



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 2018/042**

**Région des Maritimes**

# **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 de l'intérieur de la baie de Fundy**

Carolyn Harvie<sup>1</sup>, Sherisse McWilliam<sup>2</sup> et Patrick T. O'Reilly<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup>Pêches et Océans Canada  
Centre de biodiversité de Mactaquac  
114, chemin Fish Hatchery  
French Village, NB E3E 2C6

---

## Avant-propos

La présente série documente les fondements scientifiques des évaluations des ressources et des écosystèmes aquatiques du Canada. Elle traite ainsi 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, 2020  
ISSN 2292-4272

### La présente publication doit être citée comme suit :

Harvie, C., McWilliam, S., et O'Reilly, P.T. 2020. 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 de l'intérieur de la baie de Fundy. Secr. can. de consult. sci. Doc. de rech. 2018/042. v + 157 p.

### **Also available in English:**

*Harvie, C., McWilliam, S., and O'Reilly, P.T. 2020. Effects of Three Generations of Captive Breeding and Rearing on Survival, Growth, and Other Phenotypic Traits in Inner Bay of Fundy Atlantic Salmon (Salmo salar). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2018/042. v + 144 p.*

---

---

## TABLE DES MATIÈRES

RÉSUMÉ .....	v
INTRODUCTION .....	1
MÉTHODES .....	8
SURVEILLANCE DES CHANGEMENTS DES CARACTÈRES PHÉNOTYPIQUES DANS LE TEMPS .....	8
Taille des adultes (longueur, poids et profondeur du corps) .....	8
Taille des œufs (superficie et poids) .....	8
Fécondité .....	9
Stade œillé .....	9
Nombre et taille (longueur et poids) des alevins .....	10
Taille des tacons .....	11
Saumoneaux .....	12
Analyse statistique (surveillance des caractères) .....	12
MISE À L'ESSAI DES EFFETS POSSIBLES DE LA REPRODUCTION ET DE L'ÉLEVAGE EN CAPTIVITÉ SUR LA PERFORMANCE DES DESCENDANTS EN CAPTIVITÉ ET À L'ÉTAT SAUVAGE .....	13
Variables prédictives .....	13
Variables de réponse .....	19
Analyses statistiques (données expérimentales) .....	21
RÉSULTATS ET DISCUSSION .....	22
RÉSULTATS DE LA SURVEILLANCE DES CARACTÈRES .....	22
Taille selon le stade .....	22
Croissance (taux de croissance spécifique) .....	26
Sex-ratios .....	27
Maturation .....	27
Survie .....	28
Difformités des alevins .....	31
DISCUSSION SUR LA SURVEILLANCE DES CARACTÈRES .....	31
Taille selon le stade .....	31
Croissance .....	32
Survie .....	32
RECHERCHES EXPÉRIMENTALES .....	33
Attribution de la parenté par exclusion .....	33
Effet du milieu d'élevage des parents à un stade précoce sur la performance des descendants dans la nature .....	34
Effet du milieu d'élevage cumulatif des ancêtres à un stade précoce sur la performance des descendants dans la nature .....	37
Effet du nombre de générations de programme sur la performance des descendants dans la nature .....	38

---

Effet de la taille de la famille parentale à l'état sauvage sur la performance des descendants dans le milieu naturel .....	39
Effet de l'apparentement moyen sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel.....	40
Effet de la consanguinité généalogique sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel.....	41
Effet de l'hétérozygotie observée attendue sur la performance des descendants en captivité et dans le milieu naturel.....	42
Effet du type de croisement sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel.....	42
Effet de l'âge de la mère et du père sur la performance des descendants en captivité et dans la nature .....	44
Effet de l'ascendance européenne sur la performance des descendants dans la nature ...	46
REMERCIEMENTS .....	48
RÉFÉRENCES .....	48
TABLEAUX .....	53
FIGURES.....	71
ANNEXE .....	151



---

## RÉSUMÉ

Les populations du programme de la banque de gènes vivants de saumon de l'Atlantique (*Salmo salar*) de la rivière Stewiacke et de la rivière Big Salmon, dans l'intérieur de la baie de Fundy, en sont à peu près à trois générations de reproduction et d'élevage en captivité. Plusieurs caractéristiques du programme de banque de gènes vivants de la rivière Stewiacke, notamment le maintien des caractères généalogiques et d'autres renseignements sur presque tous les saumons nés chaque année, permettent de surveiller plusieurs caractéristiques essentielles au fil du temps et de mettre à l'essai certains des effets possibles du programme général de banque de gènes vivants (et des diverses stratégies de gestion qu'il utilise), sur différents indicateurs de performance des descendants.

Une quantité modérée de variation intra-annuelle (ou intra-générationnelle) a été observée pour pratiquement la quinzaine de caractères étudiés, et les différences entre les années étaient souvent importantes. La période de certaines des plus grandes variations annuelles observées correspondait souvent soit à des changements apportés aux méthodes de mesure utilisées, soit aux conditions d'élevage en captivité. Toutefois, nous avons observé très peu de tendances ou changements directionnels dans les caractères mesurés, ce qui pourrait indiquer des réponses plastiques aux changements environnementaux directionnels (poisson sauvage ou en captivité) dans le temps ou l'adaptation aux conditions de captivité.

Notre évaluation de l'impact général du programme de banque de gènes vivants sur les indicateurs possibles de la valeur adaptative était limitée à la mise à l'essai des différences dans les caractères de performance chez les saumons issus d'entre 2,0 et 3,25 générations ancestrales de reproduction et d'élevage en captivité. Malgré tout, le taux de survie à l'état sauvage en cas de rejet à l'âge 0+ avec recapture à l'âge 1+ semblait diminuer à mesure que le nombre de générations du programme augmentait, et cette relation était importante dans une année des quatre années de frai évaluées. Les résultats des études de certains des effets possibles sur les variables individuelles, que l'on a chacune associée à des stratégies de gestion précises utilisées, sur différents paramètres de performance des descendants, étaient mixtes. Rien n'indique que le milieu d'élevage des juvéniles précoces, de la mère et des parents influence la survie des descendants dans la nature en cas de rejet à l'âge 0+ avec recapture à l'âge 1+ ou 2+, soit environ 15 et 27 mois plus tard, respectivement, mais ils semblent bien avoir une influence sur la taille (longueur et poids) des tacons d'âge 1+ dans la nature. Nous n'avons pas décelé d'effet (1) de la taille de la famille du parent à l'état sauvage, (2) de l'apparement moyen des parents, (3) de la consanguinité généalogique (F) ou (4) de l'hétérozygotie attendue chez les descendants, sur les caractères mesurés de performance des descendants. Il a été démontré que l'âge du parent de sexe féminin, mais pas l'âge du parent de sexe masculin, avait un effet marqué (positif) sur presque tous les caractères de performance des descendants évalués. Il semblerait que cet effet soit seulement en partie attribuable à la taille des œufs.

---

## INTRODUCTION

Le programme de la banque de gènes vivants (BGV) de saumon de l'Atlantique (*Salmo salar*), récemment décrit dans le document d'accompagnement de la présente publication (O'Reilly *et al.* 2018), a commencé en 1998, lorsque certains des derniers juvéniles sauvages indigènes de l'intérieur de la baie de Fundy ont été recueillis dans les rivières Big Salmon (RBS) et Stewiacke (STW) et apportés aux installations de biodiversité de Pêches et Océans Canada (MPO) aux fins de reproduction et d'élevage en captivité. En 2015, certains adultes du programme auront connu trois cycles ou générations de reproduction et d'élevage en captivité (REC), et leurs descendants produits cette année-là (à partir de 2017) auront bien entamé la quatrième génération; la proportion des adultes du programme issus d'au moins trois générations de REC devrait augmenter jusqu'en 2019 ou 2020.

Des expériences bien contrôlées et fortement répétées sur des organismes modèles, y compris des invertébrés et des vertébrés, montrent que les animaux nés et élevés en captivité pendant plusieurs générations s'adaptent à leurs conditions de captivité et subissent des changements génétiques cumulatifs qui semblent réduire leur valeur adaptative dans la nature (Woodworth *et al.* 2002; McPhee 2003; Montgomery *et al.* 2010; Malo *et al.* 2010). De plus, un certain nombre d'études récentes sur plusieurs espèces de saumon du Pacifique ont signalé des réductions importantes de la valeur adaptative des poissons sauvages après seulement un ou deux cycles de reproduction et d'élevage en captivité (Araki *et al.* 2007a, b et 2009; Thériault *et al.* 2011; Christie *et al.* 2012). Enfin, des études menées directement sur le saumon BGV de l'intérieur de la baie de Fundy (de Mestral *et al.* 2013; Wilke *et al.* 2014; Wilke N., comm. pers.; I. Fleming, comm. pers.) ont signalé des effets environnementaux ou sélectifs d'une seule génération de REC sur plusieurs caractères phénotypiques étudiés, notamment la taille des œufs, la taille des tacons, la taille des saumoneaux et la période de montaison des saumoneaux. Il est de plus en plus évident que l'adaptation génétique à la captivité (et la perte correspondante de valeur adaptative) est une menace plus grave pour le rétablissement futur de la population qu'on le pensait auparavant (Frankham 2008). Il faudra modifier les programmes de gestion génétique pour les espèces en voie de disparition visant leur réinsertion à l'état sauvage afin d'aborder explicitement l'adaptation à la captivité pour assurer la réussite des futurs efforts de rétablissement (Montgomery *et al.* 2010).

Un certain nombre de modifications des programmes de conservation ont été proposées afin de réduire au minimum les taux d'adaptation à la captivité et la perte de valeur adaptative au fil des ans, et Williams et Hoffman (2009) en ont examiné un bon nombre. Ces auteurs ont regroupé les approches observées en quatre grandes catégories :

1. minimiser la sélection (Sh2) pour la captivité (a) à l'aide de programmes de reproduction (égalisation de la taille des familles – ETF – et minimisation de l'apparement moyen – MAM) ou (b) en naturalisant milieu d'élevage;
2. fragmentation des populations;
3. immigration d'individus sauvages dans les populations en captivité;
4. réduire au minimum le nombre de générations passées en captivité (replacer rapidement les populations dans la nature ou retarder la reproduction et cryopréserver les gamètes).

Bon nombre des mesures susmentionnées ont été employées, dans une certaine mesure, dans l'un ou plusieurs des programmes BGV du saumon de l'intérieur de la baie de Fundy de la région. Par exemple, dans le programme de banque de gènes vivants de saumon de l'intérieur de la baie de Fundy STW, les géniteurs sont sélectionnés et appariés selon les protocoles de reproduction l'apparement moyen classé (AMC) (O'Reilly *et al.* 2018), conçus pour réduire

---

au minimum l'apparement moyen (AM) dans une population (Ivy et Lacy 2012). Des études théoriques (Ballou et Lacy 1995; Fernandez *et al.* 2001) et empiriques (Lacy *et al.* 2013; Willoughby *et al.* 2015) démontrent que les programmes de MAM sont très efficaces pour réduire au minimum la perte de variation génétique et le degré de consanguinité. Il a également été suggéré que les protocoles de reproduction de MAM devraient freiner, voire arrêter l'adaptation à la captivité (Lacy 2009). Bien qu'il y ait des signes que la MAM peut effectivement limiter les taux de changement évolutif dans les caractères mesurés par rapport à l'accouplement au hasard (examiné dans Frankham 2008), peu de données empiriques indiquent à ce jour que la perte de valeur adaptative à l'état sauvage est également réduite (Williams et Hoffman 2009). De plus, après quelques générations, une fois que les contributions des fondateurs sont égalisées, la MAM devrait se rapprocher de l'ETF (Montgomery *et al.* 2010; Frankham 2008), et l'ETF devrait assouplir la sélection par rapport aux allèles délétères, ce qui pourrait diminuer le succès reproducteur à l'état sauvage (Rodriguez-Ramilo *et al.* 2005). Les analyses théoriques laissent entendre que l'assouplissement de la sélection dans le cadre de l'ETF (ou de la MAM après quelques générations) n'interviendra que dans les très grandes populations ou au fil de nombreuses générations (Fernandez et Caballero 2001; Theodorou et Couvet 2003). Depuis, des études empiriques sur des lignées fortement répliquées de *Drosophila melanogaster* (mouche à fruit commune) maintenues en captivité pendant 38 générations ont corroboré ces résultats; aucune différence n'a été observée entre les individus obtenus selon l'ETF ou sans aucune gestion (contributions libres) dans (1) la viabilité de l'œuf à l'adulte, (2) le succès de l'accouplement et (3) la valeur adaptative globale (Rodriguez-Ramilo *et al.* 2005). Ces auteurs soulignent cependant l'héritabilité plus grande pour le nombre de soies sternopleurales et une augmentation du nombre d'allèles microsatellites (deux mesures de la diversité génétique à l'intérieur d'une population), comme prévu, avec l'ETF. Les effets des stratégies de MAM (encore une fois, semblables sur le plan fonctionnel à l'ETF après quelques générations) sur les indicateurs du succès reproducteur ont également été étudiés directement chez une espèce de vertébrés, la souris à pattes blanches (*Peromyscus leucopus*), où les lignées reproduites ont été maintenues en captivité sur dix générations (Malo *et al.* 2010). À nouveau, aucun effet négatif des protocoles de reproduction avec MAM n'a été détecté sur les deux caractères mesurés (la qualité du sperme et la fertilité); les taux de déclin étaient semblables par rapport à l'accouplement au hasard. Cependant, nous disposons de peu d'information sur les effets possibles (positifs ou négatifs) des protocoles de reproduction avec MAM sur la valeur adaptative pour les salmonidés, un groupe d'organismes très fécond dont la mortalité des juvéniles précoces est normalement très élevée à l'état sauvage et chez qui la sélection naturelle est potentiellement intense contre les gènes inadaptés ou les combinaisons de gènes (Waples 1999).

Les démécologues ont également exprimé des préoccupations concernant l'utilisation des stratégies de classement et de sélection avec MAM dans certaines conditions, lorsque les reproducteurs (initialement nés en captivité et relâchés dans l'habitat naturel des rivières) sont prélevés dans la nature après une période de sélection naturelle. Par exemple, si un grand nombre d'individus élevés en captivité provenant de plusieurs familles sont remis en liberté dans le milieu naturel, on peut s'attendre à ce que l'exposition à la sélection naturelle réduise la taille des familles moins adaptées par rapport celle des familles adaptées. Par la suite, les prélèvements d'individus à un stade plus avancé issus des groupes remis dans la nature devraient être composés d'un moins grand nombre de représentants des familles moins adaptées plus petites et de davantage de représentants des familles plus adaptées plus nombreuses. En moyenne, les individus appartenant à ces familles plus petites devraient afficher des valeurs d'apparement moyen (AM) plus basses, et les individus des familles plus nombreuses, des valeurs d'AM plus élevées. En théorie, la préférence de frai, induite par la suite par le programme, des individus à faible AM prélevés dans la nature (pertinente ici, voir ci-

---

après) peut ensuite accroître la fréquence des gènes associés à une réduction de la survie à l'état sauvage, abaissant du coup la valeur adaptative individuelle moyenne du saumon dans la nature au fil du temps.

Compte tenu des préoccupations théoriques générales quant à l'application à long terme de la MAM ou de l'ETF sur la valeur adaptative en milieu naturel, il serait utile de disposer de données sur d'autres espèces, en particulier des taxons de vertébrés sous-représentés, avec différents stades biologiques et fécondités (comme le saumon de l'Atlantique), pour approfondir l'évaluation de leurs effets possibles.

Une autre recommandation courante pour réduire le taux d'adaptation à la captivité (examinée par Williams et Hoffman 2009), est de naturaliser les environnements d'élevage. Dans le programme de banque de gènes vivants du saumon de l'intérieur de la baie de Fundy, l'accent était moins mis sur la modification ou la naturalisation du milieu d'écloserie. On transfère plutôt la majorité des descendants produits chaque année dans l'habitat de leur rivière natale à un stade très précoce (environ un mois et demi après l'éclosion), où ils restent un ou deux ans avant que l'on prélève un sous-échantillon pour le ramener à l'écloserie. Durant cette période, la mortalité, y compris la mortalité possible due à la sélection, peut être assez élevée (Waples 1999); les individus exposés aux conditions naturelles en rivière sont soumis à la prédation, à la compétition pour des ressources rares, à des régimes d'agents pathogènes naturels, etc. Ces individus sont ce que l'on appelle ici les « saumons exposés au milieu naturel ». On conserve également un petit nombre d'alevins après l'éclosion (de 5 à 10 par famille) dans l'écloserie pour les élever uniquement en captivité jusqu'à la maturité; ces individus sont appelés « saumons élevés en captivité » (voir le schéma illustrant ces deux groupes sur la figure 1). Bien que certains de ces saumons élevés en captivité soient issus de la production de la prochaine génération de saumons de la BGV, le ratio des poissons exposés au milieu naturel sur les poissons élevés en captivité qui ont frayé au cours d'une année donnée a constamment augmenté, et le programme de banque de gènes vivants de la rivière STW est maintenant en train de passer à un régime limité au frai des saumons exposés au milieu naturel; les saumons élevés en captivité doivent être maintenus uniquement en cas d'urgence.

