les couleurs des rivières symbolisent leur appartenance à trois régions génétiques déterminées dans Dionne et coll., 2008.

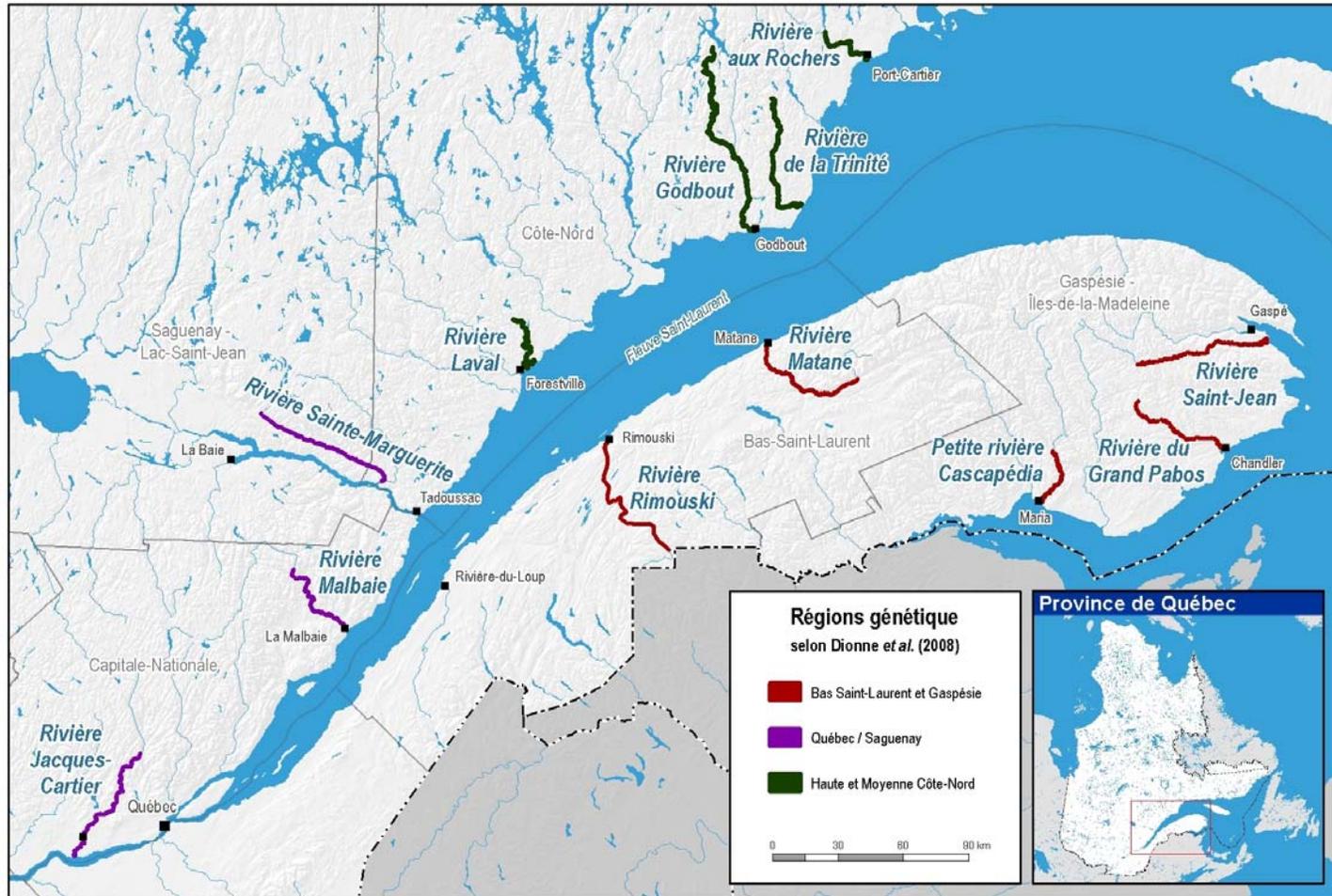


Tableau I. Description des rivières et du nombre d'échantillons analysés dans le cadre du volet historique et du volet récent

Rivières	Abréviation	Région*	Taille efficace**	Niveau d'ensemencement	N Volet historique***				N Volet récent***		
					1958	1977	1991	2003	2008	2009	2010
Petite Cascapédia	PCA	6	petite	élevé					98	94	100
Grand Pabos	GPA	6	petite	faible					64	100	97
Matane	MAT	6	grande	faible	55	55	54	53	92	99	100
Saint-Jean	SJE	6	grande	faible	51	55	39	52	87	100	94
Rimouski	RIM	6	à déterminer	élevé						100	
Jacques-Cartier	JCA	5	grande	élevé						101	
Malbaie	MAL	5	petite	élevé					43	99	100
Sainte-Marguerite	SMA	5	grande	élevé	55	53	54	53	96	100	99
Laval	LAV	4	petite	faible					60	95	95
Godbout	GOD	4	petite	élevé	53	48	52	54	99	100	97
Trinité	TRI	4	grande	nul	54	51	54	54	98	100	100
Aux Rochers	ROC	4	grande	élevé					54	99	97

* Groupes génétiques régionaux identifiés selon Dionne et coll., 2008. 6 = Bas-Saint-Laurent et Gaspésie, 5 = Québec et Saguenay et 4 = Haute et Moyenne Côte-Nord.

** Tailles efficaces déterminées par Dionne et coll. (comm. pers).

*** Les années correspondent aux années de reproduction.

2.2 Analyses de laboratoire

2.2.1 Sélection des marqueurs génétiques

La sélection des marqueurs génétiques à utiliser est une étape déterminante pour l'atteinte des objectifs d'un projet. Chaque type de marqueur possède des forces et des limitations et leur importance relative varie en fonction de la problématique étudiée. Les marqueurs microsatellites sont souvent utilisés pour caractériser génétiquement des populations en milieu naturel. Ces marqueurs présentent plusieurs avantages : ils ont des degrés de polymorphisme élevés, ils sont faciles à obtenir et leur analyse est robuste. Ces marqueurs sont en fait des régions du génome qui présentent des séquences de 2 à 4 bases répétées en tandem (p. ex., GATAGATAGATAGATA) et chacune des régions identifiée comme un microsatellite est un locus. Chaque individu possède deux copies distinctes pour chaque locus et chacune de ces copies est appelée « allèle ». Dans le cas des marqueurs microsatellites, c'est le nombre de répétitions de la séquence répétée en tandem qui fait varier la taille en paires de bases des allèles. C'est cette variabilité qui est utilisée pour comparer les individus entre eux. Étant donné que le degré de variabilité est différent pour chaque locus, il est important de choisir des microsatellites ayant une variabilité suffisante pour arriver à caractériser adéquatement la diversité génétique des individus à l'étude et, ainsi, satisfaire correctement aux objectifs et apporter des réponses aussi solides et fiables que possible.

Les marqueurs utilisés pour cette étude présentent un degré de variabilité élevé et amplement suffisant pour satisfaire aux objectifs. Au total, 15 marqueurs microsatellites ont été utilisés et l'information relative à ceux-ci est présentée à l'annexe I.

2.2.2 Extraction de l'ADN

La première étape des manipulations de laboratoire consiste à extraire l'ADN génomique des échantillons de saumon. Cette étape permettra d'isoler l'ADN en solution aqueuse et de procéder aux étapes subséquentes. L'annexe II détaille les différentes étapes de la procédure utilisée dans ce projet. Pour tous les échantillons considérés dans ce rapport, l'ADN a été purifié selon un

protocole d'extraction aux sels (Aljanabi et Martinez, 1997). Tout d'abord, il s'agit de digérer de petits morceaux de nageoire avec une enzyme qui dégrade les protéines, la protéinase K, ce qui a pour effet de libérer l'ADN des cellules. Ensuite, le produit de digestion est purifié à l'aide de différents tampons, ce qui permet d'éliminer les protéines et les sels de la solution et de conserver uniquement l'ADN. Dans ce cas-ci, ce sont des tampons salins qui ont permis d'éliminer la majorité des protéines. Les protéines ont été précipitées par centrifugation à la suite de l'ajout du tampon salin. En prélevant le surnageant, l'ADN, qui est demeuré dans la solution aqueuse, est donc isolé. Par la suite, de l'alcool isopropylique est ajouté à la solution aqueuse, ce qui a pour effet de faire précipiter l'ADN. En centrifugeant les tubes, un culot contenant l'ADN est formé et le surnageant contenant les sels et certaines impuretés est éliminé. Le culot est ultimement nettoyé avec de l'alcool éthylique à 70 % et séché. À la fin des procédures, ce même culot d'ADN est suspendu dans de l'eau et conservé dans des tubes individuels à -20°C .

2.2.3 Amplification des loci microsatellites

La réaction de polymérisation en chaîne (PCR pour « *polymerase chain reaction* ») est l'étape qui consiste à amplifier spécifiquement une région du génome permettant ainsi la visualisation des fragments, dans ce cas-ci, des loci microsatellites. La région copiée est délimitée grâce à deux oligonucléotides qui sont de courts segments d'ADN synthétisés aussi appelés « amorces », dont la séquence est complémentaire à une des deux extrémités du fragment d'ADN recherché. Par la suite, une réaction enzymatique est enclenchée afin de créer une copie du fragment compris entre les deux amorces. Ces étapes sont répétées jusqu'à ce qu'un nombre suffisant de fragments soit créé, permettant ainsi de visualiser la région amplifiée. Les détails techniques et les recettes pour les étapes de l'amplification sont présentés à l'annexe III.

2.2.4 Migration et détermination du génotype

Afin de visualiser les fragments produits lors de la PCR, un séquenceur automatique a été utilisé (ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems Inc.). Le principe des séquenceurs automatiques consiste à faire migrer par électrophorèse les fragments d'ADN au travers d'une matrice de polymère. C'est la force du champ électrique qui fait déplacer les molécules d'ADN chargées négativement. Les fragments d'ADN sont séparés au cours de la migration en fonction

de leur longueur, les fragments plus courts migrant plus rapidement au travers de la matrice de polymère que les fragments plus longs. Les fragments sont visualisés à la fin du parcours de migration à l'aide d'un laser qui détecte les molécules fluorescentes présentes sur les fragments amplifiés (préalablement fixées aux amorces utilisées). En plaçant un standard de taille (solution avec différents fragments de tailles connues) dans chaque puits, la taille de différents allèles peut être déterminée très précisément. Les données relatives aux résultats de migration sont stockées dans des fichiers informatiques.

Le séquenceur ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer a le potentiel de détecter et de discriminer cinq molécules fluorescentes différentes. Ainsi, en portant attention à la taille en paires de bases des 15 loci amplifiés, il a été possible de faire migrer tous les loci dans quatre migrations. Les détails techniques et les recettes pour les étapes de la migration sont présentés à l'annexe III.

Après la migration, la taille des allèles a été déterminée en fonction du standard de taille utilisé à l'aide du logiciel GeneMapper version 4.1. Cela a permis de déterminer le génotype multilocus des individus, c'est-à-dire la composition allélique des individus pour chacun des loci. Dans le cas des microsatellites, les allèles sont identifiés en fonction de leur taille en paires de bases.

2.2.5 Caractéristiques propres aux échantillons historiques

Les analyses réalisées au laboratoire sur les écailles sont similaires à celles effectuées pour le volet récent. Une modification a cependant été apportée à la méthodologie : l'extraction de l'ADN a été effectuée en utilisant une préparation commerciale (Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit 250) en raison de la qualité et de la quantité moindres de l'ADN contenu dans les écailles par rapport aux morceaux de nageoires.

2.3 Analyses statistiques des données

2.3.1 Statistiques descriptives des échantillons

La richesse allélique (A_r) a été calculée pour chaque locus et chaque rivière à l'aide du logiciel HP-Rare (Kalinowski, 2007) en utilisant la méthode de raréfaction implantée dans ce logiciel,

avec un seuil égal à 15 gènes. La richesse allélique représente un indice de diversité génétique à l'échelle populationnelle. Des différences entre les rivières ou entre les échantillons temporels d'une même rivière reflètent des différences de diversité génétique.

L'hétérozygotie observée (H_O) et l'hétérozygotie attendue sans biais (H_E) (HE, Nei, 1978) ont été calculées pour chaque locus et chaque rivière à l'aide du logiciel GENETIX, version 4.05.2 (Belkhir et coll., 2004). L'hétérozygotie est une mesure fondamentale de la diversité génétique au sein des populations. Elle est définie comme la probabilité qu'un individu possède une paire d'allèles qui ne sont pas identiques par descendance. Le déficit en hétérozygotes a été évalué en vérifiant l'hypothèse nulle d'absence de déficit en hétérozygotie par la méthode du test exact de Fisher. Le test a été réalisé pour chaque population à chaque locus et de façon globale (en combinant tous les loci d'une même rivière) à l'aide de GENEPOP version 3.4 option 1 (Raymond et Rousset, 1995) en réalisant 1 000 permutations.

Nous avons évalué la corrélation entre la richesse allélique et le nombre de géniteurs (N) ayant monté la rivière durant l'année considérée. Les données d'abondance (N) utilisées proviennent du *Bilan de l'exploitation du saumon au Québec en 2010* (MDDEFP, <http://www.mrn.gouv.qc.ca/publications/faune/bilan-saumon-2012.pdf>). Pour la rivière Laval, l'abondance des géniteurs représente la moyenne des quatre dernières années où les données sont disponibles (1999-2002). La variation temporelle, de 1958 à 2010, de la richesse allélique a également été testée en utilisant une ANOVA (analyse de la variance).

2.3.2 Nombre de reproducteurs efficaces (N_b) et ratio N_b/N

De façon stricte, la taille effective (N_e) se définit comme la taille d'une « population idéale » pour laquelle on observerait un changement de diversité génétique et un degré de consanguinité comparable à celui observé au sein d'une population réelle. Il s'agit donc d'un des paramètres les plus importants à considérer en génétique de la conservation. Dans le cas présent, les échantillons analysés étaient constitués d'une seule cohorte, les tacons 1+, ce qui permet d'évaluer le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) associé à un événement de reproduction précis alors que la taille effective (N_e) s'estime plutôt sur une génération entière grâce à des

échantillons constitués de plusieurs cohortes. Cette étude présente donc des estimations du nombre de reproducteurs efficaces (N_b), qui représente le nombre de reproducteurs ayant produit la cohorte de juvéniles analysée. Des estimations de N_e , ainsi que le lien entre N_b et N_e , prévoient être évaluées après une génération, soit après cinq années de suivi.

Le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) de chaque rivière a été calculé par une méthode basée sur le déséquilibre de liaison entre les marqueurs microsatellites à l'aide du logiciel LDNe (Waples et Do, 2008) appliquant les récentes améliorations de l'algorithme (Peel et coll., 2013). Les estimations sont réalisées en utilisant la condition de « reproduction aléatoire » et la fréquence allélique minimum de 0,05.

Nous avons également estimé le ratio N_b/N qui permet de comparer le potentiel relatif de maintien de diversité génétique entre rivières de différentes abondances de géniteurs. Ainsi, un ratio N_b/N plus petit suggère qu'une population possède un potentiel moindre de maintien de diversité génétique ainsi qu'une plus grande probabilité de consanguinité, pour une valeur N donnée.

Les variations temporelles, de 1958 à 2010, de N , de N_b et de N_b/N ont été testées en utilisant des ANOVA.

