



Pêches et Océans
Canada

Fisheries and Oceans
Canada

Sciences des écosystèmes
et des océans

Ecosystems and
Oceans Science

Secrétariat canadien de consultation scientifique (SCCS)

Document de recherche 2018/044

Région des Maritimes

Évaluer la réussite de la conservation des caractéristiques génétiques de la population de saumons de l'Atlantique (*Salmo salar*) de l'intérieur de la baie de Fundy sur trois générations de reproduction et d'élevage en captivité

Patrick T. O'Reilly¹, Carolyn Harvie¹, Sherisse McWilliam², Beth Lenentine² et Ross Jones³

¹Pêches et Océans Canada
Institut océanographique de Bedford
C.P. 1006, 1, promenade Challenger
Dartmouth (Nouvelle-Écosse)
Canada B2Y 4A2

²Pêches et Océans Canada
Centre de biodiversité de Coldbrook
1420, chemin Fish Hatchery
Coldbrook (Nouvelle-Écosse) B4R 1B5

³Pêches et Océans Canada
Centre des pêches du Golfe
C.P. 5030, 343, avenue University
Moncton (Nouveau-Brunswick) E3C 9B6

Avant-propos

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

Publié par :

Pêches et Océans Canada
Secrétariat canadien de consultation scientifique
200, rue Kent
Ottawa (Ontario) K1A 0E6

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



© Sa Majesté la Reine du chef du Canada, 2019
ISSN 2292-4272

La présente publication doit être citée comme suit :

O'Reilly, P.T., Harvie, C., McWilliam, S., Lenentine, B., et Jones, R. 2019. Évaluer la réussite de la conservation des caractéristiques génétiques de la population de saumons de l'Atlantique (*Salmo salar*) de l'intérieur de la baie de Fundy sur trois générations de reproduction et d'élevage en captivité. Secr. can. de consult. sci. du MPO. Doc. de rech. 2018/044. iv + 10 p.

Also available in English :

O'Reilly, P.T., Harvie, C., McWilliam, S., Lenentine, B., and Jones, R. 2019. Genetic Change in Inner Bay of Fundy Atlantic Salmon (*Salmo salar*) Across Three Generations of Captive Breeding and Rearing. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2018/044. iv + 8 p.

TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ	IV
SOMMAIRE EXÉCUTIF	1
RÉFÉRENCES	10

RÉSUMÉ

Le programme de banque de gènes vivants pour le saumon atlantique de l'intérieur de la baie de Fundy (*Salmo salar*) existe depuis un peu plus de 15 ans et couvre 3 générations. Dans le présent examen, nous évaluons les taux prévus de perte de variance génétique jusqu'en 2015 dans la population de référence de la rivière Stewiacke, en utilisant trois approches différentes. Premièrement, le programme PMx et les données généalogiques sur plusieurs générations permettent de surveiller la diversité des gènes, la rétention des allèles fondateurs et les niveaux de consanguinité dans les groupes de l'année de reproduction (ensembles de saumons reproduits au cours d'une année donnée), d'une année à l'autre; puisque les estimations d'apparentement du saumon G0 (fondateur) ont été incluses dans le pedigree, les mesures mentionnées concernent en réalité les parents invisibles et non échantillonnés (saumon G-1) des fondateurs G0. Deuxièmement, nous mentionnons les niveaux de variance génétique moléculaire, tels que le nombre d'allèles observés, la richesse en allèles, l'hétérozygotie effective et l'hétérozygotie observée, pour les groupes correspondants à l'année de reproduction, d'une année à l'autre. Troisièmement, nous utilisons les données démographiques (y compris la taille de la population adulte du recensement, les données sur le sex-ratio sexe et la variance de la taille de la famille à maturité) pour estimer le nombre effectif de reproducteurs et, dans certains cas, la taille effective de la population; le cas échéant, ces données servent à estimer les taux prévus de perte de diversité génétique et d'accumulation de consanguinité dans le temps. Dans l'ensemble, nous nous attendons à une certaine, mais généralement minime, perte de variance génétique et accumulation de consanguinité entre les générations G0 et G2 ou G3 de saumon. Une grande partie de la variance génétique qui devrait être perdue et de la consanguinité accumulée peut être directement liée à la taille très inégale de la famille apparentée G0 et, essentiellement, au moment de la collecte des reproducteurs d'origine.

Nous étudions également les changements génétiques du saumon atlantique de l'intérieur de la baie de Fundy associés à l'introgession possible de gènes provenant de sources de saumon atlantique d'élevage et sauvage voisines. Les résultats de plusieurs analyses différentes concordent avec le flux génétique historique de sources sauvages de l'extérieur de la baie de Fundy vers les populations voisines de l'intérieur de la baie de Fundy, le long du côté néo-brunswickois de l'intérieur de la baie. L'évolution de la dynamique des populations après 1995 s'est probablement traduite par des taux continus, voire accrus, de flux génétique entre les populations de l'extérieur de la baie et celles de la baie de Chignecto au cours des dernières années; les populations du bassin Minas de l'intérieur de la baie ont peut-être été plus isolées. Nous trouvons également des signes de la présence et du frai réussi du saumon d'élevage européen dans plusieurs rivières (sur plusieurs années) de l'intérieur de la baie de Fundy, en particulier celles de la baie de Chignecto.