En plus de potentiellement minimiser les taux d'adaptation à la captivité au fil du temps, l'exposition précoce des parents de la BGV (au stade de juvéniles) à des conditions naturelles en rivière peut être bénéfique au programme de rétablissement du saumon de l'intérieur de la baie de Fundy sous l'effet de plusieurs mécanismes supplémentaires. On sait depuis longtemps qu'une exposition précoce des organismes à certaines conditions environnementales peut provoquer des changements autres que génétiques dans le génome (y compris la méthylation de l'ADN (acide désoxyribonucléique) qui peuvent avoir une incidence sur la transcription des gènes et, ultimement, le phénotype; il s'agit effectivement d'un fondement probable d'au moins une partie de la plasticité phénotypique observée chez une gamme de taxons étudiés. Étonnamment, de plus en plus de recherches, portant sur un large éventail d'espèces étudiées, indiquent maintenant que certains de ces changements non génétiques induits par le milieu peuvent être transmis d'une génération à l'autre (examiné dans Bossdorf *et al.* 2008). Si ces effets intergénérationnels influencent le phénotype de la progéniture dans un sens qui améliore la survie lorsque les descendants sont élevés dans des conditions semblables à celles vécues par leurs parents au cours du même stade de développement, l'exposition précoce d'un petit nombre de parents de la BGV (dizaines) à des conditions naturelles en rivière peut augmenter la survie d'un grand nombre de descendants (centaines de milliers) rejetés dans des environnements naturels semblables en rivière, ce qui pourrait favoriser les efforts d'ensemencement ou de rétablissement. En fait, il a été démontré que l'exposition directe des parents de saumons de la RBS aux conditions de leur rivière natale en tant que juvéniles multiplie par deux la survie des descendants dans la nature, comparativement aux descendants

---

de parents génétiquement semblables élevés exclusivement en captivité toute leur vie (Evans *et al.* 2014). Toutefois, d'autres recherches sont nécessaires afin de déterminer la généralité de ces constatations et la mesure dans laquelle cette stratégie de gestion devrait profiter aux descendants de parents élevés de la même façon dans d'autres programmes de conservation. De plus, il serait bon d'avoir une idée des mécanismes probablement à l'origine de ces effets transgénérationnels (p. ex., effets des œufs maternels, épigénétiques ou génétiques) pour évaluer les répercussions à long terme de cette stratégie de conservation et la meilleure façon de l'utiliser dans le rétablissement de populations sauvages autonomes.

À l'heure actuelle, les saumons de l'Atlantique de la rivière STW se reproduisent exclusivement dans leur cinquième année (à l'âge 4 par rapport à l'année d'éclosion ou 5 par rapport à l'année initiale) pour le programme de banque de gènes vivants; on essaie ainsi de réduire au minimum le nombre de cycles de reproduction et d'élevage en captivité, qui est la principale recommandation (probablement la plus efficace) pour minimiser l'adaptation à la captivité (Williams et Hoffman 2009). En d'autres mots, les descendants de saumons de la rivière STW qui se reproduisent uniquement dans leur cinquième année sont gérés conformément aux régimes « d'élevage en captivité » et « d'exposition au milieu naturel » décrits précédemment (figure 2), dans lesquels on récupère des représentants, on détermine leur génotype et leur ascendance et on les fait se reproduire pour générer la prochaine génération du programme de banque de gènes vivants du saumon. Bon nombre des mêmes saumons se reproduisent également au cours de leur quatrième année (à l'âge 3 par rapport à leur année d'éclosion ou 4 par rapport à leur année initiale ou année de fertilisation), mais leurs descendants sont relâchés dans la rivière STW aux fins d'ensemencement et aucun n'est ramené dans le programme de banque de gènes vivants. Cette mesure de conservation a plusieurs autres conséquences. Tout d'abord, le saumon de l'Atlantique en général (Scott et Crossman 1998), et le saumon de l'intérieur de la baie de Fundy en particulier (Verspoor *et al.* 2002), fraye souvent à l'âge 3 (par rapport à l'année d'éclosion), après avoir passé environ deux ans (après l'éclosion) en eau douce et un an en mer. Dans le programme actuel de banque de gènes vivants du saumon de la rivière STW, la sélection pour la maturation à cet âge plus précoce a été assouplie; les individus se reproduisent dans leur cinquième année (à l'âge 4 par rapport à leur année d'éclosion, 5 par rapport à leur année initiale ou de fertilisation) pour générer la prochaine génération de saumons issus de la BGV. Ensuite, l'incidence, chez l'humain, des anomalies génétiques, des maladies et des anomalies congénitales semble augmenter avec l'âge de la mère (Hook 1981; Heffner 2004) et du père (Kong *et al.* 2012; McIntosh *et al.* 1995); une association semblable entre l'âge des parents et les mutations génétiques ou les malformations des descendants pourrait exister dans d'autres taxons moins bien étudiés, y compris le saumon de l'Atlantique. De plus, chez le saumon de l'Atlantique, la survie des descendants aux stades précoces est fortement influencée par la taille des œufs et leur qualité (Einum et Fleming 2000) qui, chez les salmonidés, dépendent de la taille des parents (Hendry et Day 2003), qui augmente généralement aussi avec l'âge du parent maternel. Il serait utile d'avoir de l'information sur les effets de l'âge du parent, en particulier en ce qui concerne la taille des œufs, sur la survie à l'état sauvage pour évaluer certaines des conséquences que peut avoir le fait de retarder jusqu'à sa cinquième année la reproduction du saumon de la rivière STW dans le programme de BGV.

Il est généralement admis que la consanguinité et la dépression consanguine correspondante représentent une menace grave pour les petites populations (Frankham et Ralls 1998). Lorsque la consanguinité est évaluée selon des plans expérimentaux bien contrôlés, souvent en captivité, les chercheurs en signalent presque toujours des effets négatifs sur la performance des descendants (examiné dans Wang *et al.* 2002). De plus, l'ampleur de la dépression consanguine associée à un niveau donné de consanguinité est souvent plus importante lors d'une évaluation dans la nature, où les conditions sont probablement plus rigoureuses (Ryman

---

1970; Thrower et Hard 2009). Enfin, des recherches récentes menées à l'aide de grands plans expérimentaux bien contrôlés et fortement répliqués ont détecté une dépression consanguine (motilité des spermatozoïdes et fertilité plus basses) à de très faibles niveaux d'élevage en consanguinité ( $F=0,03$ ; Malo *et al.* 2010), ce qui souligne encore le risque que ce phénomène pose pour les programmes de conservation à long terme visant des populations finies et fermées, où un certain degré de consanguinité est inévitable.

Les effets possibles de la consanguinité et du croisement éloigné ont récemment été évalués chez le saumon de l'Atlantique de l'intérieur de la baie de Fundy (Houde *et al.* 2011; Rollinson *et al.* 2014). Ces expériences portaient sur des croisements intra- et interpopulationnels de saumons prélevés dans les rivières Great Village (GRV), Economy (ECO) et Stewiacke (STW), toutes situées du côté du bassin Minas de l'intérieur de la baie de Fundy. Certains croisements ont également été délibérément effectués entre des membres de fratries connues (autocroisements). Ensuite, les descendants issus des six croisements intra- et interpopulationnels, ainsi que ceux des autocroisements intentionnels, ont été relâchés dans leurs trois rivières natales. Les juvéniles ont été échantillonnés un et deux ans plus tard par pêche à l'électricité et on a évalué la survie relative des différents types de croisements à l'aide des renseignements tirés des recaptures.

Même si la survie a été évaluée à l'état sauvage, l'expérience était bien contrôlée (les descendants issus de chaque population et croisement hybride ont été élevés dans les trois rivières selon un modèle de translocation réciproque), et de multiples croisements ont été réalisés pour chaque type de croisement; cependant, les résultats étaient mitigés. Houde et ses collaborateurs (2011), qui ont évalué les résultats d'une seule année initiale, ont relevé peu de signes de dépression consanguine (survie réduite) dans les croisements intentionnels de fratrie et de demi-fratrie, peu d'indications d'hétérosis<sup>1</sup> dans les croisements interpopulationnels et une tendance au croisement éloigné possible dans le croisement d'une population hybride. Pour leur part, Rollinson et ses collaborateurs (2014) ont évalué les résultats sur deux années de fertilisation (y compris l'année analysée par Houde *et al.* 2011) et ont remarqué certains signes de dépression consanguine et de dépression consécutive à un croisement éloigné, des résultats qui variaient d'une année à l'autre, mais des effets négatifs plus constants dans la consanguinité intentionnelle de fratrie et de demi-fratrie que dans les croisements éloignés. Il serait utile d'avoir des données supplémentaires sur les autres années, ainsi que sur les croisements entre les populations de la rivière STW et d'autres rivières plus divergentes de l'intérieur de la baie de Fundy, afin d'évaluer les effets des niveaux actuels de consanguinité et les avantages attendus des croisements éloignés.

Les milieux naturels sont souvent très hétérogènes, fluctuant dans l'espace et le temps, et cette variabilité peut avoir des effets importants sur la survie et le succès de la reproduction des organismes qui y vivent. La sélection naturelle et l'évolution ont produit des animaux et des plantes de plusieurs façons afin de tenir compte de cette variabilité, augmentant ainsi leurs chances de survivre pour réussir à se reproduire. Les animaux peuvent réagir à la variabilité environnementale à court terme (en une génération) grâce à la plasticité phénotypique (Thompson 1991), à moyen terme (en quelques générations) par des mécanismes transgénérationnels épigénétiques ou non génétiques (Foley *et al.* 2009), et à plus long terme (en quelques générations ou davantage) génétiquement par l'adaptation génétique. On peut s'attendre à ce que le saumon de l'Atlantique élevé en éclosérie change sur les plans phénotypique, épigénétique et génétique en réaction à ces conditions différentes. En effet, des

---

<sup>1</sup> L'hétérosis, la vigueur hybride ou l'augmentation des capacités par croisement éloigné, est la fonction améliorée ou accrue d'une qualité biologique chez les descendants hybrides.

---

changements induits par l'écloserie ont été observés dans la taille des œufs (Heath *et al.* 2003), le comportement (de Mestral et Herbinge 2013), la forme du corps (von Cramon-Taubadel *et al.* 2005), la coloration du corps (Janhunen *et al.* 2009) et la condition physiologique (Berejikian *et al.* 2005). Il faudrait surveiller des caractères phénotypiques importants, dont on sait qu'ils sont influencés par le milieu d'écloserie et susceptibles d'avoir des répercussions sur la survie et le succès de la reproduction dans la nature, pour voir s'ils changent au fil du temps.

Des œufs et de la laitance de saumons de l'Atlantique d'élevage provenant d'Europe (UE) saumons ont été importés dans le Maine de 1989 à 1994, et en quelques années les gènes européens étaient présents dans 30 à 50 % de tous les stocks de géniteurs locaux (Baum 1998). Des saumons d'élevage juvéniles issus d'écloserie (identifiés par la rognure de la nageoire et les données sur les anneaux de croissance dans les écailles) prélevés dans une rivière du Nouveau-Brunswick dont le bassin hydrographique est entièrement situé dans la province présentaient plusieurs marqueurs d'ADN mitochondrial indiquant des ancêtres européens, ce qui montre que des saumons d'élevage de l'UE étaient aussi utilisés par le secteur aquacole canadien (O'Reilly 2006). Récemment, des marqueurs d'ancêtres européens ont été décelés chez des saumons de l'Atlantique juvéniles prélevés dans plusieurs rivières de l'intérieur de la baie de Fundy (O'Reilly *et al.* 2018). Les saumons européens (UE) et nord-américains (NA) sont isolés sur le plan reproductif depuis environ un million d'années (Hurst *et al.* 1999) et ils présentent une divergence génétique marquée, notamment des différences chromosomiques (Roberts 1970; Hartley 1987; Brenna-Hansen *et al.* 2012). On peut donc s'attendre à ce que les saumons d'élevage d'origine européenne échappés de fermes locales puissent représenter une plus grande menace pour le saumon sauvage de l'intérieur de la baie de Fundy que les poissons fugitifs d'origine locale. On a laissé non intentionnellement plusieurs hybrides (16) putatifs de poissons d'élevage européens et de saumons de l'intérieur de la baie de Fundy, non décelés à l'origine, se reproduire dans le programme de banque de gènes vivants de saumons de la rivière STW, et leurs descendants hybrides ont été relâchés aux côtés d'autres descendants de lignée pure dans un tronçon isolé de la rivière Stewiacke. Le programme actuel d'exposition au milieu naturel fondé sur l'ascendance (figure 2), avec d'autres détails fournis dans O'Reilly *et al.* (2018), donne ainsi l'occasion d'évaluer certains des effets possibles des gènes des poissons d'élevage de l'UE sur la survie des juvéniles précoces de saumon de la rivière STW dans la nature.

Les objectifs de cette étude sont les suivants :

1. présenter le sens et les taux des changements intervenus dans un certain nombre de caractères phénotypiques entre les années et les générations qui pourraient avoir été influencés par les effets environnementaux et sélectifs de la reproduction et de l'élevage en captivité;
2. évaluer les effets de plusieurs générations cumulées de reproduction et d'élevage en captivité sur la survie des descendants dans le milieu naturel;
3. tester les effets possibles de plusieurs variables associées à une ou plusieurs stratégies ou décisions de gestion précises, notamment le milieu d'élevage des parents, le milieu d'élevage cumulé des ascendants, l'apparement moyen, la taille de la famille du parent à l'état sauvage, la consanguinité généalogique, la variabilité génétique des descendants (hétérozygotie observée prévue des descendants/de la famille), le type de croisement (croisement éloigné) et l'âge des parents maternel et paternel, sur la performance des descendants en captivité et à l'état sauvage;
4. évaluer les effets des gènes possibles des saumons d'élevage de l'UE, récemment observés chez plusieurs populations de saumon de l'Atlantique de l'intérieur de la baie de

---

Fundy, sur la survie des juvéniles précoces dans l'habitat naturel des rivières de l'intérieur de la baie de Fundy.

Les évaluations susmentionnées des effets de différentes variables, dont certaines sont associées à des stratégies de gestion précises, sur la performance des descendants à l'état sauvage sont possibles grâce à deux aspects quelque peu uniques du programme de banque de gènes vivants de saumons de la rivière STW. Tout d'abord, on a procédé à un échantillonnage de tissus de tous les saumons issus de la BGV de la rivière STW qui se sont reproduits pour générer la prochaine génération; tous ces saumons ont été génotypés et contrôlés. Des renseignements détaillés sur les environnements d'élevage des parents, le nombre de générations du programme, l'apparement moyen, la consanguinité généalogique, l'hétérozygotie génétique moléculaire, la longueur des parents, l'âge des parents, la taille des œufs de la famille, la taille moyenne des alevins de la famille, etc., sont conservés sur presque tous les individus du programme. Ensuite, un nombre similaire de descendants (au stade d'alevins) est dénombré, égalisé et relâché dans un segment isolé de la rivière Stewiacke, où ils restent pendant un à deux ans avant d'être récupérés en tant que tacons d'âge 1+ ou 2+; à ce moment-là, un sous-ensemble de ces individus est échantillonné, génotypé et contrôlé (figure 2; voir également davantage de précisions dans O'Reilly *et al.* (2018)). Cela permet d'évaluer les effets d'un grand nombre de variables parentales (comme l'âge ou le milieu d'élevage des parents) sur la survie et la croissance des descendants dans l'habitat naturel. Très peu d'études multigénérationnelles, fondées sur l'ascendance, des effets de la reproduction en captivité comprennent des données sur les réactions chez des individus résidant dans des environnements vraiment naturels; la plupart portent sur la performance dans des milieux sauvages simulés (Woodworth *et al.* 2002; Malo *et al.* 2010), mais il en existe quelques-unes et elles deviennent de plus en plus courantes (Araki *et al.* 2007a, b; Christie *et al.* 2012; Hess *et al.* 2012; Thériault *et al.* 2011). Toutefois, l'objectif principal des activités du programme de BGV (égalisation de la taille de la famille, lâcher des descendants dans la nature, récupération des descendants, génotypage, détermination de l'ascendance, etc.) associées à la production des données analysées ici est la conservation des caractéristiques génétiques du saumon de l'Atlantique de l'intérieur de la baie de Fundy, y compris le maintien de la variation génétique, mais également la réduction au minimum de l'adaptation à la captivité. Par conséquent, de nombreux éléments du « plan expérimental » (taille de l'échantillon, même nombre de croisements associés à différents traitements, taille du groupe de traitement, etc.) de cette étude ne sont pas, dans un sens statistique, optimaux pour détecter des différences entre les groupes et décrire l'ampleur de certains effets du traitement sur la performance des descendants. Toutefois, dans un certain nombre de cas, nous croyons que la taille des échantillons et d'autres éléments du programme sont adéquats pour permettre d'en tirer plusieurs inférences importantes, surtout dans le contexte de la conservation du saumon de l'Atlantique dans les Maritimes, et il faudra peut-être fonder des décisions sur la prépondérance des probabilités.