2.3.3 *Structure génétique entre les échantillons historiques*

Dans le contexte de l'étude rétrospective des populations, il est notamment important d'évaluer l'évolution de la distribution de la diversité génétique entre les populations et au sein de celles-ci. Cette distribution de diversité peut notamment être modulée par les forces évolutives que sont la dérive et la migration. La dérive génétique (changement stochastique de la composition génétique au sein d'une population) est négativement corrélée à la taille des populations, ce qui implique des changements plus rapides dans les plus petites populations. La migration est généralement modérée entre les populations de saumon atlantique (Dionne et coll., 2008), ce qui mène à une différenciation relativement stable des populations (Vaha et coll., 2008; Palstra et Ruzzante, 2010). Cependant, de récentes études proposent des modifications particulièrement

élevées de la structure génétique entre les populations de saumon atlantique et au sein de ces dernières, associés aux changements globaux (Valiente et coll., 2010), mais également aux ensemencements (Campos et coll., 2008; Finnegan et Stevens, 2008; Perrier et coll., 2011; Verspoor, 1988; Wang et Ryman, 2001). Ainsi, il apparaît de premières importances de mesurer et de comprendre l'évolution récente de la différenciation génétique au sein des populations et entre ces dernières. On s'attend *a priori* dans le contexte de la présente étude à constater des modifications de la structuration génétique entre les rivières ensemencées et au sein de celles-ci, ainsi qu'au sein des rivières de plus petite taille et entre elles. En l'absence d'ensemencement et pour les populations de grandes tailles, la structure génétique entre les rivières et au sein de celles-ci devrait être plus stable, mais peut néanmoins être influencée notamment par des phénomènes environnementaux. À ce jour, aucune étude n'a été effectuée sur l'évolution génétique historique des populations anadromes de saumon atlantique au Québec pour vérifier ces prédictions.

Le logiciel ARLEQUIN 3.5.1.2 (Excoffier et Lischer, 2010) a été utilisé pour effectuer une AMOVA (analyse de la variance moléculaire) permettant de déterminer le pourcentage de variance entre les rivières et entre les échantillons temporels d'une même rivière. Les indices de fixation F_{ST} , représentant la différenciation génétique entre les populations, ont été mesurés en utilisant le logiciel GENEPOP. Ce même logiciel a été utilisé pour réaliser les tests de significativité des F_{ST} , à l'aide de 1 000 permutations, afin de déterminer si les valeurs observées étaient significativement différentes de 0.

3 RÉSULTATS

3.1 Volet récent

3.1.1 Taille des populations étudiées

La figure 2 illustre les estimations de nombres de géniteurs ayant remonté dans les 12 rivières considérées lors des années 2008, 2009 et 2010 (sauf pour la rivière Laval où une moyenne des années 1999-2002 a été calculée). Les rivières sont classées par nombre de saumons adultes moyen croissant, et ce classement sera conservé pour les figures suivantes. Cette figure illustre les différences de taille entre les populations étudiées, avec des valeurs allant de 92 (Laval) à 1977 (Matane, 2008) et une valeur médiane globale de 616 individus.

3.1.2 Diversité génétique

Les indices de diversité génétique calculés, A_r , H_e et H_o sont résumés à l'annexe IV. L'hétérozygotie attendue moyenne par population varie de 0,81 à 0,87 et est en moyenne de 0,84 pour l'ensemble des populations. Les tests exacts de Fisher indiquent que la plupart des loci ne présentent pas de déficit en hétérozygotes, ni au sein des groupes, ni de façon globale en considérant un seuil de signification de 0,05, à l'exception du loci Alu5. Néanmoins, ce marqueur a été conservé étant donné que les N_b calculés avec et sans ce locus ne montraient pas de différences importantes (résultats non présentés).

La figure 3 présente la richesse allélique moyenne observée aux 15 loci microsatellites pour les échantillons de saumon analysés. Selon la population, la richesse allélique moyenne pour l'ensemble des marqueurs varie de 6,79 à 7,88 allèles, avec une moyenne de 7,34. Cette figure illustre que la richesse allélique varie entre les rivières, mais qu'elle est relativement stable d'une année à l'autre pour une même rivière. En effet, la fluctuation interannuelle moyenne est de 0,02. La figure 4 montre la corrélation entre la richesse allélique et l'abondance de saumons adultes. Il existe une corrélation significativement positive entre le nombre de géniteurs et la richesse allélique. Les figures 5 et 6 présentent la richesse allélique moyenne pour les trois régions génétiques ainsi que pour les deux intensités d'ensemencement considérées. La figure 5 montre

une tendance à l'augmentation de la richesse allélique de la région 4 à la région 6. La figure 6 montre une tendance à l'augmentation de la richesse allélique avec l'intensité d'ensemencement. Cependant, bien que l'analyse de variance (ANOVA) révèle des différences significatives de richesse allélique entre les rivières, aucune différence significative entre les régions, les intensités d'ensemencement et les années n'a été observée.

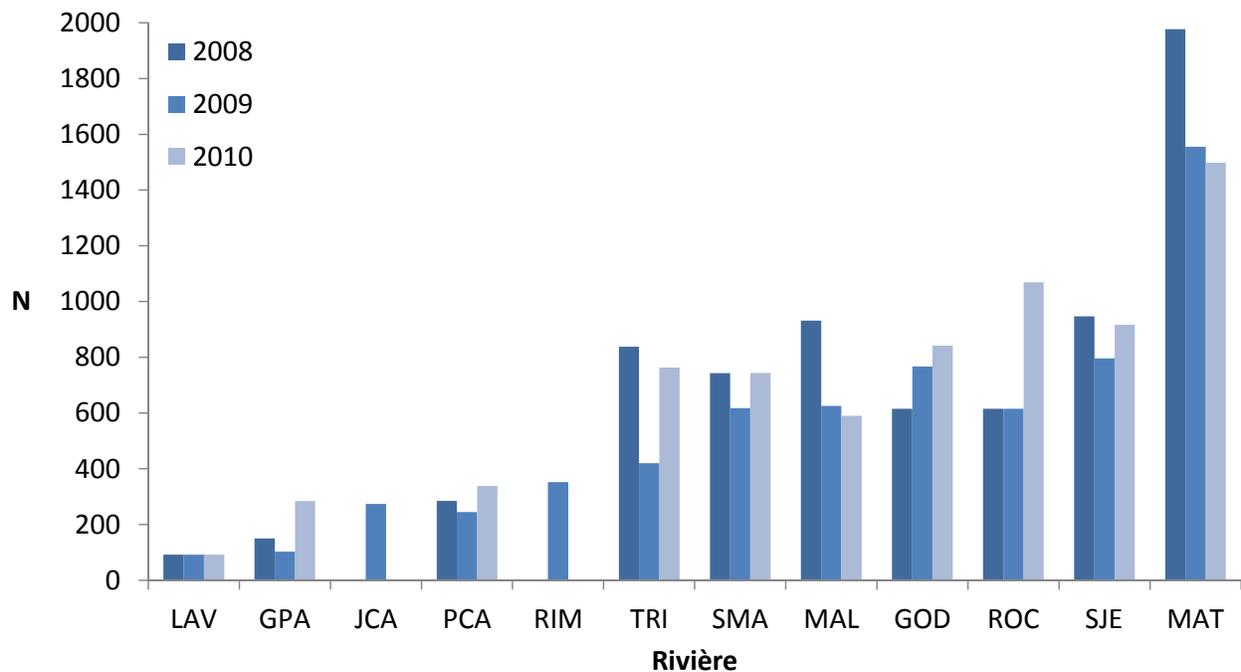


Figure 2. Nombre de reproducteurs estimé (N) sur les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010 (rivières triées par N moyen croissant)

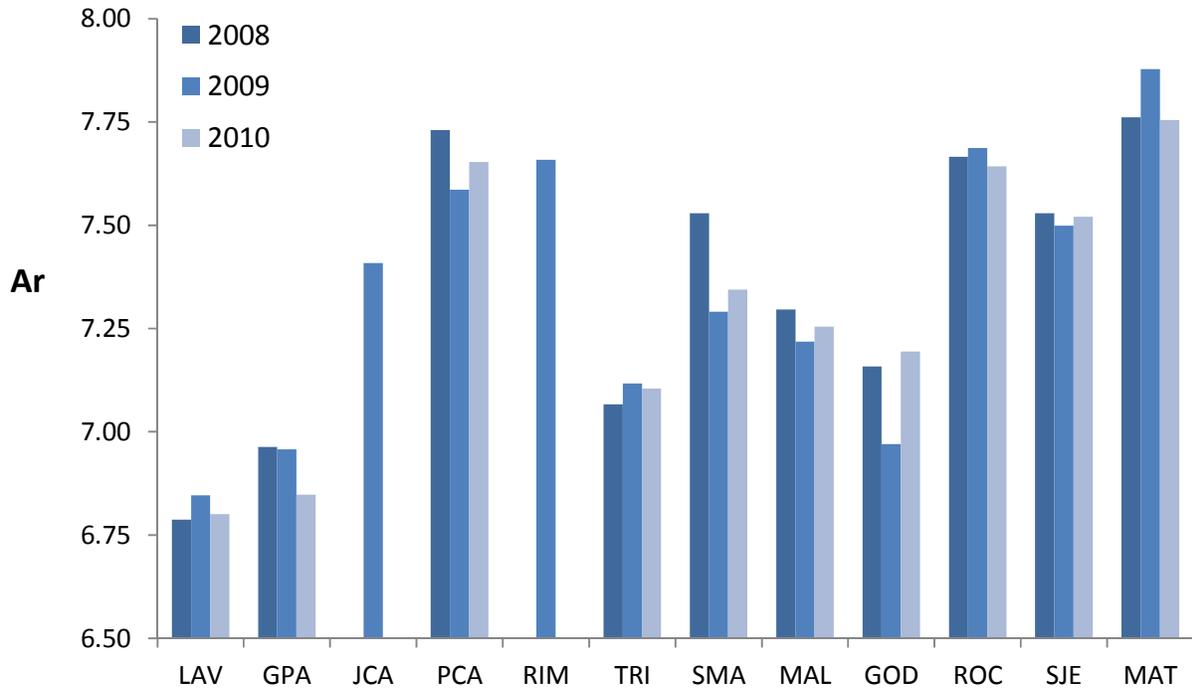


Figure 3. Richesse allélique (A_r) dans les 12 populations étudiées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010

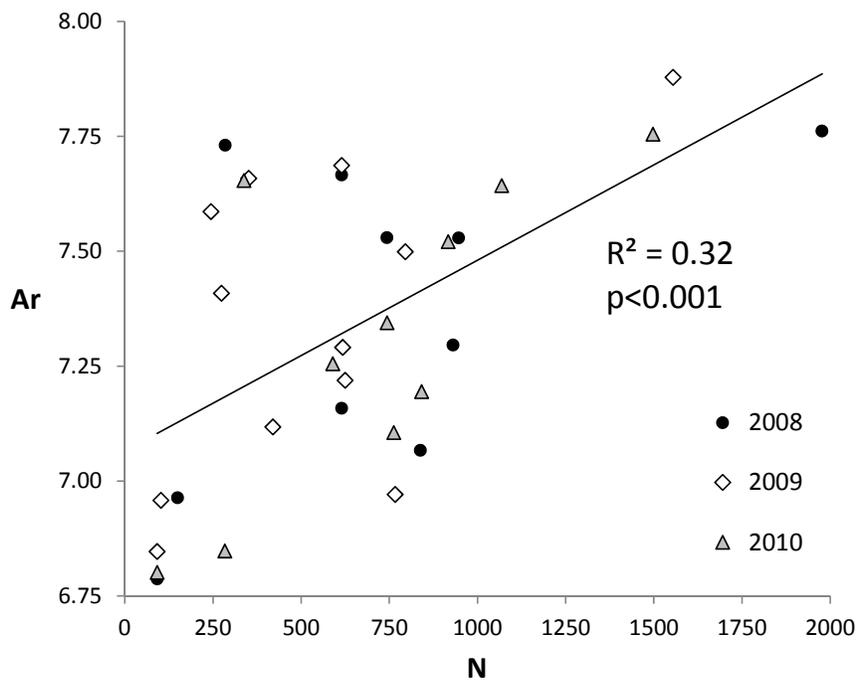


Figure 4. Richesse allélique (A_r) en fonction de l'abondance de géniteurs (N) dans les 12 populations étudiées

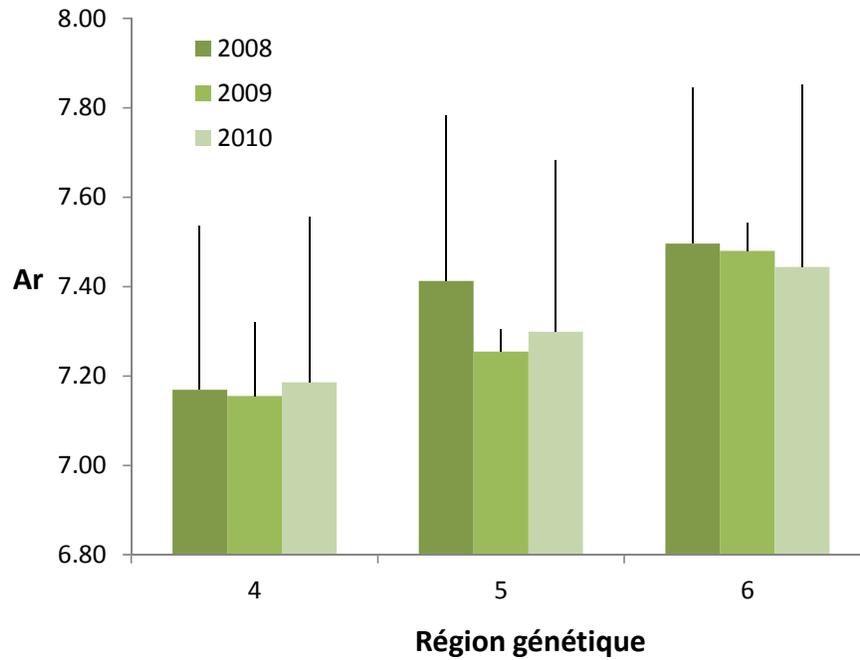


Figure 5. Richesse allélique moyenne (A_r) pour les trois régions génétiques considérées

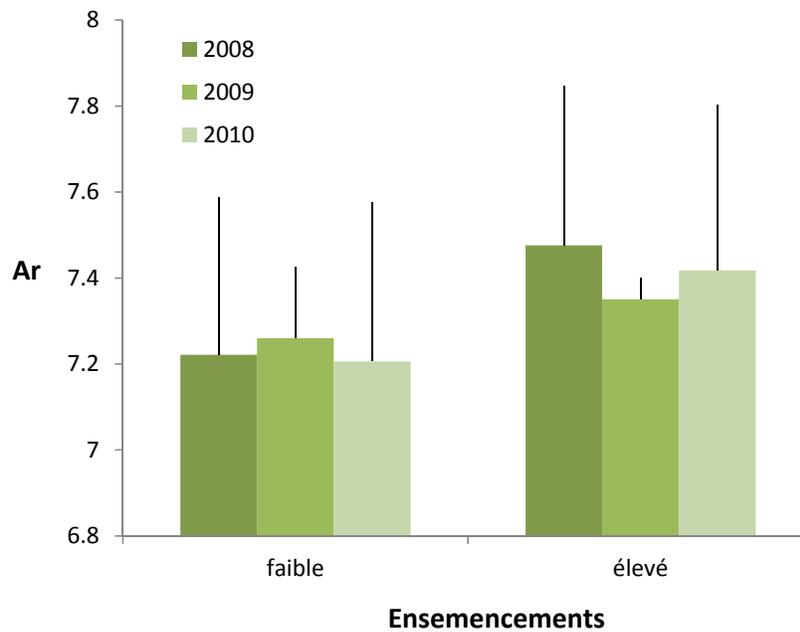


Figure 6. Richesse allélique moyenne (A_r) pour les deux groupes d'intensité d'ensemencement considérés (faibles ou nuls vs élevés)

3.1.3 Nombre de reproducteurs efficaces

Le tableau II et les figures 7 et 8 présentent le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) ainsi que le ratio du nombre de reproducteurs efficaces sur l'abondance (N_b/N) pour chaque population des années 2008 à 2010. Le nombre de reproducteurs efficaces moyen est de 228 et le ratio N_b/N moyen est de 0,44. On note que les estimations de N_b sont relativement variables selon les rivières et les années, allant de 36 à 876. Similairement, les ratios N_b/N sont relativement variables selon les années et les rivières, allant de 0,14 à 1,02. En moyenne par rivière, le plus grand nombre de reproducteurs efficaces et le plus grand ratio N_b/N sont observés sur la rivière Trinité (N moyen = 615 et N_b/N moyen = 0,94). On note que les rivières ayant le nombre de reproducteurs efficaces le plus faible en moyenne au cours des années de reproduction 2008 à 2010 sont les rivières Laval ($N_b = 48$), Jacques-Cartier ($N_b = 69$) et Grand Pabos ($N_b = 84$). Des fluctuations interannuelles de N_b particulièrement importantes sont observées sur les rivières Malbaie, Godbout et Matane. Les ratios N_b/N les plus variables d'une année à l'autre sont observés dans les rivières Grand Pabos, Petite Cascapédia et Godbout. On note également dans la figure 9 une tendance à la baisse du ratio N_b/N au cours des trois années d'étude.