SOMMAIRE EXÉCUTIF

Dans les années 70 et 80, des milliers de saumons atlantique adultes (*Salmo salar*) retournaient chaque année dans les environ 50 rivières de l'intérieur de la baie de Fundy (IBF) pour frayer. Le nombre d'adultes de retour a fortement diminué à partir de la seconde moitié des années 80 pour se maintenir tout au long des années 90, pour atteindre environ 250 individus en 1999. Pour la période de 1998 à 2001, Pêches et Océans Canada (MPO) a recueilli certains des derniers saumons atlantique juvéniles sauvages de l'IBF dans les rivières Stewiacke (STW) et Big Salmon (RBS) et a lancé un programme de reproduction et d'élevage en captivité ou de banque de gènes vivants (BGV) pour ce groupe de saumons atlantique en voie de disparition, empêchant probablement leur disparition complète. En 2001, un programme de BGV a également été lancé pour la population phénotypiquement distincte de la rivière Gaspereau (GAK) du saumon de l'Atlantique de l'IBF. Cependant, le maintien de petites populations fermées en captivité sur plusieurs générations n'est pas sans risque, et le programme de BGV de l'IBF est maintenant en vigueur depuis 15 à 20 ans, soit depuis 3 ou 4 générations de saumons. Le présent document a pour objet de passer en revue les modifications génétiques (perte de variance génétique, telle que l'accumulation de consanguinité et les modifications de la distribution de la fréquence des allèles induites par la dérive) associées à des processus neutres au cours du programme (de 1998 à 2015). Certains des changements possibles associés aux processus non neutres (p. ex. la sélection pour les conditions de captivité ou la domestication) ont été évalués dans un document d'accompagnement (Harvie et coll. 2018). Les résultats étaient principalement basés sur la population de la BGV de la STW parce que :

- a) la portion G1 à G4 du pedigree de la STW est à la fois très précise et complète;
- b) les populations de la BGV de la RBS et de la GAK n'étaient ou ne sont pas fermées, et les niveaux de variation au sein de la population chez les premières semblent augmenter avec le temps;
- c) les contraintes de temps ont limité l'inclusion de l'information provenant d'autres populations de la BGV.

Dans le présent rapport, nous étudions également les changements génétiques associés à l'introgession possible de gènes de saumons sauvages et d'élevage voisins dans les populations de saumons atlantique de l'IBF, qui auraient pu augmenter après 1990, ainsi que les réductions marquées de la taille des populations de l'IBF par rapport à certaines populations sources potentielles dans cette région.

L'analyse d'apparement d'environ 1 000 saumons de la génération G0 d'origine de la STW (tacons sauvages recueillis entre 1998 et 2001) indique la présence d'une structuration familiale considérable, plus de la moitié de tous les individus étant regroupés en aussi peu que 10 grands groupes de demi-fratrie, et plus de 10 % en un seul très grand groupe de demi-fratrie de 117 individus. En l'an 2000, ces estimations de la parenté de premier ordre ont été utilisées pour minimiser la consanguinité chez la génération suivante; au cours des années subséquentes, cette information a également été utilisée pour estimer les valeurs d'apparement moyen et pour établir les priorités du frai pour le saumon.

La prise en compte des caractéristiques démographiques de la population de la STW entre 1967 et 2015, les tendances de la diversité familiale observées dans les quatre groupes d'années de collecte (de 1998 à 2001) analysées, le degré de chevauchement prévu des familles étroitement apparentées entre les groupes d'années de collecte produits avant et après 1995, et d'autres données dans ce rapport suggèrent que les niveaux initiaux et ultérieurs de

diversité génétique fondatrice auraient été considérablement plus élevés et que la consanguinité actuelle serait plus faible si les collectes avaient été effectuées deux ans auparavant (entre 1996 et 1999). Des collections antérieures auraient probablement :

- 1) contenues plus de familles de demi-fratrie et de même fratrie;
- 2) présentées une plus faible variance dans la taille des familles de demi-fratrie;
- 3) présentées moins de divergence entre la taille moyenne de familles de demi-fratrie et de familles de même fratrie, comme on l'observe habituellement dans les collections de juvéniles provenant de plus grandes populations voisines de saumons atlantique de la région des hautes terres du sud de la Nouvelle-Écosse.

La décision de lancer des programmes de reproduction et d'élevage en captivité (REC) ou de BGV pour les salmonidés est influencée par de nombreux facteurs, notamment la reconnaissance du fait que la libération d'animaux produits et élevés en captivité peut nuire aux populations sauvages et que de telles activités posent probablement un plus grand risque aux petites populations en voie de disparition qu'aux grandes populations en santé. Cependant, ces résultats mettent également en lumière certains des coûts liés au report des mesures de REC au-delà d'un certain point (même de quelques années seulement), tels que des niveaux inférieurs de la variance génétique des individus fondateurs initiale, des taux accrus de perte de variation génétique dans l'avenir et une accumulation plus rapide de la consanguinité, qui pourraient influencer sur les efforts ultérieurs pour rétablir des populations sauvages autonomes dans l'avenir.