---

## MÉTHODES

### **SURVEILLANCE DES CHANGEMENTS DES CARACTÈRES PHÉNOTYPIQUES DANS LE TEMPS**

Au cours du programme de banque de gènes vivants (de 2000 à 2015), plusieurs caractères ont été surveillés à différents stades biologiques chez des saumons de l'Atlantique de l'intérieur de la baie de Fundy provenant de plusieurs stocks, une population en voie de disparition. Un programme de surveillance plus approfondie a été mis en place pour le stock de la rivière STW, qui avait été choisie comme rivière indicatrice pour le programme (voir la liste des caractères surveillés chez ce groupe de saumons dans le tableau 2).

#### **Taille des adultes (longueur, poids et profondeur du corps)**

Chaque année, au moment du frai, les mâles et les femelles matures ont été identifiés par leur numéro d'étiquette à transpondeur passif intégré (TPI) ou d'étiquette Carlin (2000–2001) et ont été croisés selon un plan d'accouplement prescrit. On a enregistré la longueur et le poids, arrondis au 0,1 cm et 0,01 kg le plus proche, respectivement, de chaque reproducteur. Ces mesures ont été enregistrées pour la plus grande partie du programme avec les données sur la longueur datant de 2000 et les données sur le poids remontant jusqu'en 2005. Le coefficient de condition (CF) a été calculé comme suit :

$$CF = 100 (W/L^3) \quad (1)$$

où W = poids (g) et L = longueur (cm).

Depuis 2010, on a pris des photos de chaque paire de reproducteurs (côté gauche du poisson) à l'aide d'un appareil photo installé au-dessus d'une plateforme quadrillée. À l'aide du logiciel ImageJ 1.48v (US National des instituts de santé, Bethesda, Maryland), les images des adultes ont permis de mesurer la profondeur du corps des adultes, avant la nageoire dorsale, au 0,001 mm le plus proche, pour chacun des reproducteurs mâles et femelles.

#### **Taille des œufs (superficie et poids)**

Depuis l'année initiale 2013 (BY), aussi appelée l'année du frai, un sous-échantillon d'œufs (20 à 30 œufs) de chaque croisement a été retiré du bassin de frai avant l'ajout de la laitance. À partir de sous-échantillons d'œufs non encore fertilisés, que l'on avait séchés pour en retirer l'excès d'eau, on a obtenu le poids brut (au 0,001 g le plus proche) et des images de 20 œufs par croisement. Tous les œufs inclus dans les images n'étaient pas inclus dans les estimations du poids brut et inversement, car les sous-échantillons contenaient généralement plus de 20 œufs et les deux procédures n'étaient pas effectuées en même temps. Les images étaient ensuite traitées, à l'aide d'ImageJ, afin de déterminer la superficie moyenne des œufs pour chaque croisement.

Pour l'année initiale 2011–2012, on n'a pas pesé les œufs et des expériences ont été menées en vue de déterminer la période et la méthode optimales pour calculer leur superficie. En 2011, un sous-échantillon d'œufs provenant de chaque croisement a été photographié après le durcissement (p. ex., ajout d'eau et durcissement de la membrane). Les 30 premiers croisements ont été omis dans les analyses en raison de la mauvaise qualité des images (les œufs ont été photographiés sans être séchés, ce qui empêche de les différencier de l'eau). Les 58 autres croisements ont été photographiés sous l'eau, ce qui a donné des images de meilleure qualité qu'il a ensuite été possible de traiter à l'aide d'ImageJ. L'année initiale 2012, les œufs ont été photographiés hors de l'eau, après que l'excès d'eau à leur surface ait été

---

retiré (voir la description dans le paragraphe précédent); cette méthode est encore utilisée aujourd'hui.

Avant 2011, plutôt que d'utiliser les images et les poids pour déterminer la taille des œufs, on mesurait le diamètre des œufs et on l'utilisait par la suite pour calculer la superficie des œufs. Lorsque les œufs ont atteint le stade œillé (choc; voir plus loin dans la section *Stade œillé*), on a choisi une vingtaine de croisements pour mesurer le diamètre des œufs et les compter (voir les critères de sélection ci-après). On a ensuite déterminé le diamètre moyen des œufs en calculant la longueur moyenne (cm/10 œufs) de trois échantillons répétés et en divisant par 10 œufs.

Afin de tenir compte des changements de méthodologie, deux facteurs de correction ont été appliqués. Ils étaient fondés sur les mesures répétées d'œufs prélevés à divers stades de développement et provenant d'une sélection de croisements de l'année initiale 2015. Les mesures ont été prises selon la méthode d'imagerie et de mesure du diamètre des œufs décrite précédemment. Le premier facteur de correction normalisait la méthodologie, tandis que la deuxième représentait le stade de développement des œufs (figures A1–A3 à l'annexe).

## **Fécondité**

On a estimé la fécondité pour chaque femelle selon la relation longueur /nombre suivante :

$$\text{Fécondité} = a^{b \cdot \text{FL}} \quad (2)$$

où  $a$  et  $b$  sont les paramètres estimés à partir d'un sous-échantillon de femelles et FL = longueur à la fourche (cm). Cette relation a été ajustée chaque année en fonction du nombre d'œufs à partir d'un sous-échantillon de croisements (moyenne de 22 croisements/année), choisis pour représenter la plage de longueurs des femelles reproductrices présentes dans l'année initiale. La fécondité initiale des croisements sélectionnés a été déterminée par dénombrement manuel au stade d'œufs œillés et correction selon la mortalité précédente d'après les dossiers.

À compter de l'année initiale 2010, on a photographié chaque croisement au moment du frai afin de refléter la fécondité initiale. Les premières images ont été prises de tous les œufs (avant la fertilisation ou après le durcissement) hors de l'eau, ce qui a donné des images de mauvaise qualité qu'il a fallu compter à la main. En 2012, chaque croisement a été photographié après le durcissement. Les œufs ont été placés dans un bac d'eau peu profonde à l'intérieur d'une tente photo qui dissipe la lumière afin d'éliminer les ombres et de prévenir l'éblouissement. Au besoin, on a réparti les œufs sur plusieurs claies afin de s'assurer qu'ils ne formaient qu'une couche, et on les a photographiés séparément. Ces méthodes améliorées ont permis de traiter les images à l'aide d'ImageJ, qui dénombrait automatiquement tous les œufs sur l'image.

La fécondité relative a servi à tenir compte de l'influence de la taille des femelles au moment de la fécondité et a été calculée comme le nombre d'œufs/poids des femelles (kg).

## **Stade œillé**

Lorsque les œufs atteignaient le stade œillé, on les soumettait à un choc physique. Ce processus de shocking brise la membrane du sac vitellin sensible des œufs non fertilisés et morts, libérant la globuline des protéines, qui se précipite lorsqu'elle n'est pas en solution saline avec le vitellus (Leitritz et Lewis 1980). Le précipité donne aux œufs une couleur blanche, ce qui les rend plus faciles à discerner des œufs vivants et permet de les retirer afin d'empêcher la croissance de champignons (Leitritz et Lewis 1980). À compter de 2013, un sous-échantillon de 20 œufs « morts » (œufs blancs) a été prélevé dans chaque croisement et conservé dans une solution de Stockard. La solution de Stockard préserve et éclaircit les œufs, car elle renvoie le

---

précipité de globuline dans la solution. On a examiné les œufs au microscope à dissection afin de déterminer les proportions qui n'avaient pas été fertilisées par rapport à celles qui avaient atteint divers stades de développement précoce.

Les mortalités des œufs pour chaque croisement ont été enregistrées tout au long du programme. Depuis l'année initiale 2010, on a photographié les œufs de chaque croisement pour confirmer le nombre d'œufs restants après le retrait des mortalités provoquées par le shocking. Les méthodes d'imagerie et de traitement ont suivi les mêmes procédures que celles décrites précédemment pour la fécondité initiale.

Le pourcentage de survie, de la fécondation au choc, a été déterminé pour chaque croisement à l'aide de la formule suivante :

$$\% \text{ de survie} = T_2/T_1 * 100 \quad (3)$$

où  $T_1$  est le nombre d'œufs par croisement au moment de la fécondation et  $T_2$  est le nombre d'œufs au moment du choc. On a ensuite ajusté la survie en fonction des taux de fécondation afin de déterminer la survie des œufs fécondés, de 2013 à 2015.

### **Nombre et taille (longueur et poids) des alevins**

Depuis l'année initiale 2006, après le choc, on a prélevé un sous-échantillon d'œufs provenant de chaque croisement et on a placé ces sous-échantillons dans des paniers individuels d'incubateurs Heath jusqu'à l'éclosion. Le nombre d'œufs par croisement et, par conséquent, de paniers (maximum de 200 œufs par panier), pour ces groupes familiaux égalisés (EQU) variait d'une année à l'autre (tableau A1 de l'annexe) dans le but de maximiser la récupération des familles, d'augmenter la taille de population effective et de réduire au minimum les taux de perte de variation génétique. Les paniers EQU étaient placés de manière aléatoire dans les incubateurs Heath où ils restaient jusqu'à l'éclosion, jusqu'à ce que la vésicule vitelline soit absorbée à 98 % (généralement jusqu'en avril ou mai). On faisait le suivi de la mortalité afin d'obtenir des estimations des alevins restants et on a pris des photos de chaque croisement depuis 2010 pour vérifier ces estimations avant le rejet dans la nature. La variance de la taille de la famille était à nouveau réduite au minimum, juste avant la remise dans la nature. Cela consistait à déterminer la cible d'égalisation de la taille des familles (la taille maximale des familles) pour des croisements, puis à retirer les individus excédentaires des familles plus nombreuses de manière à atteindre ce nombre (voir davantage de précisions dans O'Reilly *et al.* (2018)). Les croisements ont été bien mélangés, puis remis dans la rivière Pembroke au-dessus d'un obstacle infranchissable (cascade) afin d'isoler les groupes d'alevins EQU (juvéniles de la BGV exposés au milieu naturel) à la fois de : a) les juvéniles relâchés ailleurs dans la rivière STW aux fins d'ensemencement, et b) les descendants de saumons adultes issus de la BGV et remis dans la nature, de saumons issus de la BGV en montaison (remis à l'eau en tant que juvéniles) ou (potentiellement) de saumons sauvages indigènes reliques ou de poissons errants. L'incidence et le type des malformations des alevins ont également fait l'objet d'un suivi à l'aide des images prises avant leur remise dans la nature.

Un sous-échantillon d'alevins (15 à 20 alevins) de l'année initiale 2012-2013 a été retiré de chaque croisement (la moitié de chacun des deux paniers par croisement) pendant l'égalisation afin de les peser et de les mesurer. Afin d'évaluer les effets possibles des paniers, 15 alevins de chacun des deux paniers par croisement ont été échantillonnés séparément pour 2014 et les années initiales suivantes. Après 48 à 72 heures d'égalisation, les alevins étaient euthanasiés à l'aide d'une solution concentrée anesthésique (MS-222). On les séchait ensuite légèrement pour enlever l'excès d'eau avant de consigner le poids brut (arrondi au 0,001 g le plus proche). Ensuite, les alevins étaient placés sur le côté droit, redressés (non étirés) avec la nageoire caudale étalée, et on prenait plusieurs images prises de chaque ensemble familial d'alevins. Le

---

traitement des images avec ImageJ a permis de déterminer la longueur de chaque alevin (au 0,001 mm le plus proche). Un coefficient de condition propre à chaque famille a été calculé (voir la formule 1 ci-devant) à l'aide de la longueur moyenne des alevins et de leur poids individuel approximatif déterminé à partir des poids bruts (poids/nombre d'alevins).

On calculait ensuite la survie pour chaque famille du choc à avant la remise dans la nature selon la formule 3. Dans ce cas, T1 est le nombre par croisement au moment du choc et T2 est le nombre avant la remise dans la nature.

Chaque année, on a prélevé un sous-échantillon de 10 à 20 œufs de chaque croisement et on les a élevés ensemble au Centre de biodiversité de Coldbrook jusqu'au stade adulte; ces individus constituent la composante élevée en captivité (CAP) de la population de la rivière STW. Ce groupe a servi de sauvegarde ou d'autre source d'individus des différentes familles, au cas où l'on ne récupérerait pas de membres de leur fratrie exposés au milieu naturel dans la rivière Pembroke.

### Taille des tacons

Avant le début des remises dans la nature d'alevins EQU dans la rivière Pembroke (2000–2007), on prélevait des tacons par pêche à l'électricité en différents endroits de la rivière Stewiacke. À l'automne 2008 et les années suivantes, on a recapturé des tacons (1+ et 2+, ou âge 1 et âge 2) exposés au milieu naturel (EMN) qui avaient été remis dans la nature en tant qu'alevins EQU (année initiale 2006), dans le tronçon isolé de la rivière Pembroke. Les tacons étaient capturés à l'aide d'un dispositif portatif de pêche à l'électricité et ramenés au Centre de biodiversité de Coldbrook pour y être élevés jusqu'au stade adulte. À compter de 2013, les tacons ont été anesthésiés à l'aide de MS-222 (*méthanesulfonate de tricaine*) et individuellement étiquetés à l'aide d'une petite étiquette TPI (8 mm) dans les six jours suivant leur arrivée. On a consigné leur poids (à 0,01 g près) et leur longueur (à 0,1 cm près) et calculé un coefficient de condition selon la formule 1. Chaque poisson a été photographié et un échantillon de tissu a été prélevé à des fins d'analyse génétique, qui a été effectuée par le laboratoire de biotechnologie aquatique situé à l'Institut océanographique de Bedford, à Dartmouth, en Nouvelle-Écosse. L'information sur le génotypage microsatellite ainsi obtenue a été utilisée pour affecter les individus aux familles au moyen de l'analyse de parenté par exclusion. Les années précédentes, les tacons ont été élevés à Coldbrook pendant une période allant jusqu'à un an et demi avant le marquage et l'échantillonnage des tissus, ce qui rendait la croissance dans la nature impossible à différencier de la croissance dans le milieu d'écloserie.

Les résultats d'attribution de la parenté ont servi à déterminer l'âge des juvéniles EMN (en identifiant le croisement d'origine et l'année du croisement) et ont permis de calculer les taux de croissance propres à chaque famille (FSG) pendant leur période d'exposition à un environnement sauvage comme suit :

$$FSG = (\ln L_{T2} - \ln L_{T1}) * 100 / t \quad (4)$$

où ln = logarithme naturel, L = longueur (en cm), T1 = temps 1, T2 = temps 2 et t = temps ou nombre de jours entre T1 et T2. D'autres calculs ont été effectués pour les taux de croissance propres à chaque famille en substituant le poids (g) à la longueur dans la formule précédente.

La taille de la famille au moment de la capture a été utilisée comme indicateur de la survie à l'état sauvage (de la remise dans la nature à la recapture) à l'aide de la formule 3. Toutefois, il convient de noter que ce chiffre doit être considéré comme un indicateur approximatif de la survie car même si la variance de la taille de la famille au moment du rejet dans la nature a été réduite au minimum, et si la plupart (plus de 80 %) des familles relâchées une année donnée avaient la même taille, une mortalité élevée avant la remise dans la nature pour un sous-

---

ensemble de croisements faisait que quelques familles (généralement moins de 10 %) comptaient moins d'individus. Pour de nombreuses analyses, la taille de la famille a été normalisée au nombre d'individus remis dans la nature. Pour les années initiales pour lesquelles on ne connaissait pas le nombre exact d'alevins EQU remis dans la nature, de 2006 à 2008 (tableau A1 de l'annexe), le nombre EQU initial prélevé par famille (tableau A1 de l'annexe) a été ajusté à l'aide du taux de survie moyen du choc à avant la remise dans la nature, et utilisé par la suite comme valeur de T1 dans la formule 3.

## Saumoneaux

Des saumoneaux du réseau hydrographique de la rivière STW, issus directement de juvéniles EMN ou de remises dans la nature de juvéniles d'ensemencement, ou descendants a) d'adultes du programme remis dans la nature, b) d'adultes du programme en montaison (relâchés au stade de juvéniles) ou c) de saumons sauvages adultes reliques, ont été prélevés à l'aide d'un piège rotatif (aussi connu sous le nom de tourniquet à saumoneaux) situé près de l'embouchure de la rivière Stewiacke. En 2009, le piège rotatif a été remplacé par un verveux qui a été déployé sur la rivière Pembroke (sous la cascade) afin de capturer les individus EMN en migration issus des répartitions d'alevins EQU. Les saumoneaux collectés sont surtout d'âge 2 environ. Par conséquent, la majorité des poissons prélevés en 2009 provient probablement de l'année initiale 2006. C'était la première année initiale pour les répartitions EQU dans la rivière Pembroke. Les prélèvements de saumoneaux à l'aide du verveux de la rivière Pembroke ont diminué ces dernières années car la disponibilité des ressources et les conditions météorologiques ont limité la durée et la période de la pêche active.