La figure 10 montre les différences de ratio N_b/N entre les régions génétiques à l'étude. Bien que non significatif, le ratio N_b/N moyen de la région 5 (Québec et Saguenay) (0,32) est inférieur d'environ 25 % à celui de la région 6 (Gaspésie et Bas-Saint-Laurent) (0,43) et d'environ 37 % de la région 4 (Côte-Nord) (0,51).

La figure 11 montre les différences de ratio N_b/N en fonction du niveau d'ensemencement. Les rivières ayant été faiblement ensemencées affichent un nombre de reproducteurs efficaces par rapport à leur taille supérieur à celui des rivières dont le niveau d'ensemencement est élevé (respectivement 0,49 et 0,37). De façon plus détaillée, la figure 12 montre que le nombre de reproducteurs efficaces par rapport à la taille de la rivière diminue significativement avec le nombre d'années d'ensemencement (global : $r^2 = 0,26$, $p < 0,01$; 2008 : $r^2 = 0,22$, $p < 0,10$; 2009 : $r^2 = 0,41$, $p < 0,05$; 2010 : $r^2 = 0,25$, $p < 0,10$).

Tableau II. Nombre de reproducteurs estimés (N), nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et intervalle de confiance à 95 %, et ratio Nb/N pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010

Année	Paramètre	LAV	GPA	JCA	PCA	RIM	TRI	SMA	MAL	GOD	ROC	SJE	MAT	Moyenne*
2008	N	92	150		285		838	743	931	615	615	947	1977	719
	Nb	58	123		290		772	197	384	105	151	162	876	312
	Nb [5 %-95 %]	47-73	88-196		198-509		336-Infini	145-294	155-Infini	87-132	101-279	121-235	478-4366	
	Nb/N	0,63	0,82		1,02		0,92	0,26	0,41	0,17	0,25	0,17	0,44	0,51
2009	N	92	103	274	245	352	420	618	625	767	615	796	1555	584
	Nb	50	50	69	160	115	453	258	87	472	161	201	271	216
	Nb [5 %-95 %]	44-58	44-58	60-79	123-220	95-142	266-1312	182-423	75-104	264-1734	139-190	149-296	190-452	
	Nb/N	0,55	0,49	0,25	0,65	0,33	1,08	0,42	0,14	0,61	0,26	0,25	0,17	0,46
2010	N	92	284		338		763	744	590	842	1069	917	1498	714
	Nb	36	78,4		140,4		620,8	381,6	94,9	146	292,8	183,2	307,1	228
	Nb [5 %-95 %]	32-41	67,1-93		112,5-183		320,4-4850	238,3-866	80,6-114	114,8-195	227,1-405	154,2-224	205,7-567	
	Nb/N	0,39	0,28		0,42		0,81	0,51	0,16	0,17	0,27	0,2	0,21	0,34
Moyenne	N	92	179	274	289	352	674	702	715	741	766	887	1677	672
	Nb	48	84	69	197	115	615	279	189	241	202	182	485	252
	Nb/N	0,52	0,53	0,25	0,70	0,33	0,94	0,40	0,24	0,32	0,26	0,21	0,27	0,44

* Les moyennes n'intègrent pas les mesures effectuées sur les échantillons issus des rivières JCA et RIM.

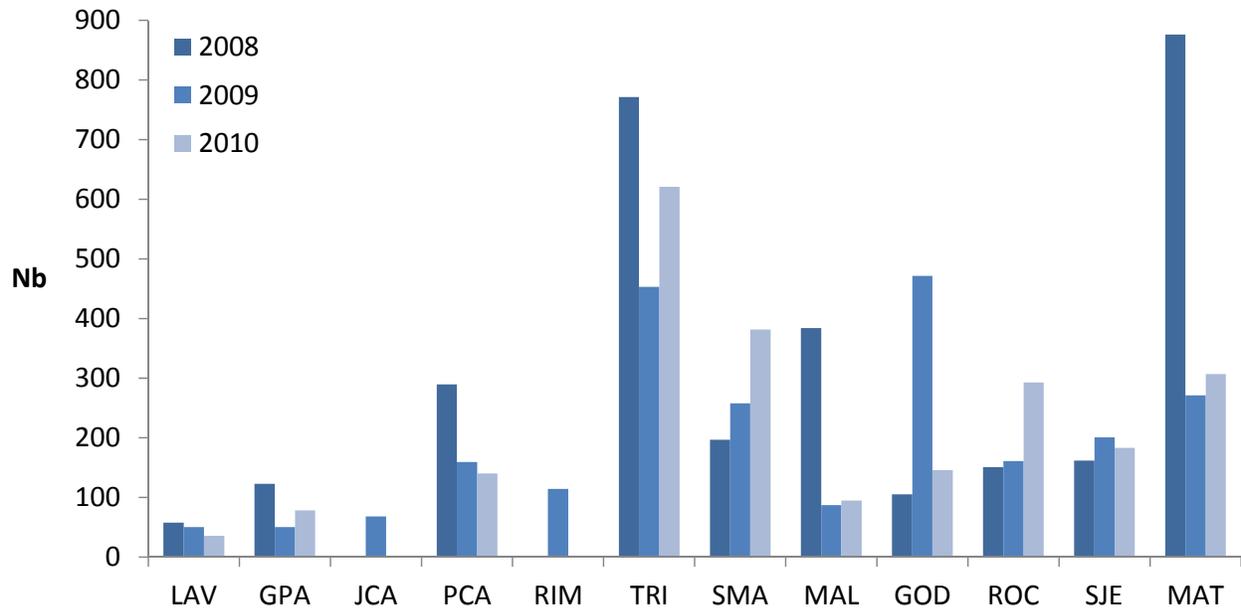


Figure 7. Nombre de reproducteurs efficaces (Nb) pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010

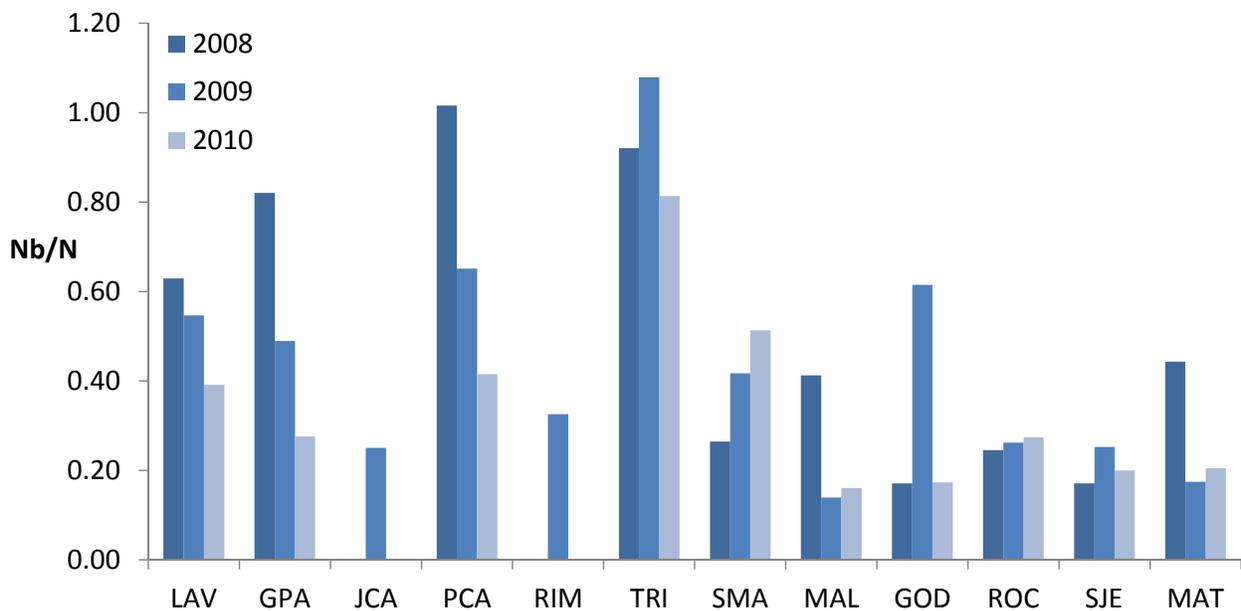


Figure 8. Ratio Nb/N pour les 12 rivières échantillonnées pour les années de reproduction 2008, 2009 et 2010

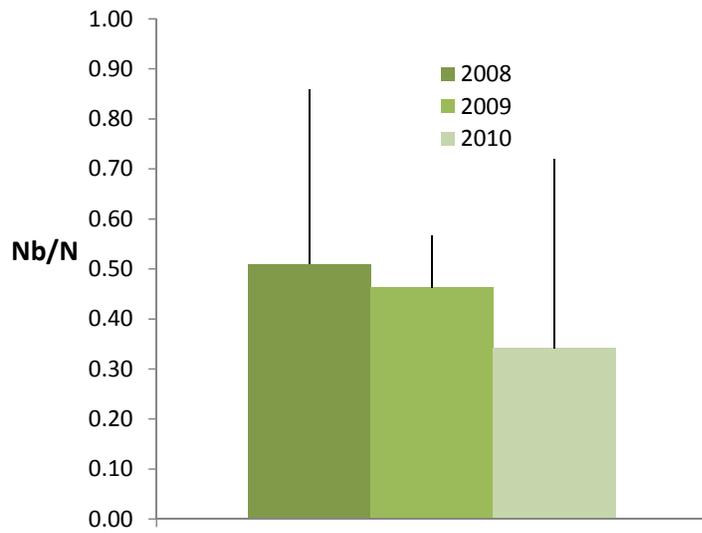


Figure 9. Ratio Nb/N moyen en 2008, 2009 et 2010 pour les 10 rivières échantillonnées chaque année (RIM et JCA non considérées)

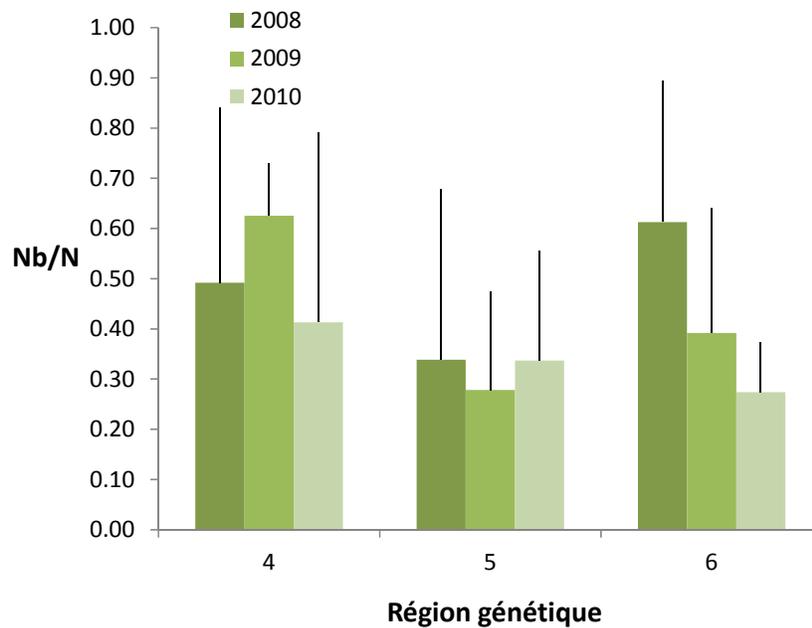


Figure 10. Ratio Nb/N moyen pour les trois régions génétiques considérées en 2008, 2009 et 2010

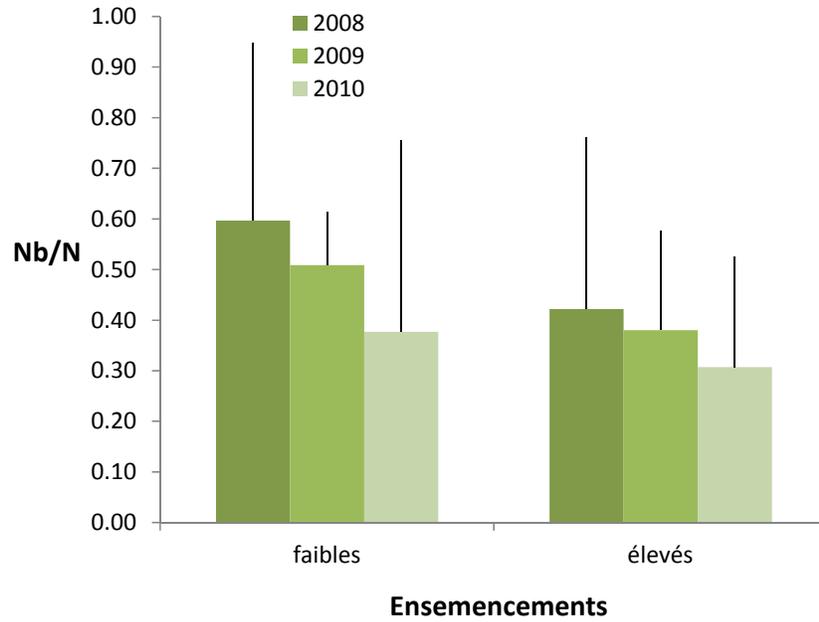


Figure 11. Ratio Nb/N moyen pour les années 2008, 2009 et 2010 pour les deux groupes d'intensité d'ensemencement considérés (faibles ou nuls vs élevés)

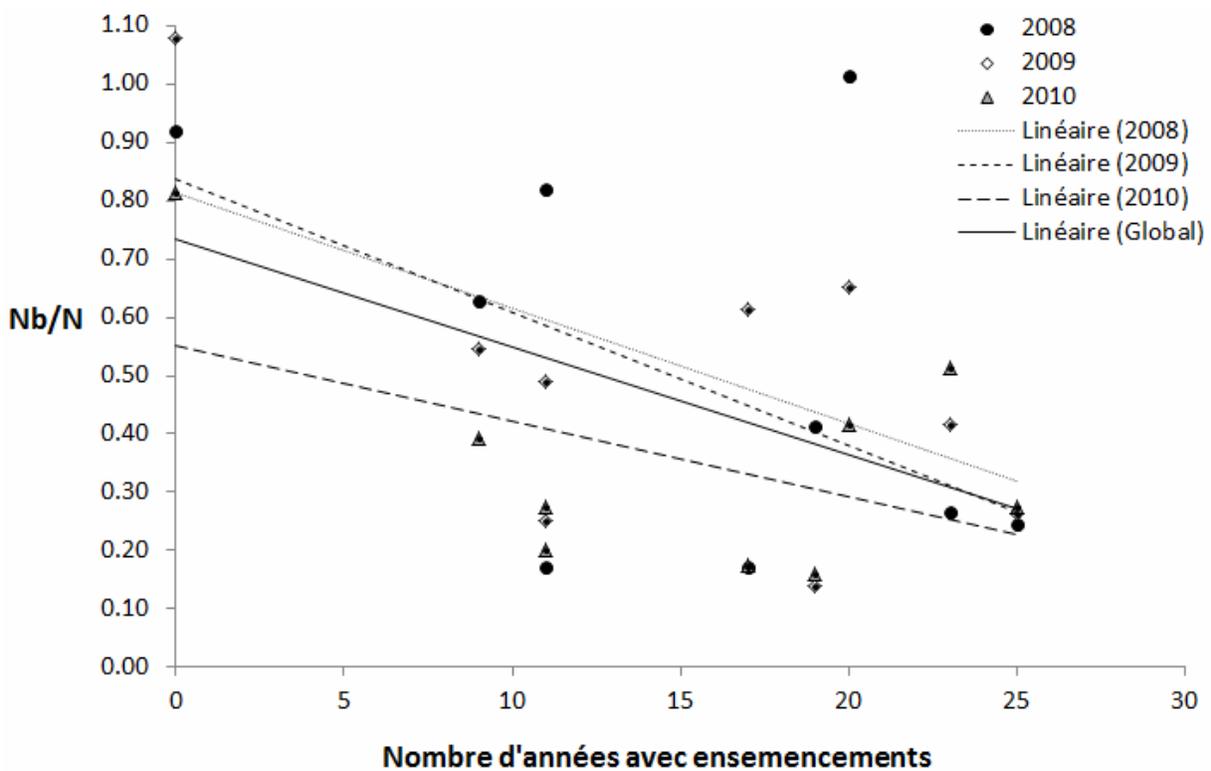


Figure 12. Régression linéaire entre le ratio Nb/N et le nombre d'années où il y a eu ensemencement

3.2 Volet historique

3.2.1 Diversité génétique

L'annexe IV présente la diversité génétique observée aux 15 loci microsatellites pour les 5 rivières analysées depuis 1958. L'hétérozygotie attendue est en moyenne de 0,85. Les tests exacts de Fisher indiquent que la plupart des loci et des populations ne présentent pas de déficit en hétérozygotes (moins de 10 % des tests sont significatifs).