L'efficacité du programme de BGV à réduire au minimum les taux de perte de variance génétique dans les conditions actuelles et sur la durée du programme (de 1998 à 2015) a été directement évaluée en utilisant trois approches. Premièrement, le programme PMx a été utilisé pour évaluer les niveaux de variance génétique généalogique dans les groupes de saumons reproduits au cours d'une année donnée (appelés ici groupes correspondants à l'année de reproduction) dans la production de la prochaine génération de saumons de la BGV de 2000 jusqu'en 2012-2015, selon les mesures mentionnées. Étant donné que les estimations d'apparentement entre les saumons de la génération G0 ont été incorporées dans le pedigree de la STW, les estimations des contributions des individus fondateurs et des taux de perte de la variance génétique des individus fondateurs se rapportent à la génération G-1, et plus particulièrement aux parents invisibles et non échantillonnés des saumons de la génération G0 reproduits dans la production du saumon G1 de la BGV. Par conséquent, les résultats reflètent non seulement les effets de la gestion du programme de la population de la BGV de la STW de 2000 à 2015, mais aussi le nombre de reproducteurs et la structure de reproduction qui ont produit la génération G0 de tacons sauvages collectés. Les parents femelles de demi-fratrie G-1 des grandes familles de demi-fratrie G0 mentionnées ci-dessus ont laissé un grand nombre de descendants de la génération G2 et ont contribué de façon disproportionnée aux génomes du saumon de la génération G2 (par rapport aux parents femelles de demi-fratrie G-1 des petits groupes de demi-fratrie G0 et aux parents mâles de même fratrie G-1 des groupes de même fratrie G0). La rétention de l'allèle fondateur chez les parents femelles de demi-fratrie G-1 des groupes de demi-fratrie G0 modérément grands approchait 1,0, ce qui indique que les multiples contributions génétiques supplémentaires observées chez les parents femelles de demi-fratrie G-1 des très grandes familles de demi-fratrie G0 étaient susceptibles d'ajouter peu à la moyenne de rétention individuelle et globale de l'allèle fondateur. Par ailleurs, la rétention de l'allèle fondateur chez les parents femelles de demi-fratrie G-1 des petits groupes de demi-fratrie G0 et chez tous les parents mâles de même fratrie G-1 de groupes de même fratrie G0 était nettement inférieure; des contributions supplémentaires des fondateurs auraient probablement permis d'accroître considérablement la rétention de l'allèle fondateur de ces

saumons de génération G-1. Comme on pouvait s'y attendre, le nombre total d'allèles fondateurs conservés dans la population de la BGV de la STW a diminué à un rythme relativement élevé au fil du temps, passant d'un maximum d'environ 380 cas observés dans le groupe correspondant à l'année de reproduction 2004 à un minimum d'environ 175 dans celui de 2014, mais les déclinés dans les ensembles correspondants à l'année de reproduction (composés de plusieurs groupes liés à l'année de reproduction correspondant approximativement aux générations individuelles de saumon de l'IBF) étaient moins marqués pour cette période (approximativement 600 à 400). Les réductions observées reflètent probablement la taille effective finie de la population du programme dans les générations G1 à G2, mais aussi l'inégalité de la contribution originale des parents fondateurs G-1. D'autres mesures de la variance génétique des individus fondateurs, telles que la diversité génétique, ont peu changé pendant la durée du programme, allant de 0,990 à 0,995 pour différents groupes correspondants à l'année de reproduction, augmentant peut-être légèrement au cours des premières années (probablement en raison du mélange des groupes des quatre groupes d'années de collecte et des ensembles associés de familles qui ne se chevauchent pas beaucoup), et diminuant potentiellement par la suite (de 2005 à 2014), mais seulement légèrement (à environ 0,992).

La consanguinité moyenne des familles ou des descendants (une mesure de la variance génétique intra-individuelle) produits par les saumons mâles et femelles ayant frayé au cours d'une année donnée entre 2000 et 2015 variait entre $F \sim 0,001$ et $0,005$, diminuant généralement entre 2003 et 2008, pour ensuite augmenter entre 2008 et 2012, et éventuellement diminuer à nouveau jusqu'en 2014. Les analyses des origines exactes de la consanguinité indiquent que la consanguinité moyenne initiale élevée était due à la présence d'un très petit nombre (3 à 5) de croisements très consanguins ($F = 0,125$), en grande partie en raison de la taille élevée des familles de demi-fratrie G0, et donc des fortes probabilités que des croisements non planifiés ou mal prescrits ont mis en cause des individus de demi-fratrie, et en raison de la faible profondeur du pedigree des ancêtres communs aux premiers couples de reproducteurs. Les premiers déclinés reflétaient la transition des reproducteurs G0 aux reproducteurs G1, les réductions marquées de la taille des familles qui en ont résulté et les faibles probabilités que des croisements non planifiés ou prescrits de façon incorrecte mettaient en cause des individus apparentés. Les changements obligatoires dans la méthodologie d'attribution des pedigrees, de l'approche fondée sur l'apparentement à l'approche fondée sur la filiation pour ces deux générations (voir le rapport pour de plus amples renseignements), et l'augmentation de la profondeur du pedigree des ancêtres de demi-fratrie G-1 communs aux couples de saumon reproduits à la génération G1, par rapport à la génération G0, ont également contribué aux réductions observées. L'augmentation de la consanguinité familiale moyenne observée de 2009 à 2012 coïncide avec :

- 1) la transition approximative des descendants des générations G2 à G3;
- 2) une augmentation marquée du nombre de croisements où le mâle et la femelle partagent au moins un ancêtre commun;
- 3) l'augmentation du nombre d'ancêtres communs aux saumons mâles et femelles reproduits au cours d'une année donnée ou, en d'autres termes, le début d'une consanguinité retardée inévitable.

Des analyses détaillées indiquent que presque tous les ancêtres communs aux couples reproducteurs mâles et femelles croisés au cours d'une année donnée étaient des individus de la génération G-1, et presque tous étaient des parents femelles de demi-fratrie G-1 de très grandes familles de demi-fratrie G0.