## Analyse statistique (surveillance des caractères)

On a utilisé des analyses unilatérales de la variance (ANOVA) pour mettre à l'essai les effets de l'année sur chaque caractère étudié. On a soumis toutes les données à un test de normalité. Les essais ANOVA résistent aux écarts par rapport à la normalité, particulièrement lorsque les ensembles de données sont vastes. Toutefois, lorsque les échantillons étaient de petite taille ou les données fortement faussées, on a procédé à des tests non paramétriques de Kruskal-Wallis (KW). Lorsque l'hypothèse d'homogénéité des variances n'était pas vérifiée, on a utilisé l'ANOVA de Welch (ANOVA<sub>W</sub>), qui permet d'avoir des variances inégales.

Bien qu'il puisse être utile de déterminer les variations d'une année à l'autre, ce n'était pas l'objectif de ces analyses. Le principal objectif était de déterminer l'amplitude et le sens des tendances dans les données au fil des ans. On a utilisé les régressions linéaires (RL) et quadratiques pour dégager les tendances générales pour chaque variable dans le temps. Lorsque les données infirmaient les hypothèses de la normalité ou une variance égale, on appliquait la méthode de l'auto-amorçage des résiduels à l'aide de 10 000 itérations, qui n'est pas assujettie à ces hypothèses. Les valeurs autoamorçées avec correction du biais ont été présentées avec des limites de confiance de 95 % (limite Cl<sub>LL</sub>=limite inférieure, Cl<sub>UL</sub>=limite supérieure). L'importance de la pente selon la méthode bootstrap a été déterminée en examinant les limites de confiance de 95 %; si le zéro était situé à l'intérieur des limites, la pente n'était pas significativement différente de zéro.

Des tests-t à deux échantillons ont servi à déterminer les différences entre les groupes, comme le genre ou la méthodologie. Bien que les tests-t soient assez robustes aux violations de certaines hypothèses de données, on a utilisé le test de variance inégale d'Aspin-Welch (T-test<sub>AW</sub>) lorsque les variances des deux groupes n'étaient pas égales et le test-t par paires (T-test<sub>P</sub>) lorsque les échantillons n'étaient pas indépendants. Si les données n'avaient pas une distribution normale ou si les échantillons étaient de petite taille, on utilisait le test de la somme des rangs de Wilcoxon (WRS) pour mettre à l'essai les différences des médianes. Les

---

coefficients de corrélation de Pearson ( $r$ ) ont été utilisés pour évaluer l'association entre deux variables; lorsque l'hypothèse de la normalité était enfreinte, c'est la corrélation des rangs de Spearman qui a été appliquée ( $r_s$ ).

On a analysé l'effet de la covariable de la génération du programme pour certaines variables pour lesquelles les données variaient au fil des années disponibles sur le programme de banque de gènes vivants (2000–2015) (voir la description de la façon dont les générations du programme étaient déterminées dans la section ci-après sur le nombre de générations du programme). Les générations pour lesquelles la taille d'échantillon était de 1 ont été retirées avant l'analyse. Afin de veiller à ce qu'il n'y ait pas d'interactions entre l'année et la génération du programme sur les variables testées, on a utilisé des modèles linéaires généraux (MLG). Si aucune interaction n'était détectée, les valeurs de  $p$  provenant des ANOVA (unilatérale, de Welch ou de Kruskal-Wallis, selon le cas) ont été retenues pour l'effet de la génération du programme. Les comparaisons post-hoc prévues ont été effectuées afin de comparer les éléments suivants : fondateurs ( $G_0$ ) à la première génération ( $G_1$ ),  $G_1$  à la deuxième génération ( $G_2$ ),  $G_0$  à la dernière génération ( $G_n$ ),  $G_1$  à  $G_n$  et  $G_2$  à  $G_n$ . Les analyses post-hoc ont été réalisées avec les tests de comparaisons multiples de Tukey-Kramer (TK) ou avec les tests de Games-Howell (GH) lorsque les variances étaient inégales, ou avec le test Z de comparaisons multiples de Kruskal-Wallis ( $KW_z$ ) avec des données non normales.

Les moyennes sont indiquées  $\pm$  un écart-type tout au long du processus. Une valeur critique de  $\alpha=0,05$  a été utilisée pour toutes les analyses statistiques. Les courbes de données ont été tracées à l'aide du logiciel de tracé SigmaPlot 11.0 (Systat Software Inc., San Jose, Californie), et les analyses statistiques ont été réalisées avec les progiciels statistiques NCSS 2004 et NCSS 11 (NCSS, Kaysville, Utah) et RStudio 1.0.44 (2009–2016 RStudio Inc., Boston, Massachusetts).

## **MISE À L'ESSAI DES EFFETS POSSIBLES DE LA REPRODUCTION ET DE L'ÉLEVAGE EN CAPTIVITÉ SUR LA PERFORMANCE DES DESCENDANTS EN CAPTIVITÉ ET À L'ÉTAT SAUVAGE**

Comme il a été mentionné précédemment, on tient un ensemble de données phénotypiques, environnementales et génétiques sur presque tous les saumons de la BGV de la rivière STW, y compris les parents mâle et femelle réels qui se sont reproduits pour donner la prochaine génération de saumons de la BGV de la rivière STW. Ces renseignements, notamment le nombre de cycles de reproduction et d'élevage en captivité, le milieu d'élevage des parents aux stades précoces, les valeurs de l'apparement moyen, etc., (voir davantage de précisions plus loin) ont ensuite été utilisés comme variables prédictives pour explorer les effets possibles d'un ou plusieurs aspects du programme de banque de gènes vivants de saumons de l'intérieur de la baie de Fundy sur une ou plusieurs mesures de la performance des descendants.

### **Variables prédictives**

Toutes les variables prédictives analysées ici, comme le milieu d'élevage des parents aux stades précoces, le milieu d'élevage cumulatif des parents et des grands-parents aux stades précoces (entre les parents et les grands-parents), le nombre de générations du programme, la taille moyenne de la famille des parents à l'état sauvage, la moyenne de l'apparement moyen des parents, l'apparement moyen de la mère, la consanguinité généalogique des descendants, l'hétérozygotie observée prévue chez les descendants, le type de croisement de la population (croisement éloigné ou consanguinité), l'âge du parent paternel au moment du frai, l'âge du parent maternel au moment du frai et la présence d'ascendants provenant d'élevages européens, sont ultimement fondés sur les liens de parenté établis et les liens généalogiques. Les estimations de la consanguinité généalogique seront également fortement influencées par

---

les résultats des liens de parenté établis à l'origine. Les méthodes d'attribution de la parenté et d'établissement des liens de parenté, et probablement l'exactitude de cette dernière, ont été décrites dans O'Reilly *et al.* (2018), le document d'accompagnement de la présente publication.

### **Milieus d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces**

Le milieu d'élevage des parents d'une famille donnée (descendants sous la forme d'œufs, d'alevins ou de tacons) fait référence au milieu de croissance au stade des juvéniles précoces (fin du stade de l'âge 0 + alevins jusqu'à, en gros, tacons d'âge 1+ ou âge 2+) de l'un ou de ses deux parents immédiats (directs). Les deux milieux de croissance des parents au stade de juvéniles précoces sont (1) en captivité et (2) dans la nature. Un parent élevé dans le milieu de captivité pendant cette période est désigné comme « élevé en captivité » et un parent relâché dans la nature avant d'être capturé, comme « exposé au milieu naturel ». Étant donné que chaque famille a à la fois un parent maternel et un parent paternel, il existe quatre types de croisements des parents en ce qui a trait à leur environnement aux stades précoces :

1. parent maternel exposé au milieu naturel/parent paternel exposé au milieu naturel (EMNxEMN);
2. parent maternel exposé au milieu naturel/parent paternel élevé en captivité (EMNxCAP);
3. parent maternel élevé en captivité/parent paternel exposé au milieu naturel (CAPxEMN);
4. parent maternel élevé en captivité/parent paternel élevé en captivité (CAPxCAP).

Afin de vérifier les effets maternels (et pour accroître la taille de l'échantillon), nous avons également regroupé (a) EMNxEMN et EMNxCAP ensemble pour créer le grand type de croisement du parent maternel exposé au milieu naturel (femelle EMN), et (b) CAPxEMN et CAPxCAP afin de créer le grand type de croisement du parent maternel élevé en captivité (femelle CAP).

### **Milieus d'élevage cumulatifs des parents et des grands-parents aux stades précoces**

Nous avons également étudié les effets cumulatifs possibles de l'exposition des parents et des grands-parents aux stades précoces (juvéniles) aux milieux en captivité et naturels sur la croissance et la survie des descendants dans le milieu naturel, mais nous n'avons pas fait la distinction entre les effets maternels et paternels (ou grand-paternels et grand-maternels). En d'autres mots, nous avons examiné une association possible entre l'exposition cumulative des ancêtres aux stades précoces (âge 0+alevin jusqu'au tacon d'âge 1+ ou d'âge 2+) à la captivité (en remontant deux générations) et la performance des descendants à l'état sauvage. Les familles expérimentales d'alevins relâchés dans la rivière Pembroke dont les parents et grands-parents avaient tous été exposés au milieu naturel ont été identifiées comme ne présentant aucun (0) élevage en captivité des ancêtres aux stades précoces, tandis que celles dont les parents et grands-parents avaient tous été élevés en captivité ont été identifiées comme présentant un (1) élevage en captivité complet des ancêtres aux stades précoces. Étant donné que les grands-parents transmettent un quart de leurs gènes (y compris les gènes potentiellement épigénétiquement modifiés) à leurs petits-enfants, et les parents la moitié de leurs gènes à leurs descendants immédiats, tous les niveaux intermédiaires d'élevage en captivité des ancêtres ont été quantifiés comme suit. Les familles issues de deux grands-parents élevés en captivité, de deux grands-parents exposés au milieu naturel et de deux parents exposés au milieu naturel étaient considérées comme présentant un niveau d'élevage en captivité cumulatif des ancêtres de 0,250  $[(0,25+0,25)/2]$ ; la somme de l'élevage en captivité cumulatif des ancêtres venant des grands-parents et des parents est divisée par 2 afin que le paramètre soit compris entre 0 et 1,0. Si trois grands-parents et un parent ont été élevés en captivité, et que tous les autres ancêtres (un parent et un grand-parent) sur deux générations

---

ont été exposés au milieu naturel, une famille donnée était considérée comme présentant un niveau d'élevage en captivité cumulatif des ancêtres de  $0,625 ((0,25+0,25+0,25+0,5))/2$ .

### **Nombre de générations du programme**

Le nombre de générations du programme (plusieurs générations de reproduction et d'élevage en captivité – REC) pour une famille donnée (descendants d'un croisement en particulier) a été tiré de renseignements généalogiques, et était égal au nombre moyen de générations de REC de chacun de ses deux parents, plus 1. Par exemple, une famille issue du frai d'un individu de la génération G0 (fondateur de la population) et d'un saumon de la génération G1 (descendant direct de deux parents G0) a connu un total de 1,5 cycle de REC  $((0+1)/2)+1$ .

### **Apparentement moyen**

Les premières années du programme de BGV de saumons de l'intérieur de la baie de Fundy, la valeur de l'apparentement moyen (AM) d'un reproducteur possible était le coefficient de l'apparentement moyen entre cet individu et tous les autres membres vivants de la population, y compris lui-même, et était calculée à l'aide des renseignements généalogiques et de la formule 5.5 de Ballou et Lacy (1995) (voir la figure 36 avec le texte connexe dans O'Reilly *et al.* (2018), un document d'accompagnement de la présente publication). À partir de l'année 2005, on a remarqué que de grandes familles ayant peu de liens de parenté avec d'autres familles recevaient une priorité très faible et, dans certains cas, n'avaient aucun ou peu de représentants sélectionnés pour le frai. Ce résultat non intentionnel des protocoles de reproduction avec MAM précoce a été observé dans d'autres programmes de conservation impliquant des espèces de saumon du Pacifique à la fécondité semblable (O'Reilly et Kozfkay 2014) et dans les comparaisons fondées sur des simulations de l'efficacité attendue de plusieurs autres algorithmes de reproduction (IVY et Lacy 2012). À la suite de cette observation, les valeurs de l'AM dans le programme de banque de gènes vivants (de 2005 à 2012 approximativement) ont été calculées en supposant un représentant par famille pleinement apparentée. Par conséquent, dans la présente analyse des effets possibles de l'ordre de priorité selon l'AM des parents sur la performance des descendants à l'état sauvage, les valeurs de l'AM ont été calculées de la même façon (en supposant un individu par famille). Plus précisément, la variable prédictive de l'AM en fonction de laquelle on a testé la performance des descendants/de la famille était la moyenne de la valeur de l'AM des deux parents ainsi calculée (moyenne de l'apparentement moyen parental), mais nous avons également testé les effets possibles de la valeur de l'AM du seul parent de sexe féminin (apparentement moyen maternel). Il convient de noter que même si les saumons de la rivière STW ont été choisis pour le frai selon l'apparentement moyen classé depuis 2013 (où la taille de la famille a été intégrée dans les calculs des valeurs de l'AM), les descendants/familles inclus dans cette étude ont été produits les années où les valeurs de l'AM étaient calculées comme nous venons juste de le décrire et où les saumons étaient sélectionnés selon le soutien à l'apparentement moyen (O'Reilly et Harvie 2010; O'Reilly et Kozfkay 2014; O'Reilly *et al.* 2018 pour obtenir plus de détails). Soulignons que les programmes de reproduction fondés sur l'apparentement moyen classé atténuent également l'incidence des très grandes familles sur les valeurs de l'AM et la faible priorisation de tous les représentants des familles plus nombreuses. Bien que de nombreux représentants de grandes familles reçoivent une priorité faible pour le frai en vertu de ce programme de reproduction, certains sont classés comme plus prioritaires par l'algorithme, le classement d'au moins un représentant reflétant, à un degré croissant, les liens de parenté entre les familles. Afin de réduire au minimum les effets de confusion possibles du milieu d'élevage des parents sur les évaluations des effets de l'AM, les analyses comprenaient uniquement des familles (descendants) issues de deux parents exposés au milieu naturel.



---

## Taille moyenne des familles des parents dans la nature

Chaque année, des représentants des familles de la BGV de la rivière STW sont échantillonnés/prélevés dans la nature après avoir séjourné dans un habitat de la rivière natale pendant généralement un à deux ans (O'Reilly *et al.* 2018). La taille des familles récupérées varie considérablement, de 1 à 17 individus une année donnée (données inédites). Cette variation de la taille des familles reflète a) le nombre d'alevins relâchés (mais de façon minime au cours de la période évaluée), b) les effets de l'échantillonnage aléatoire, c) l'émigration différentielle du site de rejet et recapture, et d) le taux de survie dans la nature. Les échantillons recueillis un ou deux ans après le rejet dans la nature peuvent contenir davantage de représentants des familles plus nombreuses (survie potentiellement plus élevée) que des familles numériquement plus petites. En l'absence de renseignements généalogiques, les représentants de ces familles numériquement dominantes, plus grandes, se reproduiraient plus fréquemment que ceux des familles plus petites. Si les intensités de sélection étaient directionnelles et fortes, et que la variance de la taille de la famille dans les échantillons recueillis reposait principalement sur la sélection naturelle, on pourrait s'attendre à une perte minime de valeur adaptative à l'état sauvage dans la génération suivante. Toutefois, les programmes de reproduction qui favorisent la sélection et le frai des individus provenant de familles de petite taille par rapport à des familles plus nombreuses (notamment l'ETF, l'AAM et la MAM), après une période d'exposition aux *conditions de leur rivière natale*, pourraient réduire au minimum la composante interfamiliale de la sélection naturelle pour les conditions sauvages, limitant peut-être certains des avantages possibles pour la valeur adaptative de cette stratégie de gestion. Ici, nous avons mis à l'essai les effets immédiats possibles, en particulier, de la taille de la famille des parents à l'état sauvage (et, par conséquent, des régimes de sélection des reproducteurs qui intègrent les renseignements sur la taille de la famille) sur la performance des descendants dans la nature. Plus précisément, la variable prédictive utilisée dans les analyses connexes est la moyenne de la taille de la famille des parents mâle et femelle d'un croisement donné (famille) dans les prélèvements par pêche à l'électricité menés dans la rivière Pembroke d'individus d'âge 1, environ 15 mois après leur rejet dans la nature. Ces renseignements seront comparés à la performance des descendants à l'état sauvage dans le même tronçon de rivière (décrit plus en détail ci-après). Il est à noter que, par définition, cette analyse comprend uniquement les familles ou les descendants issus du frai de deux parents exposés au milieu naturel.

## Consanguinité généalogique des descendants ou de la famille

La consanguinité généalogique a été calculée à l'aide des coefficients d'apparentement obtenus à partir de la généalogie des saumons de la rivière STW (voir davantage de précisions dans O'Reilly *et al.* 2018). La valeur prédictive utilisée était le niveau de consanguinité généalogique attendu dans la descendance/famille réelle dont on évaluait la performance des caractères (voir ci-après). Il convient de noter également qu'afin de réduire au minimum les effets de confusion possibles du milieu d'élevage des parents sur la performance, les analyses comprenaient uniquement des familles (descendants) issues de deux parents exposés au milieu naturel.