La figure 13 montre l'évolution temporelle de la richesse allélique moyenne pour les cinq rivières. La richesse allélique varie de 6,79 à 7,90 selon les échantillons et est en moyenne de 7,34. Globalement, la richesse allélique est la plus forte dans la population de la rivière Matane (en moyenne 7,71) et la plus faible dans la rivière Trinité (en moyenne 7,04) et varie significativement entre les rivières ($p < 0,001$). Sur le plan temporel, ces paramètres génétiques semblent stables, particulièrement pour la rivière Trinité (variance = 0,0034). En effet, pour chacune des populations, il n'existe pas de variation temporelle significative de la richesse allélique (ANOVA, $p = 0,23$).

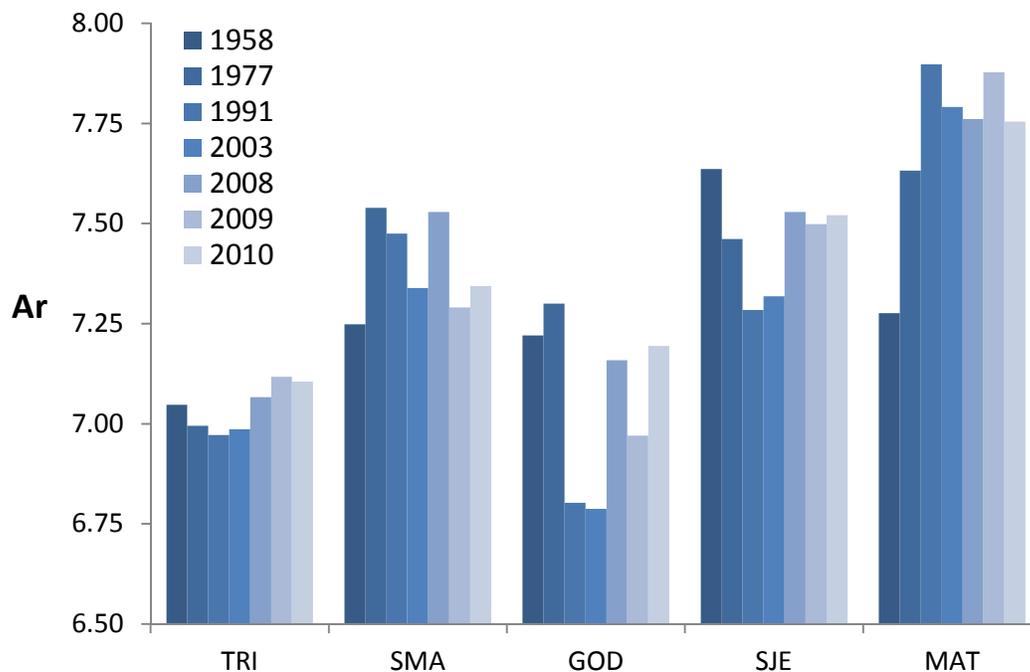


Figure 13. Richesse allélique des cinq rivières analysées historiquement pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010

3.2.2 Structure génétique

Les résultats d'étude de la structure génétique suggèrent une assez forte stabilité temporelle de la structure au sein des rivières en entre celles-ci. L'AMOVA révèle que la variance génétique entre les cinq rivières est de 2,76 %, alors qu'elle est uniquement de 0,29 % entre les échantillons temporels au sein des rivières, suggérant la différenciation des rivières, mais la stabilité temporelle au sein de ces rivières.

Les indices de différenciation génétique F_{ST} sont très faibles entre les échantillons temporels successifs d'une même rivière, variant de 0,000 à 0,009 (0,003 en moyenne) et presque toujours non significativement différents de zéro (tableau III). Cette observation est non seulement vraie entre les échantillons temporels successifs, mais également entre les échantillons des années 1959 et 2004 d'une même rivière, suggérant une stabilité temporelle dans la structure génétique de chacune des rivières.

Pour chaque période temporelle, les F_{ST} globaux entre les cinq rivières varient de 0,028 à 0,032 (tableau IV) et sont significativement différents de zéro. Ceux-ci suggèrent une différenciation génétique significative entre les rivières pour chaque période temporelle analysée, en cohérence avec les précédentes observations faites sur la structure génétique des populations de saumon atlantique au Québec (Dionne et coll., 2008).

Tableau III. F_{ST} entre les échantillons successifs et entre tous les échantillons historiques de chacune des cinq rivières. Les F_{ST} significativement différents de zéro sont illustrés en gras. Le tableau global des F_{ST} est présenté à l'annexe V.

Population	FST Temporel			
	1959-1978	1978-1992	1992-2004	1959-2004
Trinité	0,002	0,003	0,002	0,002
Godbout	0,000	0,006	0,001	0,000
Sainte-Marguerite	0,005	0,002	0,000	0,002
Matane	0,002	0,000	0,003	0,005
Saint-Jean	0,002	0,009	0,006	0,005

Tableau IV. FST global entre les cinq rivières pour les quatre périodes historiques étudiées. Les intervalles de confiance à 5 % et 95 % et les FST minimums et maximums sont indiqués. Toutes les valeurs de FST sont significativement différentes de zéro.

Année	F _{ST}	5 %-95 %	Min	Max
1959	0,032	0,023-0,041	0,013	0,041
1978	0,028	0,018-0,042	0,006	0,043
1992	0,031	0,020-0,043	0,018	0,047
2004	0,029	0,021-0,039	0,011	0,048

3.2.3 Nombre de reproducteurs efficaces Nb

Les intervalles de confiance à 95 % sont généralement étroits, plus particulièrement pour les échantillons récents, comparativement à ceux observés dans des études semblables, mais ayant utilisé moins d'individus. Ceci suggère que l'analyse réalisée permet d'obtenir des estimations du nombre de reproducteurs efficaces (Nb) fiables. Bien que basées sur un nombre d'individus plus restreint, les valeurs de Nb historiques estimés sont cohérentes et comparables aux estimations des années de reproduction récentes.

Le tableau V et la figure 14 résument l'évolution temporelle du nombre de reproducteurs efficaces dans chacune des cinq rivières étudiées depuis 1958. La figure 15 résume l'évolution temporelle du Nb/N dans chacune des rivières. La figure 16 montre l'évolution du N, du Nb et du Nb/N dans le du temps. Il existe une variation temporelle significative de la taille des populations (N) (ANOVA, $p < 0,05$) qui diminue avec le temps pour l'ensemble des rivières. Le nombre de reproducteurs efficaces (Nb) diminue également avec le temps globalement ($p = 0,057$). Plus précisément, l'ANOVA globale effectuée sur l'ensemble des rivières et des années indique que le nombre de reproducteurs efficaces diffère significativement d'une rivière à l'autre ($p < 0,0001$) et varie en fonction de la taille de la population ($p = 0,004$) et de l'année ($p < 0,001$). Les comparaisons multiples de l'analyse globale des volets « historique » et « récent » révèlent que les rivières Laval et Grand Pabos sont les rivières les plus différenciées des autres par leur faible nombre de reproducteurs efficaces (la rivière Jacques-Cartier n'est pas prise en compte dans l'analyse). En revanche, bien que le ratio Nb/N semble stable globalement

dans le temps et ne démontre pas de tendance à la baisse comme N et Nb (figure 16), l'ANOVA sur l'ensemble des années et des rivières révèle que le Nb/N fluctue temporellement ($p = 0,009$) et varie selon la rivière étudiée ($p < 0,0001$). Par contre, aucune autre variable n'a été identifiée pour expliquer ces variations du ratio Nb/N.

De manière générale, ces résultats suggèrent que le nombre de reproducteurs efficaces et son ratio avec la taille de la population varient temporellement et selon la rivière à l'étude. Plus précisément, lorsque la taille de la population diminue, le nombre de reproducteurs efficaces diminue également, et inversement. L'intensité des ensemencements n'a pas été retenue parmi les variables les plus explicatives de la variabilité temporelle observée de Nb et Nb/N.

Tableau V. Nombre de reproducteurs estimés (N), nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et intervalle de confiance à 95 %, et ratio Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010

Année	Paramètre	TRI	SMA	GOD	SJE	MAT	Moyenne
1958	N	1273	1753	1892	793	1651	1472
	Nb	1183	485,7	256	189	372	497
	Nb [5 %-95 %]	365-Infini	205,1-Infini	143-939	115-458	175-Infini	
	Nb/N	0,93	0,28	0,14	0,24	0,23	0,36
1977	N	870	361	1394	1497	1494	1123
	Nb	204	366,5	496	639	973	403
	Nb [5 %-95 %]	119-590	181,9-6401	349-Infini	222-Infini	685-Infini	
	Nb/N	0,23	1,02	0,36	0,43	0,65	0,54
1991	N	1375	1312	1715	1274	2104	1556
	Nb	449	637,5	95	823	1728	747
	Nb [5 %-95 %]	239-2735	291-Infini	69-142	167-Infini	278-Infini	
	Nb/N	0,33	0,49	0,06	0,65	0,82	0,47
2003	N	517	647	752	1318	1970	1041
	Nb	510	406,7	145	311	409	356
	Nb [5 %-95 %]	202-Infini	222,1-1903	96-274	155-4170	180-Infini	
	Nb/N	0,99	0,63	0,19	0,24	0,21	0,45
2008	N	838	743	615	947	1977	1024
	Nb	772	197	105	162	876	422
	Nb [5 %-95 %]	336-Infini	145-294	87-132	121-235	478-4366	
	Nb/N	0,92	0,26	0,17	0,17	0,44	0,39
2009	N	420	618	767	796	1555	831
	Nb	453	258	472	201	271	331
	Nb [5 %-95 %]	266-1312	182-423	264-1734	149-296	190-452	
	Nb/N	1,08	0,42	0,61	0,25	0,17	0,51
2010	N	763	744	842	917	1498	953
	Nb	621	382	146	183	307	328
	Nb [5 %-95 %]	320-4850	238-866	115-195	154-224	206-567	
	Nb/N	0,81	0,51	0,17	0,20	0,21	0,38
Moyenne	N	865	883	1140	1077	1750	1143
	Nb	599	390	203	358	661	443
	Nb/N	0,76	0,52	0,24	0,31	0,39	0,44

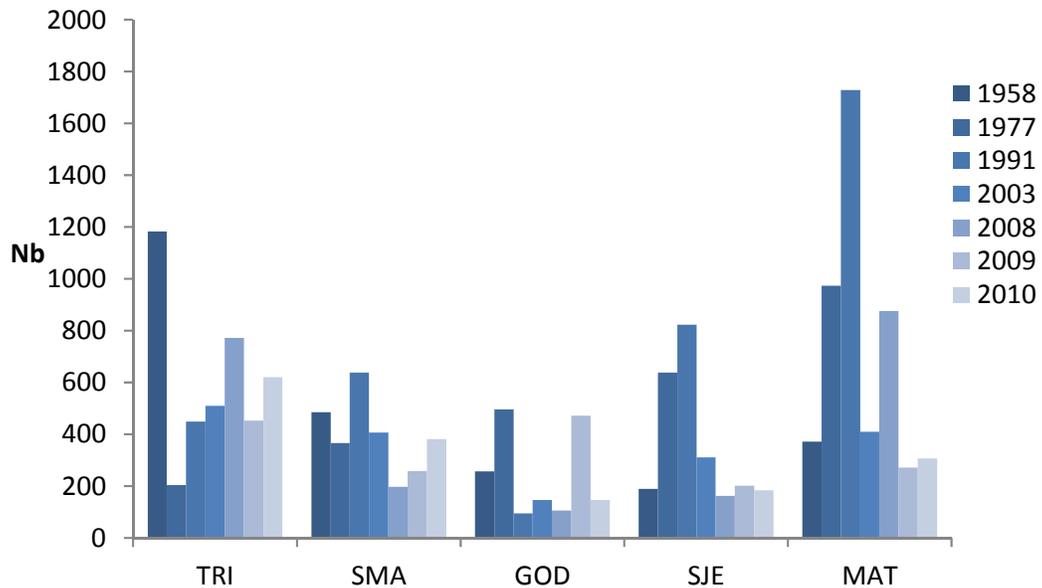


Figure 14. Nb pour les cinq rivières étudiées temporellement pour les années 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010