Reconnaissant les répercussions de la reproduction de plusieurs représentants de familles de demi-fratrie G0 (dans une tentative de saisir la variance génétique associée à plusieurs familles de même fratrie) sur les taux de perte de l'allèle fondateur et l'accumulation de consanguinité dans l'avenir, nous avons effectué une analyse de modélisation basée sur les PMx pour évaluer l'efficacité des autres régimes de sélection des individus fondateurs pour minimiser la perte de variance génétique et l'accumulation de consanguinité jusqu'à la génération G10. Ni la sélection d'un représentant par groupe de demi-fratrie G0 (maximisant l'uniformité de la contribution des femelles de demi-fratrie G-1 au détriment de la représentation des mâles de même fratrie G-1) ni celle d'un représentant par groupe de même fratrie (maximisant la représentation des parents mâles de même fratrie G-1, au détriment de la parité des femelles de demi-fratrie G-1) n'ont entraîné les taux de perte de variance génétique ou l'accumulation de consanguinité les plus faibles au fil du temps (dans les conditions examinées). Un régime intermédiaire, où un maximum de cinq saumons G0 par groupe de demi-fratrie (chacun d'une famille de même fratrie différente) ont été sélectionnés comme reproducteur d'origine de la génération G1, a entraîné des taux légèrement inférieurs de perte de variance génétique et une réduction marquée de l'accumulation de la consanguinité jusqu'à la génération G10. L'apparemment moyen classé (un régime de gestion des stocks de géniteurs récemment mis au point, qui s'est révélé efficace lorsque la taille de la famille est très inégale) a donné des résultats semblables et est plus facile à mettre en œuvre sur le plan opérationnel.

Dans la deuxième approche utilisée pour évaluer l'efficacité du programme à conserver la diversité génétique, nous avons surveillé les changements dans les niveaux de variance génétique moléculaire sur trois générations de reproduction et d'élevage en captivité. L'hétérozygotie moyenne observée (H_o) des groupes correspondants à l'année de reproduction de la STW a généralement augmenté, passant d'environ 0,840-0,850 au début du programme à une valeur maximale d'un peu plus de 0,880 en 2013, probablement en raison du mélange continu des quatre collections des premières années d'individus fondateurs (de 1998 à 2001), qui étaient constituées de familles de demi-fratrie légèrement superposées, mais différentes. L'hétérozygotie observée semble ensuite avoir fortement diminué pendant deux années consécutives pour atteindre environ 0,845 en 2015, une valeur similaire à celle observée au début de l'étude. Ce déclin possible à partir de l'année 2014 arrive précisément quatre ans (une génération) après l'augmentation observée de la fréquence et de la prévalence des ancêtres femelles de demi-fratrie G-1 communs aux couples de parents mâles et femelles ayant frayé au cours d'une année donnée (début 2010), et les augmentations parallèles de la consanguinité familiale moyenne prévues dans cette génération. L'hétérozygotie moyenne prévue (H_e) des groupes correspondants à l'année de reproduction de la STW variait beaucoup moins d'une année à l'autre, variant généralement de 0,840 à 0,850, les premiers et derniers groupes correspondants de l'année de reproduction présentant des valeurs presque identiques (juste au-dessus de 0,840). Le nombre d'allèles observés ($\#A$) vu uniquement dans les groupes correspondants de l'année de reproduction de la STW variait davantage avec le temps, passant initialement d'environ 16,0 en 2000 à près de 17,5 en 2004 (résultat probable du mélange initial des 4 collections des premières années d'individus fondateurs et des familles associées). Les valeurs ont ensuite diminué lentement jusqu'à la fin de l'étude pour s'établir à un peu moins de 15,0. Les estimations de la richesse en allèles (N_e) observées dans les groupes correspondants à l'année de reproduction de la STW étaient semblables et parallèles à celles signalées pour le $\#A$. Des analyses détaillées indiquent que les allèles effectivement perdus étaient soit de courtes variantes européennes suspectes (activement sélectionnées contre), soit, de manière générale, des allèles très rares (1 sur environ 2000 allèles G0 testés) qui ne sont pas prévus d'être retenus.

Les distributions de la fréquence des allèles des groupes correspondants à l'année de reproduction de la STW (de 2000 à 2003) étaient significativement différentes de celles des

groupes correspondants à l'année de reproduction (de 2011 à 2015) dans les tests génétiques et génotypiques, et les niveaux de différenciation (F_{ST}) entre certains couples des premiers et derniers groupes correspondants à l'année de reproduction étaient modérés en magnitude (p. ex. $F_{ST} = 0,003\ 94$ pour les couples du prélèvement d'échantillons de 2000 par rapport à 2013). Toutefois, les plus grandes différences observées dans cette étude ont été vues entre les premiers couples voisins de groupes correspondants à l'année de reproduction au cours de la période allant de 2000 à 2003 (p. ex., $F_{ST} = 0,004\ 07$ pour 2001 par rapport à 2003 et $0,006\ 11$ pour 2000 par rapport à 2003). Ces premiers groupes correspondants à l'année de reproduction se composaient de proportions variables de saumons G0 recueillis au cours de chacune des années de 1998 à 2001, qui à leur tour étaient composés d'ensembles de familles quelque peu différents; les saumons de génération ultérieure étaient composés de lignées de plus en plus homogénéisées de la plupart des familles G0 originales. La divergence observée entre certains couples des premiers et derniers groupes correspondants à l'année de reproduction reflète probablement l'absence complète d'un sous-ensemble de familles dans certains des premiers groupes correspondants à l'année de reproduction, mais la présence de la plupart des familles (ou de leurs descendants) dans les derniers groupes correspondants à l'année de reproduction, par opposition aux changements induits par la dérive dus à la petite taille des populations. Cette interprétation est étayée par les observations suivantes :