## Hétérozygotie observée prévue chez les descendants

L'hétérozygotie observée prévue chez les descendants ou la famille a été calculée à partir des génotypes multi-locus relevés par ses parents mâle et femelle, en supposant une hérédité mendélienne et un assortiment indépendant. Prenons, par exemple, deux parents hypothétiques (Parent 1 et Parent 2) et leurs génotypes multilocus respectifs.

Tableau 1. Comment la famille Hétérozygotie observée prévue a été calculée à l'aide d'un 2 allèle - 2 loci exemple.

Parent	Locus 1, Allèle 1	Locus 1, Allèle 2	Locus 2, Allèle 1	Locus 2, Allèle 2
Parent 1	222	222	333	337
Parent 2	222	226	361	365
Hétérozygotie observée prévue chez la famille (locus unique)	50%		100%	
Hétérozygotie observée prévue chez la famille (multi-locus)	75%			

Au locus 1, tous les descendants hériteront d'un seul allèle 222 du Parent 1; la moitié d'entre eux hériteront d'un deuxième allèle 222 du Parent 2 et l'autre moitié, d'un allèle 226. L'hétérozygotie observée prévue chez les descendants (famille) à ce locus est 50 %. Au locus 2, les deux allèles observés chez chacun des deux parents sont différents et les parents n'ont aucun allèle en commun, de sorte que l'hétérozygotie observée prévue chez les descendants (famille) à ce locus est 100 %. L'hétérozygotie observée prévue moyenne sur les deux loci est 75 % ((50 + 100)/2). Toutes les estimations de l'hétérozygotie observée prévue chez la famille utilisées ici étaient fondées sur le même ensemble de microsatellites à 12 loci (voir le tableau 20 dans O'Reilly *et al.* 2018). Les valeurs ainsi obtenues ont été utilisées comme variables prédictives dans les essais pour les associations entre l'hétérozygotie observée attendue chez la famille et le taux de survie des descendants.

#### **Type de croisement de la population (croisement éloigné), nord du bassin Minas x rivière Stewiacke**

À compter de 2007, des saumons de l'intérieur de la baie de Fundy (des rivières GRV, Debert (DEB) et ECO, ci-après appelés collectivement dans la présente analyse « saumons NMB ») ont été volontairement croisés avec des saumons de la rivière STW à la fois pour 1) déterminer la variation génétique des saumons sauvages prélevés dans ces trois rivières, et 2) éventuellement réduire au minimum la consanguinité et accroître la diversité allélique dans la population de la BGV de la rivière STW. Afin de mettre à l'essai les possibles effets de l'hétérosisme chez les descendants de ces croisements hybrides (et, par conséquent, la présence de consanguinité ancestrale et de dépression consanguine dans la population de la rivière STW), nous avons comparé la performance des descendants de ces croisements éloignés NMB x STW à celle des descendants des croisements entre individus dont les ancêtres provenaient uniquement de la rivière STW, que nous appellerons ici « autocroisements STW x STW ». Étant donné que le nombre de croisements hybrides pour lesquels nous disposions de renseignements sur les caractères des descendants une année donnée était trop petit (de 1 à 10 en fonction de l'année et du caractère étudié) pour tester les différences entre les types de croisements réciproques, nous avons combiné les croisements du parent femelle NMB et du parent mâle STW (NMB x STW) avec les croisements du parent femelle STW et du parent mâle NMB (STW x NMB) en un seul type de croisement, défini ici comme croisement éloigné NMB x STW. Les familles hybrides F1 ont été produites au cours de chacune des années 2007, 2008 et 2009, mais le moment du début des différentes activités de surveillance des caractères a limité les caractères de la performance des descendants qui pouvaient faire l'objet d'une évaluation chaque année (décrit plus en détail ci-après). Il convient de noter que les croisements présentant une ascendance européenne connue ont été exclus de ces analyses.

---

## **Type de croisement de la population (croisement éloigné), rivière Gaspereau x rivière Stewiacke**

En 2013, 16 croisements hybrides expérimentaux ont été effectués entre des saumons de la rivière STW et les saumons modérément divergents de la rivière Gaspereau (GAK) (voir l'information sur les différences phénotypiques et génétiques entre ces deux groupes dans O'Reilly *et al.* 2018). Ces croisements ont été effectués en raison de préoccupations entourant la véritable origine des saumons des rivières GRV et ECO inclus dans d'autres croisements hybrides étudiés ici et ailleurs (Houde *et al.* 2011; Rollinson *et al.* 2014) et l'hétérosis attendue. Si les saumons des rivières ECO et GRV étaient de récents poissons errants provenant de la population plus importante de la rivière STW, la portée des augmentations de l'hétérozygoté du génome entier ou le masquage des allèles récessifs délétères résultant du mélange des génomes de ces saumons et des saumons restants issus de la BGV de la rivière STW étaient très limités. Les 16 familles hybrides issues du croisement éloigné GAK x STW qui ont été créées sont appelées « croisement éloigné GAK x STW » et ont été produites en croisant chacune des huit femelles différentes de la rivière GAK une fois avec un des huit mâles différents de la rivière STW, et chacune des huit différentes femelles de la rivière STW une fois avec l'un des huit mâles différents de la rivière GAK. Les descendants de ces 16 croisements éloignés ont été élevés, à partir de la fertilisation, ainsi que 16 croisements par paires de la BGV GAK x GAK (appelés ici autocroisements GAK x GAK) et 75 croisements par paires de la BGV STW x STW (appelés ici autocroisements STW x STW). Pour créer ces deux derniers ensembles de croisements, on a croisé chaque femelle une fois avec chaque mâle, dans une série de croisements par paires, selon la description donnée précédemment des croisements éloignés GAK x STW. Le nombre de croisements hybrides était encore trop petit pour qu'il soit possible d'analyser les deux types de croisements réciproques séparément. Il convient de noter que les croisements présentant une ascendance européenne connue ont été exclus de ces analyses.

### **Âge des parents paternel et maternel au moment du frai**

De 2008 à 2013 (les années initiales pertinentes étudiées dans cette analyse), l'âge des reproducteurs mâles et femelles variait de trois à huit ans, mais la plupart étaient âgés de quatre ans; dans toutes les analyses connexes, l'âge du parent ou du reproducteur repose sur l'année initiale ou l'année de fertilisation de ces individus et non sur l'année d'éclosion. À partir de 2013, dans le but de réduire le nombre de cycles de reproduction et d'élevage en captivité, la reproduction des saumons de la rivière STW (pour le programme de banque de gènes vivants) a été retardée jusqu'à l'âge 5 (aucun saumon ne s'est reproduit pour le programme de BGV les dernières années). Afin d'étudier les impacts immédiats possibles de cette décision de gestion, nous avons testé les effets possibles de l'âge du parent mâle et femelle (les années initiales avant 2013) sur la survie de la famille ou des descendants dans le milieu naturel. Étant donné que l'âge est positivement corrélé à la taille de la femelle au moment du frai, et la taille de la femelle à la taille des œufs, nous avons également évalué les effets de la taille des œufs sur la survie, et les interactions entre l'âge des parents et la taille des œufs dans les évaluations de la survie des descendants. L'âge des parents a été déterminé en reliant les descendants aux croisements parentaux connus, en consignait l'année du croisement pertinent et en consultant les dossiers afin de déterminer l'âge du parent à ce moment-là. Voir ci-devant pour obtenir de plus amples renseignements sur la façon dont la taille des œufs a été évaluée. Comme nous explorons les effets possibles de l'âge du parent mâle et du parent femelle séparément, les variables prédictives de ces séries d'analyses étaient, précisément, l'âge du parent mâle ou femelle au moment du frai (l'âge de la femelle ou du mâle au moment de la production d'un croisement ou famille donné dont la survie était évaluée).

---

## Ancêtres européens

En 1999, trois tacons prélevés dans la rivière STW dans le groupe fondateur G0 présentait plusieurs marqueurs d'ascendance européenne (UE) (O'Reilly *et al.* 2018). On pense que ces trois saumons fondateurs G0 sont des hybrides F1 de saumons d'élevage de l'UE et de saumons de la rivière STW, affichant 50 % d'ancêtres d'élevage de l'UE. Chaque hybride F1 UE/STW non détecté a ensuite été croisé par inadvertance avec d'autres saumons purs de la BGV de la rivière STW pour créer des saumons F2, présentant 25 % d'ancêtres d'élevage de l'UE. En 2009, l'un de ces individus s'est reproduit pour générer une famille hybride de génération F3 UE/STW présentant 12,5 % de gènes d'élevage de l'UE; de 2010 à 2012, 16 saumons de la génération F3 élevage de l'UE/STW se sont reproduits pour créer 16 familles hybrides de la génération F4 UE/STW, présentant 6,25 % de gènes de l'UE. Entre 2010 et 2013, dans le cadre d'opérations courantes de la BGV (décrites précédemment), un sous-ensemble de ces 17 familles hybrides élevage de l'UE/STW a été dénombré et remis dans la nature (en tant qu'alevins) dans un segment isolé de la rivière Pembroke (un affluent de la rivière STW) avec des familles d'origine de la rivière STW (STW x STW) gérées de la même façon, ce qui a permis d'évaluer les impacts possibles d'un pourcentage relativement faible de l'ascendance d'élevage de l'UE sur la survie des descendants dans le milieu naturel.

## Variables de réponse

Nous avons répertorié les effets possibles des variables prédictives susmentionnées, qui étaient chacune associées à un ou plusieurs éléments de la gestion des BGV de la rivière STW, sur une ou plusieurs variables de réponse (indicateurs de la performance des descendants). Les renseignements associés à chaque variable de réponse sont principalement tirés des familles exposées au milieu naturel de la BGV de la rivière STW, des sous-ensembles de croisements individuels de la BGV individuels destinés à être remis dans la rivière Pembroke comme alevins d'âge 0+ pour être capturés plus tard en tant que tacons d'âge 1+ ou d'âge 2+ qui seront élevés en captivité avant d'être ramenés dans le programme de la banque de gènes vivants à titre de reproducteurs possibles.

Ces variables de réponse étaient les suivantes :

- a. la longueur moyenne de la famille (mm) (la moyenne pour l'ensemble des individus d'une famille) ou la moyenne familiale de la longueur moyenne (la moyenne des moyennes familiales dans un groupe de traitement) en tant qu'alevins à l'âge 0 (avant la remise dans la nature);
- b. la longueur moyenne (cm) des individus ou de la famille (la moyenne pour l'ensemble des individus d'une famille) ou la moyenne familiale de la longueur moyenne (la moyenne des moyennes familiales d'un groupe de traitement) au stade de tacon d'âge 1+ (après la capture dans la nature);
- c. la longueur moyenne (cm) des individus ou de la famille pour les femelles adultes d'âge 4 (l'âge des adultes est fondé sur l'année initiale ou l'année de fertilisation);
- d. la longueur moyenne (cm) des individus ou de la famille pour les mâles adultes d'âge 4 (l'âge des adultes est fondé sur l'année initiale ou l'année de fertilisation);
- e. le poids moyen de la famille (g) (la moyenne pour l'ensemble des individus d'une famille) ou la moyenne familiale du poids moyen (la moyenne des moyennes familiales dans un groupe de traitement) en tant qu'alevins à l'âge 0 (avant la remise dans la nature);
- f. le poids moyen des individus ou de la famille;

- 
- g. (la moyenne pour l'ensemble des individus d'une famille) ou la moyenne familiale du poids moyen (la moyenne des moyennes familiales d'un groupe de traitement) au stade de tacon d'âge 1+ (après la capture dans la nature);
  - h. le poids moyen (kg) des individus ou de la famille pour les femelles adultes d'âge 4 (l'âge des adultes est fondé sur l'année initiale ou l'année de fertilisation);
  - i. le poids moyen (kg) des individus ou de la famille pour les mâles adultes d'âge 4 (l'âge des adultes est fondé sur l'année initiale ou l'année de fertilisation);
  - j. le pourcentage de difformités dans la famille à l'âge 0+ (alevins avant la remise dans la nature) (pourcentage des individus d'une famille présentant des difformités) ou le pourcentage moyen de difformités dans les familles (le pourcentage moyen des difformités dans l'ensemble des familles d'un traitement) à l'âge 0+ (alevins avant la remise dans la nature);
  - k. l'incidence moyenne dans la famille des difformités à l'âge 0+ (équivalant également à la proportion de familles échantillonnées qui présentent des difformités);
  - l. la taille normalisée de la famille à l'état sauvage au moment de la capture à l'âge 1+ (taille de la famille à l'âge 1+ normalisée selon le nombre d'alevins de cette famille relâchés à l'âge 0+, comme cela est indiqué ci-après);
  - m. le pourcentage de survie de la famille en captivité du moment du choc (au stade de l'œuf, mi-développement) à avant la remise dans la nature en tant qu'alevin d'âge 0+;
  - n. le pourcentage de survie de la famille en captivité du moment du choc (au stade de l'œuf, mi-développement) au marquage (âge 4 environ);
  - o. le pourcentage de survie de la famille en rivière de la remise dans la nature en tant qu'alevin d'âge 0+ à la capture en tant que tacon d'âge 1+;
  - p. le pourcentage de survie de la famille en rivière de la remise dans la nature en tant qu'alevin d'âge 0+ à la capture en tant que tacon d'âge 2+;
  - q. le pourcentage de survie de la famille en rivière du stade de tacon d'âge 1+ à celui de tacon d'âge 2+;
  - r. le pourcentage (ou proportion) de groupes des classes d'âge de plus en plus tardives (alevins d'âge 0+ avant la remise dans la nature, puis tacons d'âge 1 après la capture, puis tacons d'âge 2 après la capture) composés de représentants des différents types de croisements ou de groupes;
  - s. le taux de croissance spécifique de la famille (longueur) de la remise dans la nature en tant qu'alevin d'âge 0+ à la capture en tant que tacon d'âge 1+.

Des renseignements ont également été recueillis sur la taille des œufs, une covariable importante pour évaluer les effets de variables prédictives telles que l'âge des femelles reproductrices sur la survie des descendants dans le milieu naturel. Des précisions sur la manière dont la taille des œufs (superficie), la longueur et le poids des alevins, des tacons et des adultes ont été mesurés, sont données dans la section précédente sur les méthodes (*Surveillance des changements des caractères phénotypiques dans le temps*).

Les estimations de la survie en captivité, du choc au Temps 1 (au stade de l'œuf, à mi-développement) à avant la remise dans la nature en tant qu'alevins d'âge 0+ (Temps 2) étaient basées sur les dénombrements de tous les individus de l'expérience à ces deux points dans le temps et, par conséquent, reflètent directement la survie pendant cet intervalle de temps; les estimations de la survie en captivité du choc au Temps 1 (au stade de l'œuf, à mi-

---

développement) au marquage à l'âge 4+ étaient fondées sur les dénombrements de tous les individus de l'expérience au Temps 1, mais seulement un échantillon d'individus restants au Temps 2 (seule une partie des saumons élevés en captivité ont été élevés jusqu'à l'âge 4+, et seule une fraction de ceux-ci a fait l'objet d'un échantillonnage de tissus et d'un génotypage). Les estimations de la survie de l'espèce à l'état sauvage, de la remise dans la nature en tant qu'alevins d'âge 0+ au stade de tacons d'âge 1+ ou d'âge 2+ étaient fondées sur des dénombrements complets au Temps 1, ainsi que sur les échantillons (pêchés à l'électricité) de tous les descendants restants de cette cohorte dans la rivière natale au Temps 2. Les estimations de la survie de l'espèce à l'état sauvage de l'âge 1+ à l'âge 2+ étaient fondées sur les échantillons pêchés à l'électricité de tous les descendants restants au Temps 1 et au Temps 2. Il est important de noter que même si nous comparons la survie relative entre les familles (ou entre les groupes de traitement), les deux facteurs suivants – (1) les effets de l'échantillonnage aléatoire et (2) l'émigration différentielle du site de recherche – pourraient également avoir contribué, indépendamment ou ensemble, aux nombres d'individus observés dans les échantillons collectés et, par conséquent, aux estimations de la survie présentées. De plus amples renseignements sur la façon dont les estimations de la survie ont été calculées en captivité et à l'état sauvage au cours de ces différentes périodes de développement sont fournies précédemment dans la section sur la *Surveillance des changements des caractères phénotypiques dans le temps*.

Des détails supplémentaires sur les conditions d'élevage des œufs et des alevins, le dénombrement des œufs après le choc, le dénombrement des alevins avant la remise dans la nature, les changements des conditions d'élevage au fil des ans, l'emplacement et les conditions de l'habitat dans la rivière Pembroke et la méthodologie de la pêche à l'électricité sont présentés dans O'Reilly *et al.* (2018).