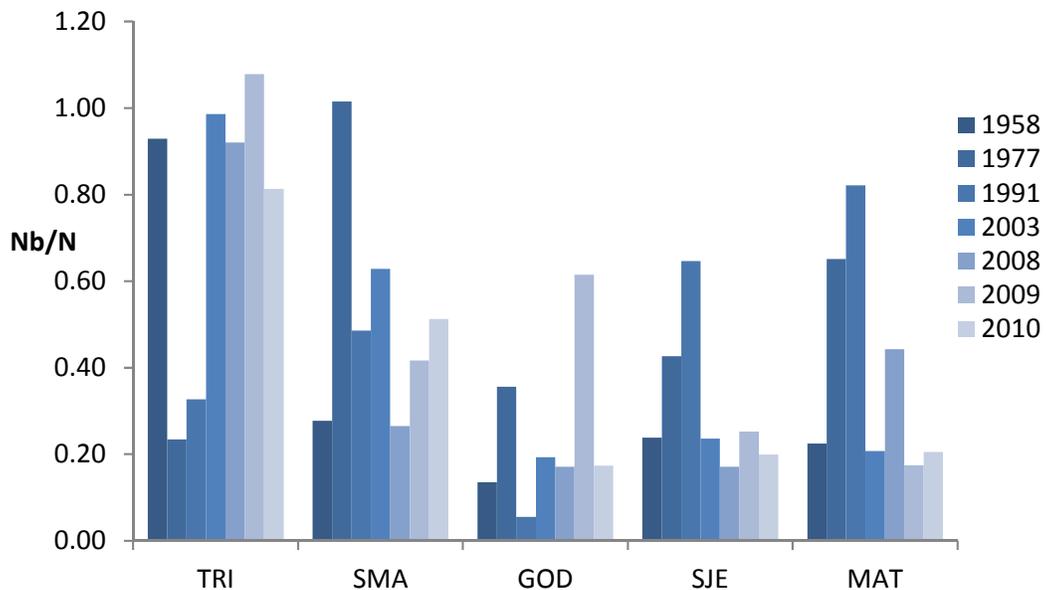


Figure 15. Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010

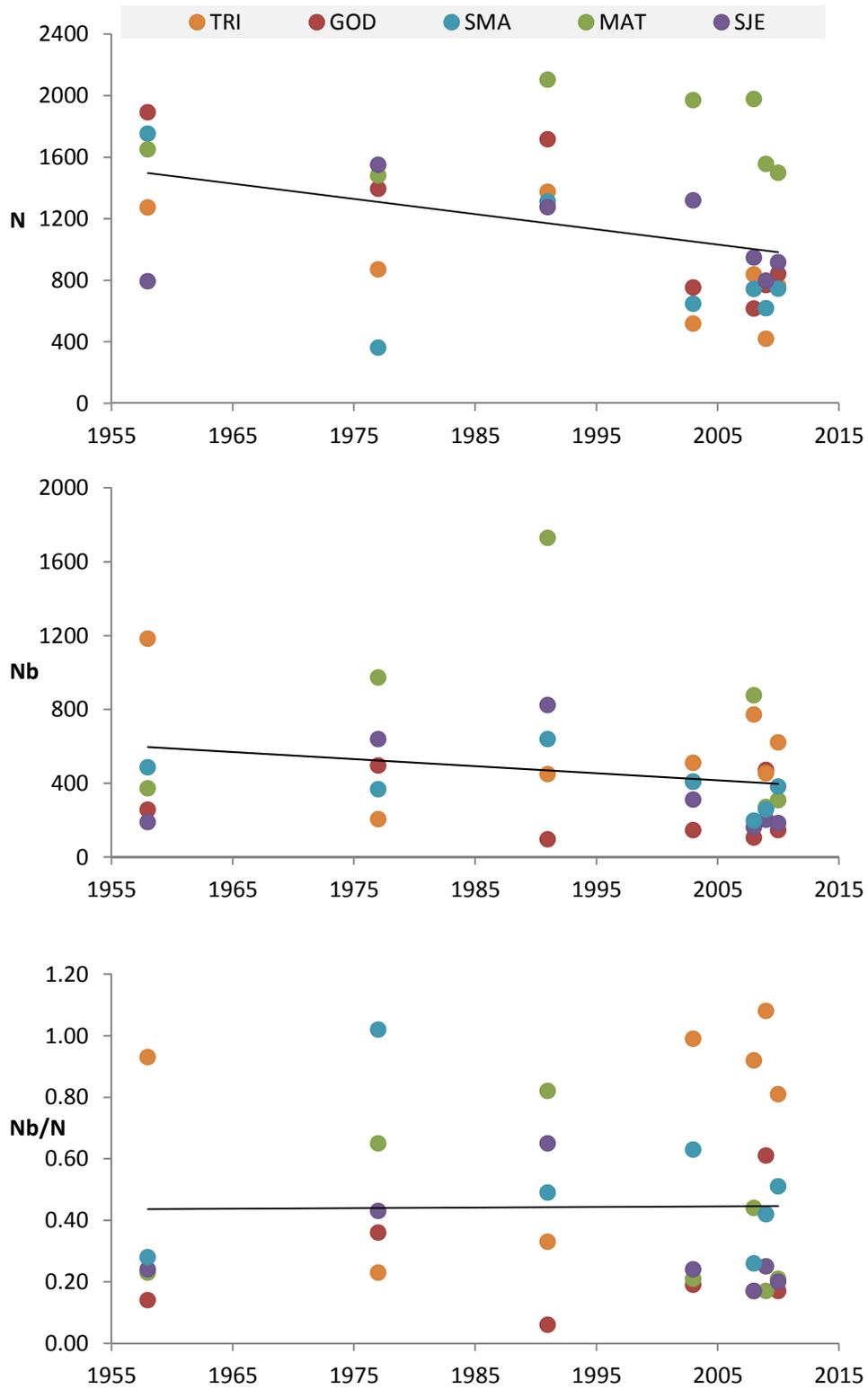


Figure 16. Évolution du N, du Nb et du Nb/N pour les cinq rivières considérées pour les années de reproduction 1958, 1977, 1991, 2003, 2008, 2009 et 2010

4 DISCUSSION

Dans un contexte de changements environnementaux rapides, le suivi serré de populations de poissons de référence est un outil essentiel afin d'évaluer la santé des populations, leur potentiel d'adaptation à un environnement changeant et leur potentiel de persistance à long terme. Ce type de suivi permet ultimement d'orienter les mesures de conservation et de gestion selon une optique prédictive, ce qui est primordial dans le cas d'espèces en déclin comme le saumon atlantique. Le présent rapport fait état des résultats des trois premières années du premier suivi génétique instauré pour le saumon atlantique au Québec.

4.1 Indices de diversité génétique

L'hétérozygotie et la richesse allélique indiquent que la santé génétique des populations des 12 rivières à l'étude est bonne, puisque, dans l'ensemble, les valeurs observées sont relativement élevées. Ces taux de polymorphisme obtenus sont comparables à ceux observés par Dionne et coll. (2008) sur les mêmes rivières échantillonnées en 2004. De plus, ces indices de diversité génétique semblent relativement stables pour une même population à court et moyen terme, suggérant une certaine stabilité de la diversité génétique des populations étudiées au cours des dernières décennies.

Bien que stable sur le plan temporel, la richesse allélique varie selon la rivière. Les analyses démontrent en effet que la richesse allélique augmente avec le nombre de géniteurs estimés sur chaque rivière, suggérant qu'une plus grande taille de population assure une plus grande diversité génétique. Également, bien que non significatif, la richesse allélique tend à varier légèrement selon la région géographique et génétique étudiée, étant légèrement plus faible dans les rivières de la Côte-Nord par rapport à celles situées au sud du Saint-Laurent. Cette tendance concorde avec de précédentes études impliquant diverses espèces affichant une diminution de la diversité du sud vers le nord, diminution pouvant être associée à l'histoire de la colonisation des rivières (Castric et Bernatchez, 2003).

4.2 Structure génétique des populations

Les indices de structuration génétique (AMOVA et F_{ST}) suggèrent une relative stabilité de la différenciation génétique des populations. Ces analyses révèlent notamment une différence génétique significative et stable entre les populations (F_{ST} de 0,03 en moyenne entre les cinq populations) et confirme que chaque population possède son identité génétique propre, tel que cela a déjà été observé dans le passé (Fontaine et coll., 1997; Verspoor et coll., 2005; Dionne et coll., 2008). Également, les résultats obtenus suggèrent que cette identité génétique associée à chaque rivière peut être maintenue au cours du temps sur plusieurs décennies. En effet, la différenciation génétique est très faible et généralement non significative entre les échantillons temporels d'une même population (F_{ST} de 0,003 en moyenne). Ces résultats suggèrent des effets relativement restreints de la dérive génétique et des taux de migration relativement constants dans le temps pour ces rivières.

4.3 Indices de consanguinité : nombre de reproducteurs efficaces (Nb) et rapport Nb/N

Les analyses de cette étude révèlent que le nombre de reproducteurs efficaces (Nb) varie significativement en fonction de la rivière et de l'année de reproduction. En effet, certaines rivières se différencient des autres et possèdent un nombre de reproducteurs efficaces systématiquement faible (< 100) tel qu'observé pour les rivières Grand Pabos (Nb moyen = 84), Jacques-Cartier (Nb moyen = 69), Laval (Nb moyen = 48) et également Malbaie pour certaines années. En revanche, d'autres rivières possèdent un nombre de reproducteurs efficaces moyen beaucoup plus élevé, comme les rivières Trinité (Nb moyen = 599) et Matane (Nb moyen = 661). Compte tenu du faible nombre de reproducteurs dans ces premières rivières, il sera important d'y porter une attention particulière, puisqu'il peut s'agir de rivières plus à risque d'extinction à moyen ou à long terme. Sur le plan temporel, et parallèlement à une diminution de l'abondance observée de façon générale dans les rivières à l'étude depuis les années 1960, un patron général de réduction du nombre de reproducteurs efficaces est également observé au cours du temps. Les analyses suggèrent que le nombre de reproducteurs efficaces dépend, entre autres, de la taille de la population. En effet, une réduction de l'abondance du saumon atlantique en rivière est

associée à une réduction du nombre de reproducteurs efficaces, ce qui peut mener à une augmentation de la consanguinité dans les populations.

Le rapport N_b/N (nombre de reproducteurs efficaces / taille de la population), un indice de consanguinité qui corrige pour la taille des populations, est en moyenne de 0,44 pour l'ensemble des rivières et des années, ce qui est similaire aux estimations réalisées dans d'autres études et conforme à ce que la théorie prédit (Palstra et coll., 2009; Johnstone et coll., 2013). Ceci indique que, pour une rivière donnée, moins de la moitié des individus sont des reproducteurs efficaces. Ce ratio N_b/N peut fluctuer dans le temps et semble à la baisse récemment, passant de 0,51 à 0,34 de 2008 à 2010. Également, le N_b/N est très variable d'une rivière à l'autre, suggérant que le nombre de reproducteurs efficaces peut varier même chez des populations de tailles similaires. C'est sur la rivière Trinité, par exemple, que l'on trouve le N_b/N le plus élevé (en moyenne 0,94) et donc l'indice de consanguinité le plus faible, ce qui peut suggérer en terme relatif un sex-ratio plus équilibré, un appariement plus aléatoire des individus lors de la reproduction et un succès reproducteur moins variable entre les adultes. Des changements dans ces caractéristiques lors de la reproduction des individus d'une population peuvent entraîner une baisse de l'indice N_b/N et une augmentation de la consanguinité. Il est également probable qu'un ratio N_b/N élevé soit la conséquence de la participation à la reproduction de tacons précoces (Johnstone et coll., 2013; Moore et Fraser, 2013; Richard et coll., 2013). Cette participation des mâles précoces pourrait être particulièrement importante dans le cas où le sex-ratio des poissons anadromes est biaisé en faveur des femelles, que ce soit naturellement ou à la suite d'une exploitation importante des madeleinaux chez lesquels le sex-ratio est biaisé en faveur des mâles (Perrier et coll., données en cours de publication).

Les ensemencements représentent un autre élément qui peut influencer le niveau de consanguinité dans une population. En effet, des introductions importantes de jeunes saumons provenant d'un faible nombre de géniteurs peuvent avoir un impact notable sur le niveau de consanguinité de la population (Fraser, 2008; Araki et Schmid, 2010) si toutefois ceux-ci réussissent à se reproduire. À ce jour, dans cette étude, l'analyse globale n'identifie pas les ensemencements comme une variable de première importance pour expliquer les fluctuations périodiques du nombre de reproducteurs efficaces au cours du temps. Par contre, l'étude suggère

un effet plutôt cumulatif desensemencements passés que l'on peut observer dans l'état des stocks actuels des populations. En effet, une diminution significative de N_b/N est observée avec l'augmentation du nombre d'années avec ensemencements dans une rivière. Ceci suggère qu'une augmentation de l'intensité des ensemencements entraîne une baisse du nombre de reproducteurs efficaces et une augmentation potentielle de la consanguinité dans la population. Également, pour certaines années, le N_b/N semble plus faible dans la région Québec-Saguenay, où l'on trouve plusieurs rivières à haut niveau d'ensemencement, par rapport aux régions Côte-Nord et Gaspésie-Bas-Saint-Laurent. Ces résultats suggèrent que les ensemencements passés pourraient avoir un effet cumulatif sur l'intégrité des populations de saumon atlantique en augmentant la consanguinité au sein des populations. Une étude plus détaillée considérant le type d'ensemencement effectué, le stade des poissons ensemencés et leurs taux de survie potentiels permettrait d'approfondir le lien entre les ensemencements et ses répercussions sur l'intégrité génétique des populations.

Globalement, ces analyses suggèrent qu'une réduction significative de l'abondance des populations est à même de diminuer la diversité génétique et le nombre de reproducteurs efficaces (N_b). De telles réductions d'effectifs et de N_b pourraient à long terme porter atteinte au potentiel évolutif et à la viabilité des populations de saumon au Québec, notamment des plus petites populations.

5 CONCLUSION

De façon générale, la diversité génétique des populations est relativement élevée et stable au cours de la période étudiée, bien qu'elle varie d'une rivière à l'autre. L'étude de la structure génétique suggère également une différenciation génétique significative entre les rivières étudiées et une stabilité temporelle de cette structure dans le temps. Toutefois, une diminution de l'abondance des populations (N) ainsi que du nombre de reproducteurs efficaces (N_b) est notée pour ces rivières depuis les années 1960 de façon générale, ainsi qu'une diminution récente du N_b/N , suggérant une augmentation de la consanguinité dans ces populations.

Plus précisément, dans l'ensemble, les résultats obtenus à la suite de l'analyse des populations de saumon atlantique de 1958 à 2012 démontrent que :

- i) Le nombre de marqueurs génétiques et le nombre d'échantillons utilisés sont adéquats pour obtenir des estimations de N_b fiables;
- ii) Les populations de saumons étudiées possèdent une diversité génétique qui est demeurée relativement stable au cours du temps pour une même population;
- iii) Cette diversité génétique varie par contre d'une population à l'autre et est positivement corrélée au nombre de géniteurs présents dans la rivière, suggérant qu'une plus grande taille de population assure une plus grande diversité génétique;
- iv) La différenciation génétique entre les populations est significative et stable temporellement, suggérant que chaque population possède une identité propre pouvant être maintenue au cours du temps sur plusieurs décennies;
- v) Le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) varie d'une rivière à l'autre et diminue de façon générale depuis les années 1960. Cette diminution est significativement associée à la diminution d'abondance des géniteurs observée au cours du temps;
- vi) Les rivières Grand Pabos, Jacques-Cartier et Laval possèdent les plus faibles nombres de reproducteurs efficaces (N_b) avec des valeurs < 100 , ce qui suggère des niveaux de consanguinité plus élevés. On devrait porter une attention particulière au potentiel de persistance de ces populations à long terme;
- vii) Le ratio N_b/N varie selon la rivière et l'année, mais ne démontre aucune tendance générale au cours du temps, à l'exception des dernières années ou une diminution de

- 0,51 à 0,34 est observée. Ceci indique que, pour une rivière donnée, moins de la moitié des individus sont des reproducteurs efficaces;
- viii) L'ensemble des résultats suggère que lesensemencements effectués dans le passé ont pu avoir un effet cumulatif sur l'intégrité génétique des populations de saumon atlantique en augmentant le niveau de consanguinité des populations. Les plus faibles ratios N_b/N observés pour les rivières ensemencées suggèrent qu'une intensité accrue en ensemencement entraîne ultimement une baisse du nombre de reproducteurs efficaces et une augmentation de la consanguinité dans la population;
 - ix) À long terme et de façon générale, les N et les N_b des rivières à l'étude sont à la baisse. Cependant, le ratio N_b/N est plus stable temporellement. Ces résultats suggèrent que la taille des populations et le nombre de reproducteurs efficaces diminuent, mais que l'efficacité de reproduction individuelle demeure sensiblement la même.

En somme, cette étude confirme la pertinence d'effectuer un suivi temporel rétrospectif sur l'évolution du nombre de reproducteurs efficaces à l'aide d'outils génétiques, et ce, afin de mieux déterminer les risques chez les petites populations concernant la perte de diversité génétique et la probabilité d'extinction, de même que pour évaluer l'impact des ensemencements, effectués depuis plusieurs décennies, sur le maintien de la diversité génétique des populations de saumon atlantique indigène.

La poursuite de ce projet de suivi chez les populations de saumon atlantique au Québec permettra de : 1) décrire le lien entre deux indices d'importance en conservation génétique, le nombre de reproducteurs efficaces (N_b) et la taille effective (N_e) afin d'en évaluer le potentiel d'applicabilité pour la gestion; 2) mieux définir l'influence de l'intensité et du type d'ensemencement sur l'intégrité génétique et la consanguinité des populations; 3) prédire par modélisation l'évolution de la taille des populations et du nombre de reproducteurs efficaces en fonction des caractéristiques des populations, notamment le sex-ratio, la proportion de madeleineaux et la proportion de mâles précoces.