- 1) l'écart entre les groupes de géniteurs de 2002 ou de 2003 (composés de représentants de la plupart ou tous des quatre groupes des années de collecte 1998-2001) et chacun des groupes de géniteurs des dernières années (2011-2015) a beaucoup diminué ($F_{ST} = 0-0,00273$, $\bar{X} = 0,001\ 0$);
- 2) le groupe fondateur G0 combiné (tous les groupes des années de collecte 1998-2001 combinés) n'était pas significativement différent du groupe des géniteurs des dernières années (2011-2015);
- 3) les estimations par paires de F_{ST} entre le premier et le second étaient toutes très faibles ($F_{ST} = 0-0,00047$, $\bar{X} = 0,000\ 152$).

Enfin, dans la troisième approche utilisée pour évaluer l'efficacité prévue du programme dans la réduction au minimum les taux de perte de variance génétique, nous avons évalué plusieurs paramètres démographiques de la population, y compris le nombre de géniteurs mâles et femelles, le sex-ratio, la variance de la taille des familles des descendants à maturité (au moment du frai) et le nombre effectif de reproducteurs (N_b) pour les années 2000 à 2012, et cette information a servi à estimer les taux prévus de perte de variance génétique et le degré de consanguinité au fil du temps. Environ 100 mâles et 100 femelles (ou plus) se sont reproduits chaque année entre 2000 et 2012, et le sex-ratio au cours d'une année donnée se situait à quelques points de pourcentage près de 1,0, sauf en 2000, où 149 mâles et 174 femelles se sont reproduits, et le rapport des mâles aux femelles était de 0,856. La variation de la taille de la famille (V_k) à la maturation (frai) variait de 0,609 (en 2011) à 3 274 (en 2002), mais était généralement inférieure à 1,0; la variation de la taille des familles normalisée à la moyenne (V_k/K) était inférieure à 1,0 pour toutes les années (parfois de façon marquée), sauf les années 2000 (1 185) et 2002 (1 864). Le nombre effectif de reproducteurs (en tenant compte de V_k et des écarts du sex-ratio par rapport à 1,0) variait d'un minimum de 153,4 en 2002 à un maximum de 473,5 en 2006, et était généralement de 250 ou plus en 2003 et toutes les années suivantes. Les ratios N_b/N_c variaient de 0,667 à 1 589, et étaient supérieurs à 1,0 en 2003 et toutes les années suivantes. Nous avons également estimé N_e en nous basant sur le succès de reproduction individuel au cours de la vie tel qu'il est consigné par le programme PMx pour chacune des années 2000 à 2010. Les estimations de N_e variaient d'un minimum de 104,3 en 2001 à un maximum de 271,1 en 2010, et ont été, au cours d'une année donnée, généralement réduites par rapport aux estimations de N_b . Ces résultats légèrement divergents reflètent le frai

de certains individus à faible apparemment moyen au cours de plus d'une année, ainsi que les grandes tailles de la famille qui y sont associées, et une valeur V_k plus élevée. Toutefois, à partir de 2006, les estimations de N_b et les estimations de N_e basées sur PMx étaient plus similaires, ces dernières se situant généralement entre 150 et 200. À partir de 2013, les cinq groupes des classes d'âge de la BGV de la STW présenteront des caractéristiques de population ne se chevauchant pas, et $N_b = N_e$. Si un nombre similaire de parents se reproduisent chaque année (100 mâles et 100 femelles), un sex-ratio similaire est atteint (près de 1,0), les géniteurs sont obtenus exclusivement à partir de descendants exposés au milieu naturel gérés de façon similaire à ceux qui ont été produits en 2010-2012 de sorte que la valeur V_k est comparable à celle que l'on observe pour ces trois groupes de classes d'âge, et les données généalogiques d'un nombre similaire de descendants génotypés sont disponibles et utilisées pour réduire V_k , alors V_d/K devrait varier entre environ 0,4 et 0,7, et N_e entre 250 et 300. Dans ces conditions, F devrait s'accumuler à un taux approximatif de $F = 0,002$ par génération, passant à environ 0,035 d'ici à la génération G20. Compte tenu de ces mêmes conditions démographiques, on s'attend à ce que la diversité génétique passe de 1,0 à environ 0,998 pour la génération G1, et à 0,96 pour la génération G20. Des objectifs similaires de consanguinité et de conservation de la variance génétique peuvent également être atteints en utilisant plusieurs autres régimes de gestion abordés dans le présent rapport, chacun variant en ce qui concerne :

- a) la disponibilité et l'utilisation de l'information sur le génotype et des données généalogiques;
- b) l'utilisation;
 - i) de descendants exclusivement élevés en captivité;
 - ii) de descendants exclusivement exposés au milieu naturel;
 - iii) de descendants élevés en captivité et exposés au milieu naturel.
- c) le nombre d'adultes frayant au cours d'une année donnée (N_c).