La taille de la famille des descendants dans la nature au stade de tacon d'âge 1+ a été normalisée en fonction de légères différences dans le nombre d'alevins réellement relâchés ( $FSW_{age1.std}$ ) entre les familles, comme suit :

$$FSW_{age1.std} = (MFS_{age0}/RFS_{age0}) * FSW_{age1.obs}$$

où  $MFS_{age0}$  = taille maximale de la famille à la remise dans la nature (âge 0+),  $RFS_{age0}$  = taille de la famille relâchée (nombre d'alevins d'une famille donnée réellement relâchés à l'âge 0+) et  $FSW_{age1.obs}$  = taille de la famille dans la nature à l'âge 1+, observée dans les échantillons pêchés à l'électricité.

Lorsque la taille des échantillons le permettait, nous avons tenté de réduire au minimum les effets de confusion possibles des variables sur la variable de réponse (la performance des descendants) évaluée en limitant les familles incluses dans les analyses aux types semblables sur le plan des autres variables prédictives possiblement importantes. Par exemple, dans les analyses des effets de la consanguinité généalogique sur la survie à l'état sauvage à l'âge 1+ et la longueur des individus à l'âge 1+ à l'état sauvage (figures 46 et 47), nous avons inclus seulement les familles issues de deux parents exposés au milieu naturel (en minimisant les effets du milieu d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces sur les résultats de la consanguinité). Les types de groupes/familles inclus dans les différentes analyses sont indiqués dans la légende de la figure correspondante.

### **Analyses statistiques (données expérimentales)**

Pour tous les ensembles de données impliquant des données continues, la normalité a été évaluée à l'aide du test de Shapiro-Wilk et l'homogénéité des variances à l'aide du test de Brown-Forsythe. Lorsque toutes les hypothèses étaient vérifiées, les différences entre les groupes ont été testées en utilisant l'analyse de la variance (ANOVA). Lorsque les variances

---

n'étaient pas homogènes, mais que les données avaient une distribution normale, nous avons utilisé l'ANOVA de Welch. Lorsque les données n'avaient pas une distribution normale, nous leur avons d'abord appliqué une transformation de rang avant de les analyser par ANOVA; les ensembles de données employant des ANOVA à transformation de rang ont ensuite été analysés selon le test non paramétrique de Kruskal-Wallis. L'ANOVA imbriquée, non équilibrée et à effets fixes a été calculée à l'aide de la méthode de la régression, la famille étant imbriquée dans le milieu d'élevage parental/maternel. Lorsque les analyses de l'ANOVA, de l'ANOVA de Welch et de l'ANOVA imbriquée portaient sur plusieurs groupes, nous avons employé le test de Games-Howell pour déterminer les paires qui présentaient des différences significatives. La taille de l'effet de l'échantillon normalisé  $\eta^2$ , la proportion de la variance totale attribuable aux traitements et son intervalle de confiance de 95 %, ont été calculés selon les formules de Shieh (2013) pour l'ANOVA, l'ANOVA de Welch et la régression. Le taux de Kendall a d'abord été converti en  $r^2$  à l'aide de la formule de Walker (2003). L'incidence des difformités chez les alevins est une variable de réponse catégorique, qui prend l'une de deux valeurs (présence ou absence), et a été analysée par régression logistique binaire. Pour les données sur les proportions, nous avons utilisé le G-test de la qualité de l'ajustement avec la correction de Williams (Sokal et Rohlf 1981).

Toutes les analyses de données ont été produites à l'aide de Microsoft Excel 2010 et du logiciel Real Statistics Resource Pack, version 4,3, extension pour Excel (Zaiontz 2015).

## RÉSULTATS ET DISCUSSION

### RÉSULTATS DE LA SURVEILLANCE DES CARACTÈRES

#### Taille selon le stade

##### Adultes reproducteurs

Aucune différence significative dans la longueur (tableau 3) n'a été décelée entre les reproducteurs matures mâles et femelles (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,6103$ ) et la longueur moyenne de tous les adultes reproducteurs était de  $48,25 \pm 10,23$  cm. La longueur des adultes commençait à un minimum de  $39,86 \pm 4,47$  cm en 2000 et a augmenté jusqu'à un maximum de  $54,82 \pm 10,36$  cm en 2005, avant de se stabiliser autour de  $46,04 \pm 9,10$  cm entre 2008 et 2015. Les différences dans le poids associées au développement des gonades entre les sexes ont entraîné une augmentation importante du poids (T-test;  $p=0,0123$ ) chez les femelles ( $1,65 \pm 1,08$  kg) par rapport aux mâles ( $1,52 \pm 1,18$  kg). Le poids des mâles et des femelles (tableau 2) était très variable et allait de 0,05 à 6,95 kg et de 0,26 à 10 kg, respectivement. Le coefficient de condition (tableau 3) était considérablement plus élevé (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,0000$ ) chez les reproducteurs femelles ( $1,37 \pm 0,19$ ) que chez les mâles ( $1,22 \pm 0,18$ ) en raison du poids supplémentaire des œufs.

Afin d'éliminer les différences liées à l'âge, les caractéristiques du corps (longueur, poids, coefficient de condition et profondeur du corps) chez les adultes reproducteurs d'âge 4 ont été comparées (figure 3) entre toutes les années du programme de banque de gènes vivants. En 2014, le programme a été modifié pour être axé sur les adultes reproducteurs d'âge 5; ceux-ci sont inclus sur la figure 3 uniquement afin de maintenir la continuité annuelle, mais ils ont été exclus des analyses statistiques. Une différence significative (T-test<sub>AW</sub>;  $p<0,0001$ ) a été relevée entre les sexes pour toutes les caractéristiques corporelles comparées (longueur, poids, CF et profondeur du corps), les femelles présentant généralement des tailles légèrement plus grandes. La longueur moyenne des femelles reproductrices d'âge 4 était de  $41,89 \pm 4,97$  cm, tandis que celle des mâles était de  $40,74 \pm 6,77$  cm, et était comprise entre un maximum de

---

47,57 ± 6,21 cm et 7,21 ± 49,74 cm en 2005 et un minimum de 38,24 ± 4,29 cm et 36,51 ± 7,04 cm en 2011 pour les femelles et les mâles, respectivement. Le poids a également atteint un pic en 2005 (femelles : 1,50 ± 0,51 kg; mâles : 1,61 ± 0,68 kg), avec un creux en 2011 (femelles : 0,76 ± 0,27 kg; mâles : 0,63 ± 0,32 kg) et une moyenne de 1,05 ± 0,48 kg pour les femelles et 0,85 ± 0,45 kg pour les mâles. La fourchette du coefficient de condition (figure 3) était étroite, autour de la moyenne de 1,33 ± 0,20 et 1,22 ± 0,14 pour les femelles et les mâles, respectivement. Comme prévu, les femelles d'âge 4 (moyenne de 9,85 ± 1,20 cm) avaient aussi une profondeur du corps plus grande que les mâles (8,91 ± 1,64 cm) du même âge.

Aucune tendance annuelle n'a été dégagée dans la longueur des reproducteurs d'âge 4 pour l'un ou l'autre sexe. La pente selon la méthode bootstrap (mB) de la régression linéaire pour les femelles d'âge 4 ( $m_B=0,0095$ ) n'était pas significativement différente de zéro, telle que déterminée par les limites de confiance de 95 % ( $CI_{LL}=-0,0667$ ,  $CI_{UL}=0,0846$ ). De même, la régression linéaire (LR) n'a indiqué aucune tendance pour les mâles d'âge 4 ( $m=-0,0559$ ,  $p=0,3374$ ). Le poids des femelles ( $m_B=-0,0525$ ,  $CI_{LL}=-0,0708$ ,  $CI_{UL}=-0,0334$ ) et des mâles (LR;  $m=-0,0292$ ,  $p=0,0264$ ) d'âge 4 a beaucoup diminué au fil des ans (figure 3). En 2005, à l'âge 4, les adultes reproducteurs femelles et mâles étaient en moyenne 1,5 et 1,98 fois plus lourds, respectivement, que ceux de la période 2007–2013. La régression linéaire n'a pas détecté de tendances dans le poids des reproducteurs à l'âge 4 entre 2007 et 2013 (femelles :  $m=-0,0127$ ,  $p=0,3088$ ; mâles :  $m=0,0259$ ,  $p=0,0636$ ). Le coefficient de condition (figure 3) des reproducteurs adultes d'âge 4 n'a pas changé (LR; femelles :  $m=-0,0051$ ,  $p=0,2185$ ; mâles :  $m=-0,0063$ ,  $p=0,1322$ ) au fil des ans. L'année 2005 n'a pas eu d'incidence sur le coefficient de condition car les deux facteurs qui l'influencent (la longueur et le poids) ont augmenté proportionnellement. Bien que limitée par le nombre d'années disponibles, une augmentation importante de la profondeur du corps des femelles (LR;  $m=0,1752$ ,  $p=0,0302$ ) et des mâles (LR;  $m=0,2991$ ,  $p=0,0484$ ) a été détectée (figure 3).

Afin de tenir compte des différences entre les environnements d'élevage, les reproducteurs d'âge 4 ont été séparés entre les groupes de saumons d'origine sauvage (OS), exposés au milieu naturel (EMN) et élevés en captivité (CAP) pour les analyses (figure 4). Les femelles exposées au milieu naturel (EMN) étaient considérablement plus grandes que les mâles EMN, avec une longueur moyenne de 40,98 ± 4,39 cm (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,0220$ ), un poids de 0,92 ± 0,42 kg (T-test;  $p=0,0001$ ) et un CF de 1,29 ± 0,15 (T-test;  $p=0,0000$ ). La régression linéaire n'a pas permis de détecter des tendances dans le temps pour la longueur ( $m=-0,2360$ ,  $p=0,1054$ ) et le CF ( $m=0,0019$ ,  $p=0,7317$ ) des femelles; toutefois, le poids des femelles a présenté une diminution importante ( $m_B=-0,0385$ ,  $CI_{LL}=-0,0698$ ,  $CI_{UL}=-0,0042$ ). Les mâles EMN affichaient une longueur moyenne de 40,31 ± 6,10 cm, un poids de 0,76 ± 0,36 kg, et un CF de 1,19 ± 0,12 et une diminution significative a été observée au fil du temps (longueur :  $m=-0,6209$ ,  $p=0,0056$ ; poids :  $m=-0,0582$ ,  $p=0,0046$ ; CF :  $m=-0,0163$ ,  $p=0,0233$ ). Aucune différence n'a été relevée dans la longueur des femelles OS par rapport aux femelles EMN (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,1014$ ); toutefois, les mâles OS étaient nettement plus longs que les mâles reproducteurs EMN (T-test;  $p=0,0101$ ; figure 4).

Une grande différence de taille a été détectée entre les sexes (T-test<sub>AW</sub>;  $p<0,0009$ ) pour les adultes CAP d'âge 4; cependant, les mesures des deux sexes étaient régulièrement plus grandes que celles de leurs homologues EMN (T-test<sub>AW</sub>;  $p<0,0015$ ) sur les plans de la longueur, du poids et du coefficient de condition. Les mesures des adultes CAP étaient plus variables dans le temps (figure 4). Les femelles CAP affichaient une longueur moyenne de 43,76 ± 5,56 cm allant de 40,71 ± 4,83 à 47,57 ± 6,21 cm, tandis que la fourchette annuelle pour les femelles EMN était inférieure à 5 cm. La longueur des mâles CAP était plus petite que celle des femelles CAP, à 41,67 ± 7,97 cm, mais tout aussi variable, allant de 35,74 ± 7,14 cm à 49,74 ± 7,22 cm, une différence de 14 cm, tandis que la différence pour les mâles EMN était de 6,7 cm. Le poids



---

moyen des mâles et des femelles CAP (âge 4) était de  $0,93 \pm 0,52$  kg et  $1,28 \pm 0,47$  kg, respectivement, et le facteur de correction moyen de  $1,26 \pm 0,16$  et  $1,40 \pm 0,25$ , respectivement. Aucune tendance significative n'a été détectée avec une régression linéaire dans la longueur (femelles :  $m=0,1193$ ,  $p=0,3254$ ; mâles :  $m=-0,3323$ ,  $p=0,0912$ ), le poids (femelles :  $m=-0,0184$ ,  $p=0,1785$ ; mâles :  $m=-0,0091$ ,  $p=0,6128$ ) ou le coefficient de condition (femelles :  $m=0,0069$ ,  $p=0,3393$ ; mâles :  $m=0,0010$ ,  $p=0,8489$ ) des adultes CAP, pour les deux sexes, pendant la durée du programme de banque de gènes vivants (figure 4).

Les mesures de la longueur des adultes étaient disponibles sur l'ensemble du programme et, par conséquent, ont été utilisées comme un indicateur afin d'évaluer les effets générationnels sur la taille des adultes reproducteurs (figure 5). Les mâles et les femelles des trois groupes ont été analysés séparément : tous les adultes reproducteurs d'âge 4, les saumons EMN et les saumons CAP. Les groupes EMN et CAP commencent à  $G_1$ . Par conséquent, les poissons d'origine sauvage (OS) ont été inclus dans les deux analyses afin de produire un ensemble de données plus complet qui comprend la génération initiale ( $G_0$ ). Il n'y a eu aucune interaction entre l'année et la génération du programme pour l'une ou l'autre des analyses (GLM;  $p=1,0000$ ). La génération du programme a eu un effet important sur les femelles reproductrices (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0137$ ) et les mâles reproducteurs (ANOVA;  $p=0,0000$ ) d'âge 4 (figure 5). Les comparaisons prévues ont fait apparaître des différences importantes entre  $G_0$  et  $G_1$  (GH;  $p=0,0200$ ) et  $G_1$  et  $G_2$  (HC;  $p=0,0300$ ) dans la longueur des femelles ( $G_0=41,29 \pm 3,41$  cm,  $G_1=42,63 \pm 5,74$  cm,  $G_2=40,96 \pm 5,06$  cm),  $G_1$  et  $G_2$  (TK;  $p < 0,05$ ) dans la longueur des mâles ( $G_1=41,91 \pm 7,29$  cm,  $G_2=38,99 \pm 6,60$  cm). Il n'y avait cependant aucune différence entre les deux premières générations et la dernière génération de femelles ( $G_3=40,70 \pm 5,47$  cm) ou de mâles ( $G_0=40,87 \pm 5,85$  cm,  $G_{2,75}=42,63 \pm 9,03$  cm). La tendance générale était l'absence de changement au cours de la génération pour les deux sexes, puisque la pente des régressions linéaires n'était pas significativement différente de zéro (femelles :  $m_B=0,2288$ ,  $CI_{LL}=-0,1198$ ,  $CI_{UL}=0,5664$ ; mâles :  $m=-0,3768$ ,  $p=0,2184$ ).

Aucun effet de la génération du programme n'a été détecté pour les deux sexes (ANOVA<sub>W</sub>;  $p>0,0620$ ) dans le groupe OS/EMN et les longueurs moyennes étaient de  $40,99 \pm 4,39$  cm et  $39,70 \pm 6,10$  cm pour les femelles et pour les mâles, respectivement (figure 5). La variabilité du groupe OS/CAP était plus grande au fil des générations et un effet générationnel important a été relevé pour les femelles (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0000$ ) et les mâles (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0012$ ). Les femelles CAP de la première génération ( $G_1=43,62 \pm 5,88$  cm) étaient nettement plus grandes (GH;  $p=0,0000$ ) que les femelles OS ( $G_0=41,29 \pm 3,41$  cm). Aucune autre différence n'a été décelée, mais une augmentation importante sur la durée de la génération du programme ( $G_{2,5}=48,62 \pm 1,76$  cm) a été observée ( $m_B=1,7903$ ,  $CI_{LL}=1,3009$ ,  $CI_{UL}=2,2806$ ). Les comparaisons prévues n'ont pas permis de détecter de différences importantes entre les générations de mâles OS/CAP ( $G_0=40,87 \pm 5,85$  cm,  $G_1=43,17 \pm 7,85$  cm,  $G_2=39,63 \pm 6,85$  cm,  $G_{2,75}=46,77 \pm 4,39$  cm) et aucune tendance ne s'est dégagée ( $m_B=0,2851$ ,  $CI_{LL}=-0,5100$ ,  $CI_{UL}=1,0848$ ; figure 5).

### **Œufs**

Le poids des œufs n'était disponible que pour les trois dernières années (figure 6) et était en moyenne de  $0,101 \pm 0,014$  g, allant de  $0,0338$  à  $0,1467$ g. L'analyse de la variance de Welch a permis de détecter un effet important de l'année ( $p=0,0330$ ). Cet effet était fort probablement dû à la taille de l'échantillon et aux variances inégales, puisqu'une analyse de régression autoamorçée a révélé que la pente ( $m_B=0,0008$ ) n'était pas significativement différente de zéro ( $CI_{LL}=-0,0012$ ,  $CI_{UL}=0,0027$ ).

---

Le poids des œufs est la meilleure mesure de la taille des œufs; cependant, la disponibilité des données sur le poids des œufs était limitée. La superficie des œufs était fortement corrélée ( $r=0,9479$ ,  $p=0,0000$ ) au poids des œufs dans la comparaison des résultats par famille pour les années initiales 2013–2015 (figure 7), et devrait constituer un bon indicateur indirect de la taille des œufs.