RÉFÉRENCES

- ALJANABI, S. M. and I. MARTINEZ (1997). “Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques”, *Nucleic Acids Research*, 25: 4692-4693.
- BELKHIR, K., P. BORSA, L. CHIKHI, N. RAUFASTE et F. BONHOMME (2004). Genetix 4.05.2, logiciel sous windowstm pour la génétique des populations, Laboratoire génome, populations, interactions, cnrs umr 5000, université de montpellier ii, Montpellier France.
- CAMPOS, J. L., D. POSADA and P. MORAN (2008). “Introgression and genetic structure in northern Spanish Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) populations according to mtDNA data”, *Conservation Genetics*, 9: 157-169.
- CASTRIC, V. and L. BERNATCHEZ (2003). “The rise and fall of isolation by distance in the anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchill)”, *Genetics*, 163: 983-996.
- CIEM (2012). *Report of the Working Group on North Atlantic Salmon (WGNAS)*, 26 March - 4 April 2012, Copenhagen, Denmark, ICES 2012/ACOM:09, 323 p.
- CHARLIER, J., L. LAIKRE and N. RYMAN (2012). “Genetic monitoring reveals temporal stability over 30 years in a small, lake-resident brown trout population”, *Heredity*.
- DIONNE, M., F. CARON, J. J. DODSON and L. BERNATCHEZ (2008). “Landscape genetics and hierarchical genetic structure in Atlantic salmon: the interaction of gene flow and local adaptation”, *Molecular Ecology*, 17: 2382-2396
- EXCOFFIER, L. and H. E. L. LISCHER (2010). “Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows”, *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.

- FINNENGAN, A. K. and J. R. STEVENS (2008). “Assessing the long-term genetic impact of historical stocking events on contemporary populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*”, *Fisheries Management and Ecology*, 15: 315-326.
- FONTAINE, P. M., J. J. DODSON, L. BERNATCHEZ and A. SLETTAN (1997). “A genetic test of metapopulation structure in Atlantic salmon (*Salmo salar*) using microsatellites”, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54: 2434-2442.
- FRANKHAM, R. (2002). *Introduction to conservation genetics*, Cambridge University Press, 617pp.
- FRANKHAM, R. (2005). “Genetics and extinction”, *Biological Conservation*, 126: 131-140.
- GLOVER, K. A., M. QUINTELA, V. WENNEVIK, F. BESNIER, A. G. E. SØRVIK and Ø. SKAALA (2012). *Three decades of farmed escapees in the wild: A spatio-temporal analysis of Atlantic salmon population genetic structure throughout Norway*, Plos One 7, e43129.
- HANSEN, L. P. and T. P. QUINN (1998). “The marine phase of the Atlantic salmon life cycle, with comparisons to Pacific salmon”, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55: 104-118.
- JOHNSTONE, D. L., M. F. O'CONNELL, F. P. PALSTRA and D. E. RUZZANTE (2013). “Mature male parr contribution to the effective size of an anadromous Atlantic salmon (*Salmo salar*) population over 30 years”, *Molecular Ecology*, n/a-n/a.
- KALINOWSKI, S. T. (2005). “Hp - rare 1.0: A computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness”, *Molecular Ecology Notes*, 5: 187-189.

- KING, T. L., M. S. EACKLES and B. H. LETCHER (2005). “Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses”, *Molecular Ecology Notes*, 5: 130-132.
- MOORE, J. S. and D. J. FRASER (2013). “Puny males punch above their weight to preserve genetic diversity in a declining Atlantic salmon population”, *Molecular Ecology*, 22: 2364-2365.
- NEI, M. (1978). “Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals”, *Genetics*, 89: 583-590.
- OREILLY, P. T., L. C. HAMILTON, S. K. MCCONNELL and 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*, 53: 2292-2298.
- PALSTRA, F. P., M. F. O’CONNELL and D. E. RUZZANTE (2009). “Age structure, changing demography and effective population size in Atlantic salmon (*Salmo salar*)”, *Genetics*, 182: 1233-1249.
- PALSTRA, F. P. and D. E. RUZZANTE (2010). “A temporal perspective on population structure and gene flow in Atlantic salmon (*Salmo salar*) in Newfoundland, Canada”, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 67: 225-242.
- PATERSON, S., S. B. PIERTNEY, D. KNOX, J. GILBEY and E. VERSPOOR (2004). “Characterization and PCR multiplexing of novel highly variable tetranucleotide Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) microsatellites”, *Molecular Ecology Notes*, 4: 160-162.
- PEEL, D., R. S. WAPLES, G. M. MACBETH, C. DO and J. R. OVENDEN (2013). “Accounting for missing data in genetic effective population size (N_e) estimation”, *Molecular Ecology Resources*, 13: 243-253.

- PERRIER, C., R. GUYOMARD, J.-L. BAGLINIERE and G. EVANNO (2011). “Determinants of hierarchical genetic structure in Atlantic salmon populations: environmental factors vs. anthropogenic influences”, *Molecular Ecology*, 20: 4231-4245.
- PERRIER, C., R. GUYOMARD, J.-L. BAGLINIERE, N. NIKOLIC and G. EVANNO (2013). “Changes in the genetic structure of Atlantic salmon populations over four decades reveal substantial impacts of stocking and potential resiliency”, *Ecology and Evolution*, n/a-n/a.
- PRESA, P. and R. GUYOMARD (1996). “Conservation of microsatellites in three species of salmonids”, *Journal of Fish Biology*, 49: 1326-1329.
- RAYMOND, M. and F. ROUSSET (1995). “Genepop (version 3.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism”, *Journal of Heredity* 86: 248-249.
- RICHARD, A., M. DIONNE, J. WANG and L. BERNATCHEZ (2013). “Does catch and release affect the mating system and individual reproductive success of wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.)?”, *Molecular Ecology*, 22: 187-200.
- SLETTAN, A., I. OLSAKER and O. LIE (1995). “Atlantic Salmon, *Salmo salar*, Microsatellites at the Ssosl25, Ssosl85, Ssosl311, Ssosl417 Loci”, *Animal Genetics*, 26: 281-282.
- VAHA, J. P., J. ERKINARO, E. NIEMELA and C. R. PRIMMER (2008). “Temporally stable genetic structure and low migration in an Atlantic salmon population complex: implications for conservation and management”, *Evolutionary Applications*, 1: 137-154.
- VALIENTE, A. G., E. BEALL and E. GARCIA-VAZQUEZ (2010). “Population genetics of south European Atlantic salmon under global change”, *Global Change Biology*, 16: 36-47.
- VERSPOOR, E. (1988). “Reduced Genetic-Variability in 1st-Generation Hatchery Populations of Atlantic Salmon (*Salmo salar*)”, *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45: 1686-1690.

VERSPoor, E., J. A. BEARDMORE, S. CONSUEGRA, C. G. DE LEANIZ, K. HINDAR, W. C. JORDAN, M. L. KOLJONEN, A. A. MAHKROV, T. PAAVER, J. A. SANCHEZ, O. SKAALA, S. TITOV and T. F. CROSS (2005). "Population structure in the Atlantic salmon: Insights from 40 years of research into genetic protein variation", *Journal of Fish Biology*, 67: 3-54.

WANG, J. and N. RYMAN (2001). "Genetic effects of multiple generations of supportive breeding", *Conservation Biology*, 15: 1619-1631.

WAPLES, R. S. and C. DO (2008). "LdNe: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium", *Molecular Ecology Resources*, 8: 753-756.

ANNEXES

ANNEXE I. Informations sur les 15 loci utilisés pour la caractérisation génétique des individus génotypés. Les marqueurs utilisés dans Dionne et coll. (2008) sont également identifiés.

Locus	Séquence des amorces (5'-3')	Molécule fluorescente	Température d'appariement (°C)	Référence	Dionne et coll., 2008	Cette étude
Ssa85	a : AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC b : ACCCGCTCCTCACTTAATC* ¹	HEX (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)	X	X
Ssa171	a°: TTATTATCCAAAGGGGTCAAAA b°: GAGGTCGCTGGGGTTTACTAT	NED (Jaune)	58	(Oreilly et coll., 1996)		X
Ssa197	a : GGGTTGAGTAGGGAGGCTTG b : TGGCAGGGATTTGACATAAC*	VIC (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)	X	X
Ssa202	a : CTTGGAATATCTAGAATATGGC b : TTCATGTGTTAATGTTGCGTG*	VIC (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)	X	
SsaD58	F : TAGAGTTTGTTCTCTGGCTTTG R : AGACCCTAGGACTGGCTACTG	HEX (Vert)	58	(King et coll., 2005)		X
SsaD71	F : AACGTGAAACATAAAATCGATGG* R : TAAGAATGGGTTGCCTATGAG	PET (Rouge)	58	(King et coll., 2005)	X	X
SsaD85	F : CTTGGCTGTTTCAGGTATGAC* R : CACTGCTCTACAACAGAAGTCTC	FAM (Bleu)	58	(King, comm. pers.) ²	X	
SsaD144	F : TTGTGAAGGGGCTGACTAAC* R : TCAATTGTTGGGTGCACATAG	FAM (Bleu)	58	(King et coll., 2005)	X	X
SsaD486	F : TCGCTGTGTATCAGTATTTTGG R : ACTCGGATAAACAACACTCACAGGTC	FAM (Bleu)	58	(King et coll., 2005)		X
Ssosl417	F : TTGTTCCAGTGTATATGTGTCCCAT* R : GATCTTCACTGCCACCTTATGACC	FAM (Bleu)	58	(Slettan et coll., 1995)	X	X
SsspG7	F : CTTGGTCCCGTTCTTACGACAACC* R : TGCACGCTGCTTGGTCCTTG	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)	X	X
Sssp1605	F : CGCAATGGAAGTCAGTGGACTGG* R : CTGATTTAGCTTTTTAGTGCCCAATGC	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)	X	X
Sssp2210	F : AAGTATTCATGCACACACATTCCTGC* R : CAAGACCCTTTTCCAATGGGATTC	FAM (Bleu)	58	(Paterson et coll., 2004)	X	
Sssp2215	F : ACTAGCCAGGTGTCCTGCCGGTC* R : AGGGTCAGTCAGTCACACCATGCAC	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)	X	X
Sssp2216	F : GGCCACAGACAGATAAAACAAACACGC* R : GCCAACAGCAGCATCTACACCCAG	VIC (Vert)	58	(Paterson et coll., 2004)	X	X
MST-3	1 : CCCTGGTTTGACTTTGTCTCA* 2 : AGGCACTCTCACCAGCTAAAGATG	HEX (Vert)	58	(Presa et Guyomard, 1996)	X	X
Alu5	F : TATGTGATTAGGGCTTGC R : CTTGGCGTAGTTTGTAGTGC	FAM (Bleu)	58	(Salmon Genome Project Resources)		X
Bx311224	F : CCGTGTGAAACCTGCATCC R : CCTTGGAAATGCTTACCCTACC	NED (Jaune)	58	(Salmon Genome Project Resources)		X

ANNEXE II. Protocole utilisé pour les extractions d'ADN des échantillons

Protocole d'extraction d'ADN par la méthode aux sels

Tiré de : ALJANABI, SALAH M. and ICAR MARTINEZ (1997). "Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques", *Nucleic Acids Research*, 25(22): 4692-4693.

Tampon d'extraction salin :

	250 ml
2 mM EDTA	1 ml; de 0,5 M EDTA
10 mM Tris-HCl	2,5 ml de 1 M Tris-HCl (pH 8)
0,4 M NaCl	20 ml de 5 M NaCl
	226,5 ml d'H ₂ O

SDS 20 % :

20 g de SDS + 80 ml d'H₂O, mélanger et ajuster le volume à 100 ml final

Solution saline 6 M :

Dissoudre 29 g de NaCl dans 100 ml d'H₂O

Dissoudre 6,06 g de NaCl additionnel (on peut le faire chauffer au micro-ondes)

Procédure :

- 1- Couper des bouts de tissu d'environ 0,05 à 0,25 cm²
- 2- Les déposer dans des tubes 1,5 ml pré-identifiés
- 3- Laisser les morceaux de tissu sécher (pour enlever tout l'éthanol résiduel)
- 4- Ajouter 440 µl de tampon d'extraction salin + 44 µl de SDS 20 % + 8 µl de Protéinase K (20 mg/ml)
- 5- Vortexer quelques secondes
- 6- Incuber pendant la nuit à 37 °C sous agitation
- 7- Centrifuger quelques secondes pour faire descendre la buée qui s'est formée sur les parois des tubes
- 8- Ajouter 300 µl de la solution saline 6 M
- 9- Vortexer 1 minute

- 10- Centrifuger à 10 300 tr/mn pendant 30 minutes
- 11- Transférer 600 µl de surnageant dans un nouveau tube 1,5 ml préidentifié
- 12- Ajouter 600 µl d'isopropanol froid (conservé au congélateur -20 °C)
- 13- Mélanger gentiment les tubes en les inversant quelques fois
- 14- Incuber les tubes à -20 °C pendant 30 minutes
- 15- Centrifuger à 13 000 tr/mn pendant 20 minutes
- 16- Enlever le surnageant à la pipette
- 17- Sécher les tubes en utilisant un morceau de papier (attention de ne pas toucher le culot)
- 18- Ajouter 200 µl d'éthanol 70 % froid (conserver au congélateur -20 °C)
- 19- Centrifuger à 13 000 tr/mn pendant 10 minutes
- 20- Enlever le surnageant à la pipette
- 21- Sécher les tubes en utilisant un morceau de papier (attention de ne pas toucher le culot)
- 22- Laisser le culot sécher 1 à 2 heures à 60 °C ou toute la nuit à 37 °C
- 23- Dissoudre le culot dans 100 µl d'H₂O

ANNEXE III. Protocole utilisé pour les amplifications et la migration sur capillaires des loci microsatellites

Solutions requises :

1. Multiplex PCR kit (Qiagen, numéro de produit : 206145)
2. Amorces R : 10 µM
3. Amorces F : 10 µM
4. ADN : 7-8 ng/µl
5. Hi-Di Formamide (Applied Biosystems, numéro de produit : 4311320)
6. GeneScan 500 ROX® (Applied Biosystems, numéro de produit : 401734)
7. GeneScan 500 LIZ® (Applied Biosystems, numéro de produit : 4322682)

Les 22 loci utilisés pour les analyses génétiques ont été amplifiés en trois PCR. Les quantités en microlitres (µl) des solutions de départ nécessaires aux PCR sont présentées ci-dessous pour une réaction. Pour chacune des PCR, le volume final était de 10 (8 µl du mélange et 2 µl d'ADN).

PCR Kit 1	
Réactif	Volume (µl)
Multiplex PCR kit	5
Amorce Ssa171-F/R	0,2
Amorce Ssa197-F/R	0,05
Amorce Ssa202-F/R	0,3
Amorce Ssosl417 F/R	0,15
Amorce SsaD85-F/R	0,4
Amorce SsaD71	0,4

PCR Kit 3	
Réactif	Volume (µl)
Multiplex PCR kit	5
Amorce Sssp2201-F/R	0,9
Amorce SsspG7-F/R	0,1
Amorce MST-3-F/R	0,25
Amorce Ssa85 F/R	0,03
Amorce SsaD58-F/R	0,8
Amorce SsaD486	0,025

PCR Kit 2	
Réactif	Volume (µl)
Multiplex PCR kit	5
Amorce SsaD144-F/R	0,6
Amorce Sssp1605-F/R	0,5
Amorce Sssp2210-F/R	0,1
Amorce Sssp2215-F/R	0,25
Amorce Sssp2216-F/R	0,05

PCR Kit 4	
Réactif	Volume (µl)
Multiplex PCR kit	5
Amorce Alu5-F/R	0,25
Amorce BHMS 235-F/R	0,55
Amorce BHMS 283-F/R	0,25
Amorce OMM 5102 F/R	0,35
Amorce Bx224	0,15

Les conditions lors de la PCR étaient les suivantes :

Programme Kit1, Kit2 et Kit3

15 min à 95 °C (30 sec à 94 °C; 3 min à 58 °C; 1 min à 72 °C)₃₄ 10 min à 72 °C

Une fois les réactions terminées, on procède à la préparation de la plaque pour le séquenceur automatique pour permettre la visualisation des loci migrés.