Les rivières de l'IBF, en particulier les bassins versants les plus au nord-ouest du côté de la baie Chignecto de l'IBF, se trouvent à quelques dizaines de kilomètres du fleuve Saint-Jean qui, de 1990 à 2005, aurait pu être une source potentielle de grands nombres d'écloseries et de poissons errants. Ces mêmes rivières de l'IBF étaient également situées à quelques dizaines de kilomètres de plus des régions de Passamaquoddy et de la baie Cobscook où, tout au long des années 1990, un nombre important et croissant de postsaumoneaux et de saumons adultes d'élevage ont été élevés pour le grossissement en mer. Au même moment, les populations fluviales de l'IBF étaient en déclin et, à la fin de cette période, étaient probablement constituées de quelques dizaines de montaisons d'adultes. Compte tenu de la dynamique des populations de ces sources potentielles à proximité (saumons sauvages errants dans le fleuve Saint-Jean et saumons d'élevage fugitifs) et des populations destinataires de l'IBF, il existait un risque de taux élevés de flux génétique des gènes de saumons sauvages de l'extérieur de la baie de Fundy (EBF) et des saumons d'élevage dans les populations de l'IBF.

La réduction des estimations par paires de F_{ST} entre les prélèvements d'échantillons dans la rivière Tobique (TOB) ou la rivière Nashwaak (NSH) obtenus aux alentours de l'an 2001 et les prélèvements contemporains dans la RBS par rapport à ceux que l'on observe entre ces deux prélèvements dans le fleuve Saint-Jean et ceux qui ont été obtenus dans les rivières STW et GAK au même moment ou vers cette date laisse entendre que, même avant le dernier déclin spectaculaire de la population de l'IBF, le flux génétique de l'EBF vers les rivières proches du côté de la baie Chignecto de l'IBF était élevé comparativement au flux vers les populations plus lointaines du bassin Minas. Le flux génétique initial élevé du fleuve Saint-Jean à la baie de Chignecto par rapport aux populations du bassin Minas est également suggéré par ce qui suit :

-
- 1) les résultats sur le plan de la *structure* de ces mêmes échantillons initiaux montrent une réduction du partage des génomes des saumons de l'Atlantique individuels prélevés dans le bassin Minas avec les prélèvements d'échantillons de référence du fleuve Saint-Jean comparativement à ceux prélevés dans la RBS;
 - 2) les résultats des essais individuels basés sur la fréquence montrant :
 - i) une auto-affectation élevée (en utilisant des procédures d'exclusion) des échantillons de référence de la STW et de la GAK;
 - ii) une faible affectation croisée de ces mêmes individus aux prélèvements d'échantillons de référence du fleuve Saint-Jean par rapport à celle que l'on observe pour les échantillons de référence de la RBS.
 - 3) un déséquilibre des liens élevé observé pour le prélèvement d'échantillons de référence dans le fleuve Saint-Jean par rapport aux prélèvements d'échantillons de référence obtenus à partir des populations de STW et de GAK plus petites et à plus faible variance génétique analysée;
 - 4) une réduction marquée de la prévalence (dans la plupart des cas, une absence complète) des génotypes d'ADN mitochondrial de clades 1 à 3 (ADNmt) dans les rivières qui se jettent du côté de la baie de Chignecto de l'IBF comparativement à celles qui se jettent dans le bassin Minas.

Le flux génétique des grandes populations sauvages du fleuve Saint-Jean d'une part et des populations en captivité et populations de la RBS de la BGV d'autre part semble se poursuivre, comme l'indiquent a) les estimations par paires de la F_{ST} en baisse entre les prélèvements initiaux dans la NSH (2000) et les prélèvements annuels des dernières années (2000 à 2015) de saumoneaux exposés au milieu naturel (provenant à l'origine de la BGV) et de saumoneaux produits à l'état sauvage obtenus dans la RBS et b) les analyses phylogéniques portant sur le même prélèvement d'échantillons dans la NSH et plusieurs types différents de prélèvements obtenus dans la RBS, les prélèvements d'échantillons d'adultes dans la RBS étant concentrés le plus près des prélèvements dans la NSH, suivis (en général) des prélèvements de saumoneaux produits à l'état sauvage, puis des prélèvements de saumoneaux exposés au milieu naturel (provenant à l'origine de la BGV). Le flux génétique continu de sources externes dans la RBS correspond également à l'augmentation observée des paramètres $\#A$ et N_a dans les groupes de reproducteurs des années 2000 à 2015 de saumons de la RBS; ces paramètres semblent diminuer lentement dans les groupes de reproducteurs de la STW pendant cette même période, comme on peut s'y attendre pour des populations fermées dont l'effectif de la population est limité. Le nombre d'allèles observés ($\#A$) et la valeur N_a semblent également augmenter dans les ensembles a) de saumoneaux de la RBS provenant à l'origine de la BGV, b) de saumoneaux de la RBS d'origine sauvage, et c) d'adultes de la RBS d'origine sauvage, produits dans chacune des années 2000 à 2012.

Les recherches sur la présence et le succès du frai du saumon atlantique provenant de sources voisines de saumon d'élevage dans l'IBF (et les inférences concernant l'hybridation et l'introggression) sont entravées par les facteurs suivants :

- a) la non-disponibilité d'échantillons de référence pertinents dans le temps provenant de toutes les sources de l'industrie dans le secteur;
- b) l'origine locale présumée (fleuve Saint-Jean) de certains stocks de géniteurs utilisés dans le secteur et la différenciation faible (*et potentiellement en déclin*) entre ce stock et les saumons de l'IBF, en particulier ceux de la RBS ($F_{ST} \sim 0,02$);

-
- c) la faible valeur N_e de certaines populations de l'IBF (au cours de certaines années) et les modifications rapides prévues de la distribution de la fréquence des allèles causées par le courant de dérive, attendues de génération à génération.