Bien que des facteurs de correction aient été appliqués, les résultats de la superficie des œufs traités à partir des images étaient toujours légèrement plus élevés (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,0004$ ) que ceux provenant des mesures à la règle, ce qui indique que les corrections n'ont peut-être pas compensé entièrement les différences (figure 8). Un effet important de l'année a été détecté (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0000$ ); cependant, il pourrait être dû à la variance de la taille de l'échantillon. Lors de l'analyse des images, chaque croisement a été traité (environ 100 croisements par année) et comparé à un certain nombre de croisements (environ 20 croisements par année) de toutes les années précédentes. À cette fin, on a sélectionné des sous-échantillons des croisements de la période 2011–2015 selon les mêmes critères de sélection que pour 2002–2009. Aucune différence annuelle importante (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0673$ ) n'a été relevée lors de l'analyse des croisements sélectionnés des années initiales 2000 à 2015. La superficie des œufs était en moyenne de  $25,64 \pm 2,95$  mm<sup>2</sup> et variait de  $23,71 \pm 3,51$  mm<sup>2</sup> à  $26,54 \pm 1,66$  mm<sup>2</sup>. De même, aucune tendance n'a été trouvée lors de l'analyse de la pente de la régression ( $m=0,0988$ ,  $p=0,0597$ ) des échantillons sélectionnés au fil des ans (figure 9), et la légère augmentation était probablement due aux différences restantes entre les deux méthodes.

La superficie des œufs provenant de certains échantillons, selon les mêmes méthodes de correction que celles décrites précédemment, a été tracée pour les générations du programme sur la figure 10. La génération du programme a été déterminée en ajoutant une génération à la moyenne des générations des deux parents. L'utilisation d'un MLG à deux facteurs n'a montré aucun effet de l'année ( $p=0,9616$ ) et aucune interaction entre l'année et génération ( $p=1,0000$ ). L'utilisation de l'ANOVA de Welch pour les variances inégales a montré un effet de la génération sur la superficie corrigée des œufs ( $p=0,0202$ ); cependant, toutes les comparaisons prévues ( $G_1$  et  $G_2$ ,  $G_2$  et  $G_3$ ,  $G_1$  et  $G_{3,875}$  et  $G_2$  et  $G_{3,875}$ ) n'étaient pas significatives (GH;  $p>0,9900$ ). La superficie moyenne des œufs entre toutes les générations était de  $25,67 \pm 3,44$  mm<sup>2</sup> et variait de  $23,59 \pm 4,68$  à  $30,73 \pm 3,26$  mm<sup>2</sup>. La pente de la régression n'était pas significativement différente de zéro ( $m=0,1790$ ,  $p=0,4814$ ); toutefois, entre les troisième ( $26,54 \pm 3,21$  mm<sup>2</sup>) et quatrième ( $29,52$  mm<sup>2</sup>) générations, il semble y avoir une augmentation constante parallèlement à une réduction de la variance. Il est probable que ces changements sont dus à la méthode d'imagerie plus précise utilisée pour déterminer la superficie des œufs, qui a été appliquée à partir de 2011; tous les croisements des générations 2,75 à 4, à l'exception de deux, proviennent de la période 2011–2015; toutefois, il sera important de poursuivre la surveillance.

### Alevins

La taille (longueur et poids) et le coefficient de condition des alevins juste avant le rejet dans le milieu sauvage étaient en moyenne de  $26,52 \pm 1,39$  mm,  $0,137 \pm 0,028$  g, et  $0,724 \pm 0,073$ , respectivement. L'analyse de la variance de Welch a permis de détecter un effet important de l'année ( $p=0,000$ ) pour chaque paramètre (figure 11). L'analyse des tendances annuelles n'a pas révélé de changements importants au cours des années disponibles pour ce qui est de la longueur des alevins ( $m_B=0,1162$ ,  $CI_{LL}=-0,0080$ ,  $CI_{UL}=0,2427$ ), mais elle a fait apparaître des diminutions du poids ( $m_B=-0,0046$ ,  $CI_{LL}=-0,0068$ ,  $CI_{UL}=-0,0023$ ) et du CF (LR;  $m=-0,0316$ ,  $p=0,0000$ ). La taille des alevins était corrélée à la taille des œufs; la superficie des œufs et le poids des œufs présentaient des corrélations plus marquées avec le poids des alevins (superficie des œufs :  $r=0,6277$ ,  $p=0,0000$ ; poids des œufs :  $r=0,6223$ ,  $p=0,0000$ ) qu'avec la

---

longueur des alevins (superficie des œufs :  $r=0,5681$ ,  $p=0,0000$ ; poids des œufs :  $r=0,5925$ ,  $p=0,0000$ ). Les données annuelles étaient limitées et il faut faire preuve de prudence pour analyser les tendances annuelles étant donné que l'inclusion d'années supplémentaires pourrait radicalement changer les résultats.

### Tacons

Les tacons exposés au milieu naturel et prélevés dans la rivière Pembroke sont essentiellement des tacons d'âge 1 ou d'âge 2, représentant en moyenne 78 % et 19 % des collectes de l'année initiale, respectivement (2006–2012; figure 14). La disponibilité des mesures des tacons immédiatement après la capture a donné deux années initiales pour chaque classe d'âge : 2011–2012 pour l'âge 1 et 2010–2011 pour l'âge 2 (figure 12). La taille moyenne des tacons d'âge 1 était de  $8,94 \pm 0,94$  cm et  $7,60 \pm 2,53$  g, mais les tacons d'âge 2 étaient considérablement plus grands à  $11,02 \pm 0,85$  cm (T-test;  $p=0,0000$ ) et  $14,28 \pm 3,52$  g (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,0000$ ). Une année supplémentaire dans la nature n'avait pas d'incidence sur le coefficient de condition; aucune différence importante dans le CF (T-test;  $p=0,0738$ ) n'a été détectée entre les tacons d'âge 1 ( $1,03 \pm 0,09$ ) et d'âge 2 ( $1,05 \pm 0,08$ ). L'année a un effet important (ANOVA<sub>W</sub>;  $p<0,0048$ ) sur la taille et le CF des deux classes d'âge des tacons : tous les poissons capturés en 2014 (année initiale 2012 pour les poissons d'âge 1, 2011 pour les poissons d'âge 2) étaient plus petits que ceux capturés en 2013, quel que soit leur âge (figure 12). Bien qu'il soit trop tôt pour indiquer les tendances dans la taille des tacons de la banque de gènes vivants après l'exposition au milieu naturel, il s'agit d'un point de départ pour les analyses futures.

### Croissance (taux de croissance spécifique)

Compte tenu du laps de temps écoulé et de la disponibilité limitée des renseignements recueillis sur la taille des alevins à la remise dans la nature (année initiale 2012–2015) et les tacons EMN au moment de la recapture (année initiale 2011–2012), il n'est possible de calculer le taux de croissance spécifique dans la nature que pour une seule année initiale. Les tacons EMN d'âge 1 prélevés dans la rivière Pembroke en 2014 sont les descendants de l'année initiale 2012 et peuvent être comparés aux alevins relâchés en 2013 (tableau 2) afin de calculer un taux de croissance pour le « rejet à l'âge 1 ». Les tacons EMN d'âge 2 prélevés la même année, en 2014, seraient issus de l'année initiale 2011 et peuvent être comparés aux tacons d'âge 1 capturés en 2013 afin de fournir un « taux de croissance de l'âge 1 à l'âge 2 » (figure 13). Les taux de croissance étaient plus de trois fois plus élevés pour la période « rejet à l'âge 1 » (moyenne FSG de  $0,396 \pm 0,007$  j<sup>-1</sup> et  $0,434 \pm 0,024$  j<sup>-1</sup> pour la longueur et le poids, respectivement) comparativement aux tacons « de l'âge 1 à l'âge 2 » (moyenne FSG de  $0,046 \pm 0,022$  j<sup>-1</sup> pour la longueur et de  $0,133 \pm 0,069$  j<sup>-1</sup> pour le poids) (figure 13). La variabilité était également moins grande du « rejet à l'âge 1 », avec des fourchettes de  $0,032$  j<sup>-1</sup> et  $0,113$  j<sup>-1</sup> pour la longueur et le poids, respectivement, contre  $0,091$  j<sup>-1</sup> et  $0,289$  j<sup>-1</sup>, respectivement, de « l'âge 1 à l'âge 2 ».

Il existait une corrélation positive entre la taille des alevins et la taille des tacons d'âge 1 (longueur :  $r=0,3843$ ,  $p=0,0003$ ; poids :  $r_s=0,3901$ ,  $p=0,0003$ ). Comme prévu, les taux de croissance pour le poids étaient fortement corrélés à la longueur pour les deux périodes de croissance, le « rejet à l'âge 1 » ( $r=0,8735$ ,  $p=0,0000$ ) et de « l'âge 1 à l'âge 2 » ( $r_s=0,9255$ ,  $p=0,0000$ ). Les taux de croissance pour la longueur et le poids pendant le « rejet à l'âge 1 » ont été comparés à la mesure correspondante de la taille initiale des alevins et de la taille finale des tacons d'âge 1 pour la famille. Il existait une corrélation négative entre le FSG pour la longueur ( $r=-0,4328$ ,  $p=0,0000$ ) et le poids ( $r=-0,5678$ ,  $p=0,0000$ ) et la taille des alevins, ce qui indique que les plus petits poissons ont affiché des taux de croissance plus élevés au cours de la période. Une corrélation positive a été détectée entre le FSG pour la longueur ( $r=0,6746$ ,

---

$p=0,0000$ ) et le poids ( $r_s=0,4505$ ,  $p=0,0000$ ) et la taille des tacons, montrant que les plus gros tacons étaient issus de taux de croissance plus élevés. La même tendance a été observé en comparant les taux de croissance « de l'âge 1 à l'âge 2 » aux mesures des tacons d'âge 1 (longueur :  $r_s=-0,6030$ ,  $p=0,0000$ ; poids :  $r_s=-0,6934$ ,  $p=0,0000$ ) et d'âge 2 (longueur :  $r_s=0,5405$ ,  $p=0,0003$ ; poids :  $r_s=0,5591$ ,  $p=0,0002$ ).

## Sex-ratios

À l'exception des deux premières années de prélèvements, les poissons provenant des milieux naturels étaient principalement des tacons d'âge 1 (figure 14), avec une moyenne de 80 % de chaque collecte et compris entre 54 % et 95 %. L'année initiale 2012 est uniquement représentée par les tacons d'âge 1 parce que les tacons plus âgés ont été prélevés en 2015 et génotypés en 2016, après que ces analyses ont été effectuées. Les tacons d'âge 2 représentaient une autre tranche de 20 % (2002–2011) des prélèvements et étaient compris entre 5 et 42 %.

La figure 15 (panneau A) illustre la ventilation des sexes chez les tacons EMN d'âge 1 et d'âge 2 pour chaque année initiale. Bien que le nombre de tacons collectés ait varié au fil des ans, le sex-ratio des tacons d'âge 1 était d'environ 1:1 (tableau 4), et il n'existait pas de différence (T-test<sub>p</sub>;  $p=0,1109$ ) entre le nombre de femelles et de mâles. Une différence significative (T-test<sub>p</sub>;  $p=0,0009$ ) a été relevée entre le nombre de femelles et de mâles chez les tacons d'âge 2 (figure 15, panneau A), mais les mâles étaient plus nombreux. Le ratio de femelles par rapport aux mâles chez les tacons d'âge 2 variait de 1:2 en 2004 à 1:7 en 2009 (tableau 4). Lorsqu'on représente ces données par année de capture, plutôt que par année initiale, les tendances sont très semblables, seulement légèrement déplacées (figure A4 de l'annexe), puisque les tacons d'âge 2 d'une année initiale (p. ex. de 2009) seraient prélevés (p. ex. en 2012) avec les tacons d'âge 1 de l'année initiale suivante (p. ex. de 2010).

Les prélèvements de saumoneaux, composés surtout d'individus d'âge 2, étaient très variables au cours du programme, allant de 0 à 185 poissons (figure 15, panneau B). Dans un test-t par paires, une différence statistiquement significative a été détectée ( $p=0,0417$ ) en comparant le nombre de saumoneaux de chaque sexe. La figure 15 (panneau B) fait ressortir une tendance de nombres généralement plus élevés de saumoneaux d'âge 2 femelles, avec une moyenne de 3:1, contrairement aux proportions plus élevées de mâles prélevés à l'âge 2 (tableau 4).

Le nombre d'individus CAP marqués était variable pendant le programme de banque de gènes vivants. Lorsque les nombres étaient élevés, le rejet des saumons non ciblés (individus non nécessaires pour le stock de géniteurs) et les mortalités ont compliqué la compilation des statistiques selon le sexe et la maturation (figure 15, panneau C). Parmi les saumons CAP qui sont restés et ont survécu, on a noté un ratio approximatif de 1:1 entre les femelles et les mâles (figure 15, panneau C), et aucune différence entre les sexes au fil des ans (WRS;  $p=0,2777$ ), comme pour les tacons EMN d'âge 1 (tableau 4).

## Maturation

L'âge moyen de la maturation (en tant qu'adultes), pour les tacons EMN capturés à (1) l'âge 1 et (2) tous les âges, était de  $4,21 \pm 0,41$  pour les deux groupes d'âges et il n'y avait pas de différence significative (T-test;  $p=0,8575$ ) entre les deux groupes (figure 16). À l'exception de 2006, l'âge moyen de la maturation pour les tacons EMN a augmenté, passant de  $4,03 \pm 0,17$  en 2002 à  $4,49 \pm 0,50$  en 2005, puis il a diminué de nouveau les années suivantes (figure 16). Les résultats montrent un ajustement plus solide ( $r^2=0,1057$ ) pour un modèle de régression quadratique plutôt qu'un modèle linéaire selon la méthode bootstrap ( $r^2_B=0,0085$ ). Les poissons élevés en captivité atteignaient la maturité à un âge nettement plus jeune (T-test<sub>AW</sub>;  $p=0,000$ )

---

que les tacons EMN, avec un âge moyen de  $4,08 \pm 0,27$ . L'âge moyen des poissons CAP a diminué de 4,19 à 4,0 entre 2001 et 2011 (figure 16), et une importante tendance à la baisse a été relevée dans le temps ( $m_B = -0,0140$ ,  $CI_{LL} = -0,0173$ ,  $CI_{UL} = -0,0107$ ).

Aucune différence (T-test;  $p > 0,9215$ ) n'a été décelée entre les tacons EMN capturés à l'âge 1 et les tacons EMN capturés à tout âge lorsque l'on compare le pourcentage moyen d'individus (mâles, femelles et les deux sexes combinés) par famille qui ont atteint la maturité à l'âge 4 par rapport à un âge quelconque. Le nombre de femelles, de mâles et de poissons de sexe inconnu est présenté pour les tacons CAP et EMN à l'âge 1 sur la figure 17. Le pourcentage moyen de maturation de la famille pour chaque sexe, séparément, comprend uniquement les individus dont le sexe a finalement été déterminé; toutefois, les colonnes combinant les deux sexes prennent aussi en compte les individus dont le sexe n'a jamais été connu, ce qui peut faire baisser les résultats (pourcentage d'un nombre total plus grand).

Le pourcentage moyen de maturation de la famille à l'âge 4 pour les femelles, les mâles et les deux sexes combinés de saumons CAP était nettement plus élevé que celui des poissons EMN (T-test<sub>AW</sub>;  $p < 0,0038$ ). Cependant, le pourcentage moyen des individus qui ont atteint la maturité à un âge quelconque n'était pas différent entre les deux groupes d'élevage (T-test;  $p = 0,6571$ ). Les différences entre les sexes indiquent qu'un pourcentage considérablement plus élevé de mâles CAP que de femelles CAP a atteint la maturité à l'âge 4 (T-test<sub>AW</sub>;  $p = 0,0000$ ), tandis que c'est l'inverse pour les poissons EMN (T-test<sub>AW</sub>;  $p = 0,0000$ ; figure 17).

Aucune différence annuelle n'a été détectée pour les individus EMN qui ont atteint la maturité à un âge quelconque (KW;  $p = 0,1474$ ). L'année a eu un effet (KW;  $p = 0,0000$ ) pour le pourcentage moyen de femelles, mâles et deux sexes combinés de poissons EMN qui ont atteint la maturité à l'âge 4 par famille (figure 17). Aucune tendance linéaire n'a été dégagée pour les mâles EMN ( $m_B = 0,7390$ ,  $CI_{LL} = -0,5546$ ,  $CI_{UL} = 1,9795$ ) et les deux sexes combinés ( $m_B = 0,9105$ ,  $CI_{LL} = -0,0816$ ,  $CI_{UL} = 1,8799$ ); toutefois, une augmentation importante dans le temps a été détectée pour les femelles EMN arrivant à maturité à l'âge 4 ( $m_B = 2,3113$ ,  $CI_{LL} = 1,2590$ ,  $CI_{UL} = 3,3085$ ). L'année avait un effet important (KW;  $p = 0,0000$ ) pour les poissons élevés en CAP (femelles, mâles et les deux sexes combinés) qui ont atteint la maturité à l'âge 4 et à un âge quelconque. Aucune tendance n'a été relevée pour les individus CAP atteignant la maturité à un âge quelconque ( $m_B = 0,1624$ ,  $CI_{LL} = -0,0279$ ,  $CI_{UL} = 0,3524$ ); toutefois, on a noté des augmentations importantes au fil des ans pour les femelles ( $m_B = 2,1549$ ,  $CI_{LL} = 1,5678$ ,  $CI_{UL} = 2,7259$ ), les mâles ( $m_B = 0,8771$ ,  $CI_{LL} = 0,3509$ ,  $CI_{UL} = 1,3774$ ) et les deux sexes combinés des poissons CAP ( $m_B = 2,3367$ ,  $CI_{LL} = 1,8732$ ,  $CI_{UL} = 2,7959$ ) qui ont atteint la maturité à l'âge 4 (figure 17).