Pour le gel 1 : Diluer 1 µl du produit PCR Kit1 dans 10 µl d'eau. Mélanger 1 µl de cette dilution et 10 µl d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 LIZ dans un ratio de 10 pour 1.

Pour le gel 2 : Diluer 1 µl du produit PCR Kit2 dans 10 µl d'eau. Mélanger 1 µl de cette dilution et 10 µl d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 LIZ dans un ratio de 10 pour 1.

Pour le gel 3 : Diluer 1 µl du produit PCR Kit3 dans 5 µl d'eau. Mélanger 1 µl de cette dilution et 10 µl d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 Rox dans un ratio de 10 pour 1.

Pour le gel 4 : Diluer 1 µl du produit PCR Kit3 dans 10 µl d'eau. Mélanger 1 µl de cette dilution et 10 µl d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 Rox dans un ratio de 10 pour 1.

ANNEXE IV. Richesse allélique (A_r), hétérozygotie attendue et observée (H_E , H_O). Les données sont classées par rivière (par taille moyenne croissante) puis par année (croissance).

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
LAV 2008	Ar	8,36	5,92	10,50	6,63	3,91	5,99	6,35	7,91	4,79	4,91	9,87	7,30	4,18	8,39	s. o.	6,79
	H_E	0,86	0,78	0,94	0,84	0,69	0,83	0,82	0,88	0,62	0,74	0,92	0,86	0,75	0,90	s. o.	0,81
	H_O	0,93	0,78	0,95	0,82	0,67	0,82	0,82	0,95	0,68	0,71	0,93	0,85	0,70	0,68d	s. o.	0,82
LAV 2009	Ar	7,67	6,60	10,81	7,19	4,03	6,67	6,48	8,63	4,25	4,33	9,21	7,63	4,06	8,30	4,88	6,85
	H_E	0,86	0,83	0,95	0,87	0,67	0,83	0,82	0,91	0,64	0,93	0,88	0,91	0,73	0,90	0,83	0,84
	H_O	0,84	0,85	0,95	0,92	0,61	0,81	0,85	0,89	0,69	0,86	0,84	0,86	0,76	0,57d	0,79	0,84
LAV 2010	Ar	8,50	6,52	10,26	7,13	4,16	6,28	5,54	8,08	5,12	4,84	9,36	6,87	4,33	8,24	4,25	6,80
	H_E	0,89	0,83	0,94	0,87	0,72	0,83	0,74	0,89	0,77	0,74	0,92	0,86	0,75	0,90	0,66	0,82
	H_O	0,86	0,87	0,96	0,84	0,72	0,83	0,79	0,89	0,81	0,76	0,88	0,86	0,68d	0,54	0,69	0,82

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
GPA 2008	Ar	8,94	6,30	9,79	7,18	4,38	6,76	6,35	8,69	5,33	4,11	9,81	7,91	4,70	7,24	s. o.	6,96
	H_E	0,90	0,82	0,92	0,85	0,68	0,85	0,82	0,89	0,73	0,67	0,92	0,88	0,67	0,80	s. o.	0,82
	H_O	0,91	0,80	0,90	0,83	0,65	0,86	0,92	0,92	0,78	0,69	0,97	0,89	0,70	0,67d	s. o.	0,83
GPA 2009	Ar	7,82	7,20	9,45	7,02	4,57	6,62	6,34	8,56	5,56	3,60	10,47	7,69	4,73	7,77	5,00	6,96
	H_E	0,84	0,86	0,92	0,85	0,75	0,86	0,84	0,89	0,76	0,93	0,88	0,94	0,57	0,84	0,86	0,84
	H_O	0,82	0,86	0,90	0,86	0,76	0,85	0,83	0,88	0,79	0,91	0,90	0,95	0,62	0,83	0,89	0,84
GPA 2010	Ar	8,22	7,35	9,46	7,09	4,76	7,11	6,04	7,81	5,55	3,72	9,51	7,27	4,42	7,55	4,76	6,85
	H_E	0,85	0,88	0,92	0,86	0,76	0,87	0,83	0,86	0,77	0,64	0,92	0,87	0,55	0,83	0,71	0,81
	H_O	0,80	0,75d	0,95	0,89	0,79	0,84	0,79	0,86	0,85	0,59	0,96	0,88	0,53	0,76	0,70	0,81

Rivière	Indice	Ssa	Ssa	Ssa	Ssos	Ssa	Sssp	Sssp	Sssp	Ssa	Ssa	Ssa	Sssp	MST	Alu	BX	Moyenne
Année		171	197	D71	I417	D144	1605	2215	2216	85	D486	D58	G7	U3	5	311224	
JCA	Ar	8,43	8,22	9,88	6,88	4,52	6,67	7,26	9,27	5,40	4,77	10,83	8,41	4,04	9,16	4,49	7,41
2009	H _E	0,89	0,90	0,93	0,84	0,67	0,84	0,87	0,92	0,76	0,94	0,90	0,95	0,71	0,92	0,83	0,86
	H _O	0,89	0,87	0,94	0,78	0,71	0,90	0,96	0,92	0,70	0,95	0,85	0,99	0,69	0,96	0,82	0,86
PCA	Ar	9,42	7,48	10,30	7,50	5,71	8,10	7,15	8,72	5,87	4,91	10,86	8,63	5,08	8,48	s. o.	7,73
2008	H _E	0,91	0,87	0,93	0,86	0,79	0,89	0,86	0,90	0,76	0,75	0,95	0,90	0,74	0,87	s. o.	0,85
	H _O	0,91	0,88	0,92	0,89	0,87	0,85	0,91	0,91	0,79	0,73	0,97	0,89	0,83	0,84	s. o.	0,87
PCA	Ar	9,09	6,86	9,99	6,86	4,81	7,84	7,57	8,91	5,74	4,65	10,80	8,40	5,30	9,39	5,89	7,59
2009	H _E	0,90	0,85	0,93	0,86	0,68	0,89	0,88	0,91	0,73	0,94	0,90	0,95	0,76	0,92	0,87	0,86
	H _O	0,96	0,91	0,95	0,88	0,68	0,93	0,81	0,91	0,74	0,91	0,93	0,98	0,79	0,83	0,91	0,88
PCA	Ar	9,54	6,92	10,33	7,75	5,27	7,77	6,82	8,64	5,89	4,98	10,83	8,83	4,94	8,62	5,17	7,65
2010	H _E	0,91	0,86	0,94	0,88	0,75	0,89	0,85	0,91	0,75	0,77	0,95	0,91	0,71	0,88	0,78	0,85
	H _O	0,88	0,87	0,96	0,83	0,73	0,88	0,91	0,85	0,81	0,85	0,90	0,88	0,70	0,86	0,77	0,84
RIM	Ar	7,89	7,46	10,52	7,97	4,36	7,45	7,22	8,86	5,99	4,47	10,73	8,74	5,26	10,30	5,51	7,66
2009	H _E	0,84	0,87	0,94	0,89	0,66	0,87	0,87	0,91	0,79	0,95	0,91	0,95	0,75	0,94	0,88	0,87
	H _O	0,83	0,89	0,96	0,90	0,59	0,89	0,92	0,90	0,81	0,96	0,89	0,96	0,67	0,83d	0,89	0,86

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
TRI 1958	Ar	9,73	8,09	9,92	5,94	4,14	5,74	6,03	7,97	7,23	3,65	10,15	8,22	3,91	7,95	4,59	7,05
	H _E	0,91	0,89	0,93	0,77	0,64	0,71	0,82	0,86	0,86	0,68	0,92	0,89	0,70	0,87	0,70	0,81
	H _O	0,87	0,83	0,75d	0,80	0,70	0,66	0,89	0,85	0,83	0,69	0,89	0,89	0,74	0,81	0,69	0,80
TRI 1977	Ar	9,42	6,71	10,26	6,37	5,07	6,52	6,18	8,32	6,38	3,26	10,49	7,85	3,70	7,40	4,73	6,99
	H _E	0,91	0,83	0,93	0,82	0,69	0,81	0,80	0,88	0,83	0,67	0,93	0,88	0,68	0,85	0,70	0,81
	H _O	0,94	0,82	0,84	0,82	0,71	0,80	0,84	0,81	0,78	0,73	0,94	0,88	0,73	0,78	0,73	0,81
TRI 1991	Ar	9,81	8,25	10,13	6,56	4,55	6,37	6,30	7,96	6,08	3,56	9,58	7,24	4,09	7,11	4,62	6,97
	H _E	0,92	0,88	0,93	0,81	0,68	0,80	0,81	0,86	0,83	0,65	0,90	0,85	0,71	0,84	0,68	0,81
	H _O	0,91	0,87	0,93	0,80	0,63	0,76	0,83	0,86	0,78	0,65	0,81	0,90	0,67	0,76	0,59	0,78
TRI 2003	Ar	9,55	7,08	9,80	6,77	4,33	6,37	6,47	8,21	6,66	3,66	10,05	7,81	3,47	7,59	5,15	6,99
	H _E	0,91	0,83	0,92	0,82	0,64	0,80	0,83	0,87	0,82	0,70	0,93	0,88	0,67	0,85	0,72	0,81
	H _O	0,87	0,80	0,89	0,89	0,70	0,83	0,85	0,91	0,81	0,75	0,92	0,89	0,69	0,76	0,83e	0,83
TRI 2008	Ar	9,92	7,22	10,25	6,20	4,16	6,93	6,75	7,71	7,26	3,66	10,55	7,53	3,80	7,00	s. o.	7,07
	H _E	0,93	0,85	0,93	0,79	0,67	0,85	0,85	0,86	0,85	0,65	0,94	0,88	0,68	0,84	s. o.	0,83
	H _O	0,93	0,86	0,91	0,73	0,68	0,83	0,79	0,88	0,89	0,65	0,98	0,87	0,68	0,83	s. o.	0,82
TRI 2009	Ar	9,99	7,42	10,47	6,78	5,03	6,35	7,10	7,62	6,34	3,57	10,35	7,73	3,68	7,21	4,58	7,12
	H _E	0,90	0,85	0,93	0,86	0,68	0,89	0,88	0,91	0,73	0,94	0,90	0,95	0,76	0,92	0,87	0,86
	H _O	0,96	0,91	0,95	0,88	0,68	0,93	0,81	0,91	0,74	0,91	0,93	0,98	0,79	0,83	0,91	0,88
TRI 2010	Ar	9,43	8,58	10,16	6,40	4,51	6,09	6,41	8,14	6,90	3,81	10,18	7,69	3,55	7,62	4,20	7,10
	H _E	0,91	0,90	0,94	0,80	0,65	0,77	0,83	0,88	0,83	0,72	0,94	0,89	0,67	0,86	0,59	0,81
	H _O	0,89	0,88	0,96	0,81	0,71	0,71	0,78	0,92	0,82	0,75	0,91	0,90	0,65	0,77	0,59	0,80

Rivière	Indice	Ssa	Ssa	Ssa	Ssos	Ssa	Sssp	Sssp	Sssp	Ssa	Ssa	Ssa	Sssp	MST	Alu	BX	Moyenne
Année		171	197	D71	I417	D144	1605	2215	2216	85	D486	D58	G7	U3	5	311224	
SMA 1958	Ar	8,56	8,00	10,33	6,27	4,53	6,93	6,98	8,42	5,12	5,01	10,75	7,74	4,54	8,30	5,35	7,25
	H _E	0,86	0,84	0,92	0,84	0,75	0,86	0,83	0,89	0,71	0,72	0,93	0,87	0,71	0,88	0,81	0,83
	H _O	0,85	0,87	0,89	0,91	0,73	0,77	0,73	0,83	0,69	0,72	0,92	0,96	0,63	0,82	0,81	0,81
SMA 1977	Ar	8,65	8,25	10,50	7,35	3,61	7,38	6,84	9,30	5,33	5,45	10,96	8,32	4,40	9,22	4,43	7,54
	H _E	0,85	0,88	0,94	0,84	0,79	0,89	0,85	0,92	0,76	0,70	0,93	0,90	0,74	0,87	0,79	0,84
	H _O	0,95	0,93	0,98	0,87	0,78	0,94	0,84	0,93	0,71	0,65	0,93	0,91	0,76	0,84	0,82	0,86
SMA 1991	Ar	8,86	7,57	10,50	6,76	4,39	6,87	7,17	9,22	4,94	5,63	10,73	8,39	4,86	8,77	4,62	7,47
	H _E	0,89	0,89	0,94	0,86	0,81	0,87	0,85	0,90	0,78	0,72	0,95	0,91	0,75	0,87	0,79	0,85
	H _O	0,93	0,89	1,00	0,93	0,81	0,88	0,85	0,94	0,83	0,80	0,93	0,94	0,76	0,93	0,78	0,88
SMA 2003	Ar	8,06	7,91	10,30	7,38	4,09	6,97	6,86	8,64	5,53	5,65	10,09	8,49	4,47	8,30	4,26	7,34
	H _E	0,86	0,86	0,94	0,86	0,76	0,86	0,85	0,93	0,76	0,75	0,94	0,91	0,68	0,90	0,77	0,84
	H _O	0,79	0,89	0,94	0,89	0,79	0,89	0,89	0,94	0,79	0,72	0,98	0,89	0,74	0,83	0,83	0,85
SMA 2008	Ar	8,24	8,26	10,55	7,48	4,59	7,42	7,32	9,49	4,99	4,72	10,51	8,39	4,65	8,83	s. o.	7,53
	H _E	0,87	0,89	0,94	0,87	0,69	0,87	0,87	0,92	0,71	0,76	0,94	0,89	0,73	0,91	s. o.	0,84
	H _O	0,86	0,87	0,96	0,89	0,8e	0,89	0,83	0,92	0,66	0,74	0,93	0,88	0,68	0,83	s. o.	0,84
SMA 2009	Ar	8,55	7,44	10,92	7,17	4,00	6,74	7,19	9,29	4,84	4,74	10,20	8,08	4,44	8,48	4,48	7,29
	H _E	0,89	0,87	0,95	0,86	0,67	0,84	0,86	0,92	0,70	0,95	0,89	0,94	0,74	0,90	0,81	0,85
	H _O	0,83	0,90	0,95	0,84	0,71	0,84	0,86	0,92	0,65	0,94	0,84	0,93	0,74	0,85	0,74	0,84
SMA 2010	Ar	8,32	7,35	10,42	6,85	4,25	7,20	6,90	9,51	5,57	4,92	10,12	9,02	4,05	8,34	4,25	7,34
	H _E	0,89	0,87	0,94	0,85	0,63	0,86	0,86	0,92	0,77	0,78	0,93	0,91	0,69	0,89	0,60	0,83
	H _O	0,86	0,79	0,97	0,89	0,62	0,88	0,90	0,95	0,79	0,78	0,93	0,90	0,70	0,89	0,61	0,83

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
MAL 2008	Ar	8,98	6,88	10,81	7,85	4,32	7,24	7,75	8,63	5,36	5,16	9,76	7,96	3,71	7,73	s. o.	7,30
	H _E	0,90	0,86	0,94	0,88	0,68	0,86	0,87	0,90	0,75	0,77	0,92	0,89	0,65	0,88	s. o.	0,84
	H _O	0,90	0,79	0,90	0,95	0,58	0,84	0,95	0,84	0,84	0,69	0,86	0,86	0,72	0,79	s. o.	0,86
MAL 2009	Ar	9,17	7,02	9,81	7,30	4,41	7,08	7,01	8,98	5,73	4,79	9,83	7,50	3,63	8,79	4,05	7,22
	H _E	0,92	0,86	0,93	0,86	0,66	0,85	0,84	0,91	0,79	0,94	0,88	0,93	0,67	0,91	0,86	0,85
	H _O	0,89	0,91	0,96	0,90	0,67	0,86	0,81	0,94	0,73	0,94	0,88	0,92	0,70	0,91	0,83	0,85
MAL 2010	Ar	8,72	6,66	10,34	7,66	4,58	6,99	6,65	8,57	5,93	5,07	9,87	7,96	3,85	8,69	4,31	7,25
	H _E	0,91	0,83	0,94	0,88	0,69	0,85	0,84	0,90	0,81	0,77	0,93	0,89	0,70	0,90	0,60	0,83
	H _O	0,91	0,85	0,86	0,90	0,68	0,81	0,87	0,86	0,79	0,78	0,91	0,91	0,73	0,82	0,63	0,81