De plus, même si l'on pouvait déterminer avec précision les saumons originaires du fleuve Saint-Jean dans les populations de l'IBF à l'aide d'essais d'affectation traditionnels, il pourrait être impossible de déterminer si les saumons du fleuve Saint-Jean suspects sont soit a) des saumons d'élevage fugitifs originaires du fleuve Saint-Jean, soit b) des individus errants sauvages du fleuve Saint-Jean.

Entre 1989 et 1995, on a importé du saumon européen (Landcatch) dans le Maine; peu de temps après, il s'est répandu dans 30 à 50 % des stocks de géniteurs de saumon d'élevage utilisés par les éleveurs américains (Baum 1998). On a depuis détecté des marqueurs génétiques de l'ascendance européenne (EU) chez des saumons d'élevage fugitifs d'origine canadienne (salmonidés juvéniles provenant directement d'écloseries prélevés dans la rivière Magaguadavic), ce qui indique la présence d'une ascendance européenne (et probablement entièrement européenne) chez les souches de saumon d'élevage au Nouveau-Brunswick. Étant donné que le saumon EU et le saumon d'Amérique du Nord (AN) sont (généralement) isolés du point de vue de la reproduction depuis environ un million d'années (Hurst *et al.* 1999; Nilsson *et al.* 2001) et divergent donc davantage sur le plan génétique, les saumons d'élevage EU fugitifs représentent probablement un risque accru pour le saumon en voie de disparition de l'IBF que les fugitifs d'origine locale (fleuve Saint-Jean). Cependant, ces individus (et leurs premiers descendants) devraient également être plus faciles à détecter dans les prélèvements d'échantillons de saumon atlantique obtenus dans les rivières de la baie de Fundy.

On a observé des allèles microsatellites nucléaires Ss1 et des haplotypes d'ADNmt couramment observés chez le saumon atlantique du continent EU, mais rarement observés dans les populations de l'AN, chez des juvéniles obtenus dans le cours supérieur de la rivière Salmon (CSRS) de l'IBF. Les individus présentant ces variants présentent également de courts allèles Ssa202 de type EU, précédemment signalés comme étant communs chez les saumons EU sauvages et les fugitifs d'élevage EU observés dans l'EBF. Ces mêmes juvéniles du CSRS présentaient également de courts allèles à trois loci supplémentaires (SSsp1605, SSsp2215 et SSsp1G7), que l'on observe également chez :

- a) les saumons d'élevage fugitifs EU prélevés dans la rivière Magaguadavic;
- b) les saumons d'élevage fugitifs présumés entièrement EU obtenus ailleurs dans les Maritimes;
- c) les saumons sauvages du continent européen; cependant, ils étaient rares ou absents dans les premiers prélèvements d'échantillons obtenus dans les rivières de l'IBF géographiquement plus isolées du bassin Minas.

Ces résultats constituent l'une des preuves les plus solides à ce jour de la présence et du frai du saumon d'élevage (et, en particulier, du saumon d'élevage EU) dans l'IBF. On a également observé de courts allèles de type EU à ces quatre mêmes loci (SSsp1605, SSsp1G7, SSsp2215 et Ssa202), pour lesquels les données génotypiques dans le secteur de la baie de Fundy sont largement disponibles, chez plusieurs saumons atlantique prélevés dans la STW en 1999. La concentration extrême des allèles à ces 4 loci chez seulement 3 des 1 000 saumons provenant de la STW analysés, la très faible fréquence prévue de ces génotypes si ces variants courts étaient effectivement des allèles rares d'AN, ainsi que d'autres éléments de preuve signalés (y compris l'héritage uniparental de multiples allèles courts de type EU sur les loci) indiquent que ces saumons atlantique étaient probablement des descendants initiaux (probablement immédiats) de saumons d'élevage fugitifs EU qui se sont reproduit dans la

rivière STW. On a aussi observé ces mêmes allèles courts de type EU comprenant ces 4 loci microsatellites nucléaires dans les premiers (2001-2004) prélèvements d'échantillons obtenus dans la rivière GAK; ils étaient concentrés de manière similaire chez seulement quelques individus, et indiquent également la présence probable d'une ascendance de saumon d'élevage EU dans cette population. On a également observé des individus présentant de courts allèles de type EU à 2 de ces 4 loci dans plusieurs autres prélèvements d'échantillons de l'IBF obtenus dans les rivières Mispéc, Black et Point Wolfe.

Toutefois, dans les premiers prélèvements de saumons atlantique juvéniles et adultes obtenus dans la RBS (1998-2001), les courts allèles de type EU à ces 4 loci étaient absents ou rares, et lorsqu'on les a observés, ils ne présentaient aucune concentration intra-individuelle notable comme celle qui a été signalée pour les descendants présumés EU du saumon d'élevage du CSRS, de la STW ou de la GAK décrits ci-dessus. Cependant, à partir de 2003 et jusqu'en 2015 au moins (la dernière année pour laquelle des informations sont disponibles), on a observé un ou plusieurs individus présentant de courts allèles Ssa202 de type EU dans presque tous les prélèvements d'échantillons annuels, grands ou petits (par exemple, N = 7), d'adultes ou de saumoneaux produits en rivière (pas originaires de la BGV), soit entre 5,0 et 33,3 %, (\bar{X} = 11,6) et entre 1,2 et 10,2 %, (\bar{X} = 5,11) de leurs prélèvements respectifs. Les niveaux très élevés de concentration d'allèles courts de type EU de 2 à 4 loci (y compris le locus Ssa202) dans les tacons ou les saumoneaux individuels prélevés au cours de plusieurs années ultérieures (entre 2009 et 2015), ainsi que les éléments de preuve supplémentaire décrits, indiquent une source d'élevage locale EU très probable pour au moins certains de ces allèles courts Ssa202 de type EU. Toutefois, étant donné la prévalence des saumoneaux et des saumons adultes de la RBS après 2003 présentant de courts allèles Ssa202 à ce seul locus, nous avons exploré d'autres origines possibles des variants courts Ssa202 dans l'IBF. On n'a pas observé de courts allèles Ssa202 (<255 pb) dans 43 des 45 prélèvements d'échantillons de juvéniles (représentant plus de 2 000 individus provenant de 2 rivières du bassin Minas et de 4 rivières de la baie Chignecto dans l'IBF) acquis principalement avant 1996 et analysés ailleurs; lorsque des allèles courts étaient observés, ils étaient peu nombreux (environ 1 sur 30 ou plus allèles analysés dans un prélèvement donné). De plus, on n'a observé aucun des variants courts Ssa202 (Ssa202-239 et Ssa202-247) couramment observés dans les prélèvements de l'IBF récemment obtenus dans ces premiers prélèvements. Ces résultats et d'autres résultats décrits dans le présent rapport laissent entendre que les allèles courts Ssa202 (communs chez les saumons sauvages EU et les saumons d'élevage fugitifs EU locaux) n'étaient pas présents à des fréquences modérées ou élevées et n'étaient pas largement répartis dans l'IBF avant 1996. Nous avons également étudié le rôle possible d'autres sources potentielles d'allèles courts Ssa202 dans les tendances couramment observées dans l'IBF, y compris l'émigration récente du fleuve Saint-Jean, où quelques allèles courts ont été observés dans les 4 loci du continent d'origine. Étant donné la faible fréquence des saumons à allèles courts Ssa202 observée dans plusieurs prélèvements d'échantillons du fleuve Saint-Jean analysés, ainsi que les résultats de l'établissement des liens de parenté indiquant qu'une proportion importante d'adultes de la RBS capturés au cours d'une année donnée (environ 30 à 70 %) sont des saumons de la RBS de deuxième génération au moins, le saumon de l'EBF semble être une source très inefficace d'allèles courts Ssa202, et il est peu probable qu'il soit à l'origine de la présence et de la prévalence de ces variants dans les prélèvements d'échantillons d'adultes ou de saumoneaux obtenus dans ce fleuve au cours des années récentes (2003 à 2015). Aucune des autres sources étudiées ne semble contribuer de manière majeure et plausible aux allèles courts Ssa202 observés de nos jours dans l'IBF.

Si les allèles courts Ssa202 présents dans les récents prélèvements de saumons de l'IBF reflètent à eux seuls la présence d'une ascendance de saumons d'élevage EU, environ 10 à

25 % des saumoneaux de la RBS produits en rivière peuvent présenter des gènes d'élevage EU, même si le pourcentage global des gènes d'élevage EU dans la population est probablement relativement faible (inférieur à 3 %). La pratique actuelle, qui consiste à prélever des saumoneaux à l'embouchure de la rivière RBS, et la priorité élevée accordée à la production de saumoneaux « en rivière » pour le frai (qui s'explique par de multiples raisons et est effectuée par plusieurs mécanismes) pourraient également accélérer l'introgession de gènes d'élevage EU supposés dans la population de la RBS de la BGV. Même si l'introgession de nouveaux gènes EU était réduite au minimum à l'avenir, les gènes des saumons d'élevage EU continueront à se répandre dans la population de la RBS de la BGV, même si le pourcentage d'ascendance EU chez un individu donné devrait, en moyenne, diminuer. Une certaine ascendance limitée de saumons d'élevage EU associée aux reproducteurs d'origine hybrides EU/AN présumés de la génération G0 persiste encore dans la population de la RBS de la BGV, mais est en voie d'être éliminée. L'ascendance de saumons d'élevage EU est un peu plus répandue dans la population de la GAK de la BGV, et il faudrait tenir compte des avantages de l'utilisation des données généalogiques pour éliminer les gènes EU supposés dans le contexte des coûts potentiels sur le plan de la perte des gènes indigènes de la GAK.

RÉFÉRENCES

- Baum, E.T. 1998. History and Description of the Atlantic Salmon Aquaculture Industry of Maine. DFO. Can. Stock Assess. Sec. Res. Doc. 98/152.
- Harvie, C., McWilliams, S., et O'Reilly, P. 2018. Effets de trois générations de reproduction et d'élevage en captivité sur la survie, la croissance et d'autres caractères phénotypiques du saumon de l'Atlantique (*Salmo salar*) de l'intérieur de la baie de Fundy. Secr. can. de consult. sci. du MPO, Doc. de rech. 2018/042.
- Hurst, C.D., Barlett, S.E., Davidson, W.S., and Bruce, I.J. 1999. The Complete Mitochondrial DNA Sequence of Atlantic Salmon, *Salmo salar*. *Gene* 239: 237-242.
- Nilsson, J., Gross, R., Asplund, T., Dove, O., Jansson, H., Kelloniemi, J., Kohlmann, K., Loytynoja, A., Nielsen, E.E., Paaver, T., Primmer, C.R., Titov, S., Vasemagi, A., Veselov, A., Ost, T., and Lumme, J. 2001. Matrilineal Phylogeography of Atlantic Salmon (*Salmo salar* L.) in Europe and Postglacial Colonisation of the Baltic Sea area. *Mol. Ecol.* 1: 89-102.