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
GOD 1958	Ar	10,07	7,85	10,91	7,03	3,69	6,20	6,72	8,14	6,53	4,32	9,71	7,82	3,57	8,53	4,87	7,22
	H _E	0,93	0,87	0,94	0,86	0,52	0,79	0,85	0,83	0,83	0,72	0,92	0,88	0,58	0,87	0,72	0,81
	H _O	0,94	0,83	0,87	0,87	0,55	0,77	0,77	0,75	0,91	0,77	0,88	0,89	0,49	0,81	0,68	0,79
GOD 1977	Ar	9,46	7,97	10,31	7,05	4,55	6,29	6,58	7,76	6,83	4,29	10,38	8,27	4,04	8,44	4,60	7,30
	H _E	0,91	0,88	0,93	0,86	0,58	0,81	0,84	0,81	0,85	0,74	0,93	0,90	0,69	0,86	0,70	0,82
	H _O	0,90	0,79	0,89	0,90	0,58	0,78	0,67d	0,73	0,79	0,60d	0,94	0,87	0,68	0,66d	0,67	0,79
GOD 1991	Ar	9,00	7,17	9,69	6,03	3,56	6,26	6,00	7,86	7,00	3,93	9,97	7,73	3,54	7,50	4,80	6,80
	H _E	0,90	0,84	0,92	0,82	0,47	0,81	0,81	0,82	0,84	0,71	0,93	0,87	0,60	0,86	0,73	0,80
	H _O	0,87	0,83	0,90	0,81	0,46	0,71	0,83	0,83	0,73d	0,67	0,92	0,83	0,50	0,81	0,77	0,79
GOD 2003	Ar	8,70	7,92	10,30	6,87	3,91	5,22	5,79	7,62	6,17	4,28	9,54	7,75	3,16	7,79	4,66	6,79
	H _E	0,89	0,87	0,93	0,85	0,50	0,74	0,80	0,84	0,82	0,73	0,91	0,88	0,55	0,85	0,73	0,79
	H _O	0,89	0,81	1,00	0,87	0,57	0,77	0,77	0,87	0,83	0,81	0,85	0,83	0,44d	0,77	0,70	0,81
GOD 2008	Ar	9,49	7,21	10,12	7,21	3,81	5,82	6,85	8,00	6,92	3,96	10,06	8,06	4,05	8,67	s. o.	7,16
	H _E	0,92	0,86	0,93	0,87	0,52	0,77	0,83	0,85	0,85	0,70	0,93	0,89	0,71	0,89	s. o.	0,82
	H _O	0,89	0,79	0,97	0,86	0,56	0,74	0,85	0,80	0,90	0,78	0,92	0,89	0,74	0,73d	s. o.	0,82
GOD 2009	Ar	9,75	7,42	10,05	6,99	3,92	6,04	6,36	7,79	6,53	4,23	9,79	7,99	3,52	7,22	5,04	6,97
	H _E	0,93	0,87	0,94	0,87	0,59	0,79	0,82	0,84	0,84	0,94	0,89	0,93	0,65	0,80	0,88	0,84
	H _O	0,96	0,87	0,94	0,89	0,62	0,81	0,77	0,78	0,85	0,91	0,90	0,94	0,64	0,72	0,90	0,84
GOD 2010	Ar	9,95	7,31	10,03	6,76	4,26	6,48	7,06	7,89	7,14	4,29	9,73	8,17	3,52	8,12	5,10	7,19
	H _E	0,93	0,86	0,94	0,86	0,52	0,82	0,86	0,86	0,87	0,75	0,93	0,90	0,67	0,88	0,73	0,82
	H _O	0,93	0,85	0,94	0,85	0,56	0,82	0,86	0,89	0,81	0,78	0,87	0,92	0,61	0,72d	0,76	0,87

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
ROC 2008	Ar	7,61	8,62	11,05	7,45	5,31	7,43	7,63	9,35	6,71	4,47	10,13	8,57	4,79	8,20	s. o.	7,67
	H _E	0,82	0,90	0,94	0,87	0,77	0,86	0,87	0,91	0,82	0,72	0,93	0,90	0,75	0,85	s. o.	0,85
	H _O	0,81	0,89	0,93	0,87	0,81	0,85	0,83	0,91	0,91	0,78	0,94	0,89	0,74	0,78	s. o.	0,86
ROC 2009	Ar	8,57	8,68	10,87	7,57	4,97	6,98	7,85	9,21	6,42	4,37	10,84	8,12	4,53	8,61	4,77	7,69
	H _E	0,90	0,89	0,94	0,86	0,77	0,89	0,89	0,92	0,75	0,95	0,91	0,95	0,70	0,90	0,89	0,87
	H _O	0,89	0,93	0,95	0,89	0,81	0,87	0,88	0,90	0,77	0,96	0,90	0,98	0,64	0,85	0,91	0,87
ROC 2010	Ar	8,69	9,04	10,75	7,16	4,29	7,44	6,84	9,76	6,76	5,23	10,70	8,08	3,94	8,32	4,45	7,64
	H _E	0,88	0,92	0,95	0,87	0,66	0,87	0,85	0,93	0,82	0,78	0,95	0,90	0,70	0,86	0,69	0,84
	H _O	0,90	0,91	0,94	0,89	0,67	0,88	0,83	0,93	0,83	0,86	0,96	0,95	0,68	0,72d	0,73	0,84

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
SJE 1958	Ar	8,37	7,81	11,51	8,28	4,83	7,29	6,22	9,35	6,01	4,44	10,87	8,87	5,62	7,46	5,42	7,64
	H _E	0,85	0,88	0,95	0,89	0,74	0,86	0,82	0,91	0,75	0,68	0,94	0,91	0,70	0,80	0,76	0,83
	H _O	0,86	0,84	0,94	0,90	0,84	0,85	0,84	0,87	0,69	0,69	0,98	0,96	0,59d	0,69d	0,76	0,85
SJE 1977	Ar	7,45	8,17	10,78	7,61	5,21	7,44	6,96	9,17	5,61	4,07	9,67	8,80	5,21	8,31	5,35	7,46
	H _E	0,82	0,89	0,94	0,87	0,75	0,85	0,85	0,91	0,78	0,64	0,92	0,90	0,65	0,85	0,77	0,83
	H _O	0,84	0,91	0,93	0,89	0,82	0,83	0,91	0,85	0,78	0,69	0,91	0,93	0,67	0,84	0,80	0,84
SJE 1991	Ar	8,89	7,41	11,28	7,24	4,33	6,57	6,81	8,69	6,22	4,23	8,15	9,03	5,86	7,28	6,27	7,28
	H _E	0,88	0,86	0,94	0,86	0,71	0,80	0,84	0,88	0,80	0,70	0,81	0,91	0,72	0,75	0,82	0,82
	H _O	0,87	0,92	0,82d	0,87	0,62	0,70	0,79	0,93	0,82	0,62	0,71	0,89	0,67	0,64d	0,68d	0,80
SJE 2003	Ar	7,57	7,96	11,01	6,91	4,76	6,11	6,73	9,02	5,25	4,45	10,05	8,67	4,93	9,03	5,32	7,32
	H _E	0,83	0,88	0,94	0,85	0,74	0,79	0,84	0,90	0,71	0,69	0,93	0,90	0,63	0,88	0,78	0,82
	H _O	0,90	0,92	0,88	0,79	0,65	0,82	0,96e	0,96	0,62	0,82e	0,76d	0,92	0,65	0,73d	0,85	0,84
SJE 2008	Ar	8,17	8,09	10,72	7,97	4,88	7,19	7,20	9,44	5,85	3,90	10,70	8,51	4,94	7,85	s. o.	7,53
	H _E	0,86	0,89	0,94	0,88	0,76	0,86	0,87	0,92	0,74	0,66	0,94	0,90	0,70	0,82	s. o.	0,84
	H _O	0,76	0,93	0,97	0,88	0,79	0,90	0,90	0,90	0,77	0,60	0,92	0,98	0,68	0,69d	s. o.	0,84
SJE 2009	Ar	8,58	8,01	10,62	7,23	5,29	7,51	7,20	9,28	5,45	4,40	11,01	8,61	4,89	6,91	5,92	7,50
	H _E	0,88	0,89	0,94	0,86	0,78	0,87	0,87	0,92	0,74	0,95	0,91	0,95	0,67	0,73	0,85	0,85
	H _O	0,86	0,92	0,95	0,85	0,81	0,82	0,81	0,88	0,76	0,95	0,91	0,95	0,67	0,69	0,84	0,86
SJE 2010	Ar	8,51	8,25	11,00	6,88	4,90	6,93	7,49	9,70	5,49	4,02	11,28	8,46	4,92	7,46	5,87	7,52
	H _E	0,87	0,90	0,95	0,86	0,74	0,85	0,87	0,93	0,72	0,61	0,96	0,91	0,70	0,79	0,81	0,83
	H _O	0,91	0,86	0,95	0,85	0,77	0,80	0,84	0,91	0,62	0,68	0,93	0,93	0,69	0,64d	0,80	0,81

Rivière	Indice	Ssa 171	Ssa 197	Ssa D71	Ssos I417	Ssa D144	Sssp 1605	Sssp 2215	Sssp 2216	Ssa 85	Ssa D486	Ssa D58	Sssp G7	MST U3	Alu 5	BX 311224	Moyenne
MAT 1958	Ar	8,11	7,51	9,63	7,12	4,77	7,29	6,62	8,65	5,66	4,49	10,46	7,92	4,42	9,23	6,06	7,28
	H _E	0,88	0,87	0,93	0,82	0,66	0,85	0,86	0,89	0,71	0,79	0,94	0,88	0,75	0,89	0,69	0,83
	H _O	0,85	0,78	0,89	0,84	0,76	0,81	0,89	0,79	0,76	0,75	0,93	0,89	0,76	0,84	0,73	0,82
MAT 1977	Ar	8,23	8,15	10,58	7,08	5,51	7,99	7,03	9,76	5,87	4,43	10,28	8,40	4,82	8,73	5,46	7,63
	H _E	0,89	0,89	0,93	0,85	0,51	0,87	0,84	0,91	0,74	0,77	0,94	0,90	0,74	0,90	0,59	0,82
	H _O	0,91	0,89	0,92	0,81	0,53	0,77	0,77	0,91	0,74	0,77	0,88	0,91	0,81	0,83	0,60	0,81
MAT 1991	Ar	9,10	8,35	10,92	7,37	5,93	7,72	7,04	9,27	6,13	4,89	11,07	9,00	4,93	8,84	5,49	7,90
	H _E	0,89	0,87	0,94	0,85	0,63	0,83	0,85	0,91	0,73	0,81	0,94	0,90	0,73	0,90	0,64	0,83
	H _O	0,89	0,83	1,00	0,81	0,72	0,80	0,93	0,91	0,65	0,80	0,94	0,96	0,74	0,93	0,67	0,85
MAT 2003	Ar	8,48	7,14	10,99	7,75	5,34	7,36	7,27	10,00	6,07	4,78	10,81	9,02	4,29	9,77	5,18	7,79
	H _E	0,86	0,88	0,93	0,86	0,64	0,85	0,86	0,90	0,74	0,81	0,93	0,89	0,72	0,88	0,54	0,82
	H _O	0,91	0,83	0,92	0,89	0,62	0,79	0,81	0,94	0,72	0,85	0,92	0,87	0,70	0,88	0,54	0,81
MAT 2008	Ar	8,62	7,48	10,58	7,59	4,89	7,87	7,11	9,74	6,40	4,71	11,02	9,18	4,25	9,24	s. o.	7,76
	H _E	0,88	0,87	0,94	0,87	0,78	0,89	0,85	0,93	0,82	0,74	0,95	0,91	0,71	0,90	s. o.	0,86
	H _O	0,90	0,91	0,96	0,88	0,86	0,89	0,82	0,93	0,92	0,86e	0,90	0,91	0,67	0,86	s. o.	0,88
MAT 2009	Ar	8,87	7,93	10,58	7,76	5,26	7,95	8,03	9,28	5,65	5,04	11,00	9,00	4,53	9,41	5,90	7,88
	H _E	0,90	0,89	0,94	0,86	0,77	0,89	0,89	0,92	0,75	0,95	0,91	0,95	0,70	0,90	0,89	0,87
	H _O	0,89	0,93	0,95	0,89	0,81	0,87	0,88	0,90	0,77	0,96	0,90	0,98	0,64	0,85	0,91	0,89
MAT 2010	Ar	8,56	7,66	11,12	7,65	5,11	7,73	7,62	9,38	5,69	4,38	11,05	8,89	4,65	9,07	5,60	7,75
	H _E	0,89	0,88	0,95	0,86	0,77	0,88	0,88	0,92	0,72	0,72	0,95	0,91	0,71	0,90	0,80	0,85
	H _O	0,88	0,82	0,94	0,89	0,79	0,86	0,85	0,86	0,70	0,64	0,96	0,96	0,72	0,83	0,78	0,84

ANNEXE V. Matrice des F_{ST} entre les échantillons historiques. Les valeurs significatives sont indiquées en gras. Les valeurs des F_{ST} intrapopulation sont grisées.

	TRI1959	TRI1978	TRI1992	TRI2004	GOD1959	GOD1978	GOD1992	GOD2004	MAT1959	MAT1978	MAT1992	MAT2004	SJE1959	SJE1978	SJE1992	SJE2004	SMA1959	SMA1978	SMA1992
TRI1978	0,002																		
TRI1992	0,000	0,003																	
TRI2004	0,002	0,000	0,002																
GOD1959	0,013	0,013	0,017	0,015															
GOD1978	0,007	0,006	0,010	0,006	0,000														
GOD1992	0,020	0,018	0,026	0,019	0,005	0,006													
GOD2004	0,020	0,018	0,025	0,021	0,000	0,005	0,001												
MAT1959	0,033	0,030	0,034	0,027	0,037	0,030	0,043	0,046											
MAT1978	0,031	0,027	0,032	0,024	0,035	0,025	0,041	0,043	0,002										
MAT1992	0,026	0,021	0,027	0,020	0,029	0,020	0,036	0,037	0,005	0,000									
MAT2004	0,023	0,020	0,024	0,018	0,030	0,021	0,037	0,041	0,005	0,002	0,003								
SJE1959	0,037	0,029	0,037	0,028	0,041	0,026	0,046	0,049	0,017	0,007	0,009	0,008							
SJE1978	0,037	0,033	0,039	0,031	0,046	0,030	0,054	0,055	0,019	0,010	0,013	0,009	0,002						
SJE1992	0,028	0,030	0,030	0,030	0,043	0,028	0,047	0,051	0,026	0,021	0,018	0,017	0,010	0,009					
SJE2004	0,028	0,029	0,032	0,026	0,040	0,026	0,045	0,048	0,014	0,010	0,011	0,006	0,005	0,002	0,006				
SMA1959	0,033	0,030	0,031	0,030	0,041	0,034	0,047	0,048	0,036	0,030	0,023	0,028	0,032	0,037	0,034	0,034			
SMA1978	0,037	0,036	0,032	0,034	0,046	0,039	0,051	0,054	0,044	0,035	0,029	0,034	0,037	0,043	0,049	0,042	0,005		
SMA1992	0,027	0,024	0,025	0,024	0,035	0,030	0,041	0,041	0,036	0,028	0,021	0,026	0,032	0,036	0,038	0,033	0,001	0,002	
SMA2004	0,034	0,030	0,031	0,028	0,041	0,032	0,042	0,046	0,037	0,029	0,024	0,027	0,029	0,033	0,037	0,032	0,002	0,003	0,000



*Développement durable,
Environnement,
Faune et Parcs*

Québec 