## Survie

### Fécondité

Les résultats de la fécondité tirés des trois méthodes et pour tous les âges de femelles reproductrices sont représentés dans le panneau A de la figure 18. Un test-t par paires n'a mis en évidence aucune différence importante entre les dénombrements de la fécondité et les estimations ( $p = 0,7585$ ); toutefois, il y avait une différence entre les images et les estimations ( $p = 0,0147$ ). Cette différence peut être due à la taille de l'échantillon, puisque la différence moyenne n'était que de 68,42 œufs et que les deux méthodes se suivent de près pendant les six dernières années ( $r = 0,8828$ ,  $p = 0,0000$ ; figure 18, panneau A). Les dénombrements n'ont pas été comparés aux images, car ils sont simplement un sous-ensemble des résultats d'ImageJ. L'année a eu un effet important sur les trois méthodes (ANOVA<sub>W</sub>;  $p = 0,0000$ ), ce qui était prévu compte tenu de la grande variation de la fécondité; la fécondité minimale et maximale selon la méthode du dénombrement était de 395 et 14 081 œufs, respectivement. La

---

fécondité moyenne d'après les dénombrements était de  $3\,524 \pm 2\,348$  œufs et variait de  $1\,445 \pm 461$  œufs en 2001 à  $5\,164 \pm 3\,337$  œufs en 2007 (figure 18, panneau A).

Pour compenser l'âge, le panneau B de la figure 18 illustre la fécondité pour les reproducteurs de l'âge 4 dans le temps. Il n'y avait pas de différence entre les estimations de la fécondité et les dénombrements (T-test<sub>p</sub>;  $p=0,8450$ ) ou les images (T-test<sub>p</sub>;  $p=0,4063$ ). Il n'y avait aucun effet de l'année sur les dénombrements de la fécondité (ANOVA;  $p=0,23847$ ), qui étaient en moyenne de  $1\,832 \pm 802$  œufs; cependant, il y a eu un effet de l'année sur les images (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0009$ ) et les estimations (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0000$ ). La régression linéaire n'a pas permis de dégager de tendances importantes pour les dénombrements de la fécondité ( $m=-2,7776$ ,  $p=0,8686$ ), ni pour les estimations ( $m=6,9748$ ,  $p=0,1669$ ). On n'a pas analysé les tendances annuelles de la fécondité tirée des images car seules quatre années étaient disponibles (figure 18, panneau B).

La fécondité relative, les œufs par unité de poids des femelles, a normalisé les données en fonction de la taille des femelles et a réduit la variabilité (figure 18, panneau C). À nouveau, nous n'avons constaté aucune différence entre les diverses méthodes (T-test<sub>p</sub>;  $p>0,8300$ ). Aucun effet de l'année n'a été détecté sur la fécondité relative à l'aide des données des dénombrements (ANOVA;  $p=0,6167$ ); toutefois, l'ANOVA de Welch a relevé d'importantes différences annuelles pour les estimations ( $p=0,0000$ ) et les images ( $p=0,0006$ ). La fécondité relative d'après les dénombrements était en moyenne de  $1\,796 \pm 587$  œufs/kg pour toutes les années (figure 18, panneau C). L'analyse de régression linéaire n'a pas permis de dégager de tendances annuelles dans la fécondité relative tirée des dénombrements ( $m=0,3360$ ,  $p=0,9793$ ), ni pour les estimations ( $m=-6,9316$ ,  $p=0,0689$ ). Un important déclin annuel a été noté pour la fécondité relative d'après les images ( $m_B=-37,2357$ ,  $CI_{LL}=-60,1966$ ,  $CI_{UL}=-12,0529$ ); cependant, il convient d'interpréter ce résultat avec prudence en raison du nombre limité des années pour lesquelles les données sont disponibles (figure 18, panneau C).

La fécondité et la fécondité relative, déterminées par les dénombrements et les estimations, ont toutes deux été tracées en fonction de la génération du programme (figure 19). Les observations uniques ont été retirées avant l'analyse. Aucune interaction n'a été détectée entre l'année et la génération (MLG;  $p=1,0000$ ) pour toutes les variables de réponse. La génération du programme n'avait pas d'effet sur la fécondité (ANOVA;  $p=0,1805$ ) ou la fécondité relative (ANOVA;  $p=0,3067$ ) tirées des dénombrements. Des différences ont été relevées pour la fécondité (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0000$ ) et la fécondité relative (ANOVA<sub>W</sub>;  $p=0,0000$ ) tirées des estimations. Les estimations de la fécondité (figure 19, panneau A) dans  $G_1$  ( $3\,121 \pm 1\,879$  œufs) et  $G_2$  ( $3\,338 \pm 2\,086$  œufs) n'étaient pas différentes les unes des autres (GH;  $p=0,9500$ ) ou de  $G_4$  ( $3\,464 \pm 926$  œufs; GH;  $p=1,0000$ ), mais elles étaient considérablement plus élevées que  $G_3$  ( $2\,368 \pm 1\,208$  œufs; GH;  $p=0,0000$ ). La régression linéaire selon la méthode de bootstrap a détecté une tendance à la baisse dans les estimations de la fécondité au fil des générations ( $m_B=-275,4284$ ,  $CI_{LL}=-349,9040$ ,  $CI_{UL}=-199,3774$ ). Aucune tendance n'a été dégagée pour les estimations de la fécondité relative (LR;  $m=-13,9878$ ,  $p=0,4390$ ) au fil des générations (figure 19, encadré B). Les tests post hoc de Games-Howell ont montré que la fécondité relative tirée des estimations pour  $G_1$  ( $1\,512 \pm 213$  œufs) était nettement inférieure à celle pour  $G_2$  et  $G_3$ , de  $1\,783 \pm 333$  et  $1\,886 \pm 488$  œufs, respectivement, avec des valeurs  $p$  de 0,0100 et 0,0000, respectivement. Les valeurs pour  $G_1$  et  $G_2$  n'étaient pas différentes de celles de la dernière génération,  $G_{3,875}$  (GH;  $p>0,2100$ ), qui était de  $1\,716 \pm 152$  œufs.

### Taux de survie

Un test-t par paires a décelé une différence significative ( $p=0,0001$ ) entre les deux méthodes, les registres sur la mortalité et les images, pour le pourcentage de survie « de la fertilisation au choc » (2010–2015; figure 20). L'ANOVA de Kruskal-Wallis sur les rangs a révélé des

---

différences annuelles dans le taux de survie pour les registres ( $p=0,0000$ ) et les images ( $p=0,0000$ ). Le taux de survie s'établissait en moyenne à  $84,8 \pm 18,5$  % pour les images et à  $84,8 \pm 20,5$  % pour les registres sur la même période (2010–2015). En 2003, une importante épidémie fongique a provoqué un taux de survie inhabituellement faible ( $29,2 \pm 27,4$  %); par conséquent, cette année a été exclue des analyses suivantes. Le taux de survie moyen d'après les registres pour la période 2000–2015 (sans 2003) était de  $79,8 \pm 23,7$  % et allait d'un minimum de  $51,0 \pm 30,1$  % à un maximum de  $92,0 \pm 16,1$  % (figure 20). Sur l'ensemble des années, on a noté une importante tendance à la hausse de la survie dans les registres ( $m_B=1,4143$ ,  $CI_{LL}=1,1697$ ,  $CI_{UL}=1,6625$ ). Les augmentations les plus marquées des taux de survie se sont produites pendant les trois premières années et les deux dernières années du programme (figure 20). Il n'y avait aucune différence significative dans le taux de survie (ANOVA;  $p=0,1611$ ), et aucune tendance ( $m_B=0,0090$ ,  $CI_{LL}=-0,3108$ ,  $CI_{UL}=0,3379$ ) sur la période 2002–2013, et la moyenne pour la période était de  $82,4 \pm 20,5$  %.

Les taux de fertilisation moyens pour 2013, 2014 et 2015 étaient de  $85,4 \pm 17,0$ ,  $86,5 \pm 15,0$  et  $89,7 \pm 13,9$  %, respectivement, et ne présentaient donc pas de différence importante (ANOVA;  $p=0,1571$ ) au cours des années pour lesquelles les données étaient disponibles (figure A5 de l'annexe). Les mortalités ont été corrigées à l'aide des taux de fertilisation afin de tenir compte des œufs non fertilisés, et elles reflètent fidèlement le taux de survie (figure 20). Aucune différence sensible n'a été détectée entre les deux méthodes (T-test<sub>p</sub>;  $p=0,9969$ ) pour les taux de survie corrigés. Bien que les données aient été disponibles pour un nombre limité d'années, aucun effet de l'année n'a été relevé pour les registres corrigés (KW;  $p=0,4447$ ) et les images corrigées (KW;  $p=0,1720$ ). Après la correction en fonction du succès de la fertilisation, le taux de survie moyen pour la période « de la fertilisation au choc », de 2013 à 2015, était de  $99,7 \pm 1,6$  % pour les registres et les images, un résultat beaucoup plus élevé que les taux de survie non corrigés pour la période (WRS;  $p=0,0000$ ).

Le taux de survie « du choc à avant la remise dans la nature » (figure 21) était également élevé, avec une moyenne de  $96,6 \pm 6,8$  %. Il n'y avait aucune tendance dans le temps ( $m_B=0,0868$ ,  $CI_{LL}=-0,0405$ ,  $CI_{UL}=0,2173$ ); toutefois, certaines variations entre les années ont généré un important effet de l'année (KW;  $p=0,0000$ ). Les taux de survie pour cette période sont tirés des groupes familiaux égalisés (EQU), où le nombre initial des œufs prélevés de chaque croisement a augmenté de 110 à 400 entre 2008 et 2015 (figure 21). Le taux de survie le plus faible,  $87,0 \pm 13,0$  %, est survenu en 2011 lorsque le nombre EQU a passé à 400 œufs qui ont été élevés dans des conteneurs dans une cuvette plutôt que dans des paniers des unités Heath. Le taux de survie a rebondi à  $97,5 \pm 3,2$  % l'année suivante, lorsque les œufs ont été élevés dans les unités Heath à raison de deux paniers par croisement. C'est en 2008 que le taux de survie a été le plus élevé ( $98,9 \pm 3,0$  %), avec le nombre EQU le plus bas, ainsi qu'en 2015 ( $98,9 \pm 2,7$  %), lorsqu'un système de filtration a été installé et a réduit les sédiments dans l'eau (figure 21).

La figure 22 illustre la survie pour les deux périodes sur la génération du programme. Une fois les observations uniques retirées, aucune interaction n'a été détectée entre l'année et la génération du programme pour aucune des deux périodes (MLG;  $p=1,0000$ ). Un important effet de la génération du programme a été noté pour la survie « de la fertilisation au choc » (KW;  $p=0,0000$ ). La  $G_1$  était nettement inférieure à la  $G_2$ , à la  $G_3$  et à la  $G_4$  (KW<sub>Z</sub>;  $z>4,1444$ ), tandis que la  $G_2$  n'était pas différente de la  $G_3$  (KW<sub>Z</sub>;  $z=0,3083$ ), mais différait de la  $G_4$  (KW<sub>Z</sub>;  $z=2,0068$ ). Une tendance marquée à la hausse de la survie, de  $63,03 \pm 32,39$  % à  $92,11 \pm 13,03$  % (figure 22), s'est dégagée au fil des générations pour la période « de la fertilisation au choc » ( $m_B=9,2486$ ,  $CI_{LL}=7,9761$ ,  $CI_{UL}=10,5474$ ). La génération du programme a eu un effet important sur la survie « du choc à avant la remise dans la nature » (KW;  $p=0,0000$ ; figure 22). Des différences ont été relevées entre la  $G_{1,5}$  (KW<sub>Z</sub>;  $z=2,7732$ ) et la

---

G<sub>2</sub> (KW<sub>Z</sub>; z=6,3987) comparativement à la G<sub>3</sub>. Aucune tendance linéaire importante n'a été détectée sur la durée du programme pour la survie « du choc à avant la remise dans la nature » (m<sub>B</sub>=-0,2214, Cl<sub>LL</sub>=-0,7438, Cl<sub>UL</sub>=0,3071).

Le tableau 5 présente la taille moyenne de la famille au moment de la capture et le pourcentage moyen de récupération de la famille (comme indicateur indirect de la survie) pour divers âges des tacons EMN. Bien que les chiffres soient assez bas, on comptait en moyenne quatre fois plus de tacons EMN d'âge 1 capturés par famille (1,40 poisson) que de tacons d'âge 2 (0,36 poisson). Une tendance claire à la hausse a été décelée dans le nombre total de tacons capturés (c.-à-d. à un âge quelconque) par famille sur l'année initiale (m<sub>B</sub>=0,2344, Cl<sub>LL</sub>=0,2000, Cl<sub>UL</sub>=0,2677). Un effet de l'année (KW; p=0,0000) a été détecté pour le pourcentage de survie des individus EMN dans la nature « du rejet à la recapture » en tant que tacons d'âge 1 (tableau 5; figure 23). La tendance annuelle était une importante augmentation de la survie dans le temps (m<sub>B</sub>=0,1002, Cl<sub>LL</sub>=0,0628, Cl<sub>UL</sub>=0,1379). La survie des tacons EMN d'âge 1 était comprise entre un minimum de 0,64 ± 0,79 % en 2008 à un maximum de 1,71 ± 1,27 % en 2010 (tableau 5; figure 23). La recapture a été utilisée comme un indicateur indirect de la survie, qui dépendrait du nombre de poissons ciblés et capturés le jour de la pêche à l'électricité (tableau A1 de l'annexe). Le nombre de tacons prélevés pour chaque année initiale a doublé, passant d'environ 200 entre 2006 et 2008 à environ 400 entre 2010 et 2012 (tableau 5).

### **Difformités des alevins**

Des difformités (figure A6 de l'annexe) étaient présentes dans environ 54 % de toutes les familles les six dernières années (2010–2015), passant d'un minimum de 43 % en 2010 à un maximum de 72 % en 2011 (figure 24). L'année avait un effet important (KW; p=0,0000) sur le taux de difformités. Le taux de difformités de toutes les familles, entre 2010 et 2015, était en moyenne de 0,56 ± 1,90 % et fluctuait entre un maximum de 0,91 ± 2,98 % en 2010 à un minimum de 0,28 ± 0,56 % en 2015 (figure 24). Bien que le taux moyen de difformités ait été invariablement bas toutes les années, une tendance marquée à la baisse s'est dégagée (m<sub>B</sub>=-0,1121, Cl<sub>LL</sub>=-0,1909, Cl<sub>UL</sub>=-0,0067).

## **DISCUSSION SUR LA SURVEILLANCE DES CARACTÈRES**

### **Taille selon le stade**

En général, les femelles reproductrices étaient plus grandes que les mâles, notamment sur les plans du poids, du coefficient de condition et de la profondeur du corps, ce que l'on peut attribuer au développement de gonades plus grosses. La taille des individus élevés en captivité au moment du frai était considérablement plus grande et plus variable que celle des poissons EMN, un avantage tiré de leur année supplémentaire d'alimentation régulière et d'habituation aux granulés d'aliment sec. À part quelques exceptions, qui peuvent s'expliquer par un nombre limité d'années (profondeur du corps) ou par des années très influentes en raison de la taille plus petite des échantillons (taille des mâles EMN), il n'y avait généralement pas de tendance significative dans le temps pour la taille des adultes reproducteurs.

La longueur des reproducteurs analysée pendant la durée de génération du programme appuie la recommandation, examinée par Williams et Hoffman (2009), d'accroître la naturalisation des habitats d'élevage afin de réduire au minimum les taux d'adaptation à la captivité. La génération n'avait pas d'effet sur la longueur des reproducteurs OS/EMN, mais on a noté une tendance à la hausse sur la génération du programme chez les femelles OS/CAP et les individus de la G<sub>1</sub> CAP étaient considérablement plus grands que les individus OS de la G<sub>0</sub>.



---

Bien que d'autres études aient révélé des changements importants dans la taille des tacons et celle des œufs (de Mestral *et al.* 2013; Wilke *et al.* 2014; Wilke N., comm. pers.; I. Fleming, comm. pers.), les résultats de cette étude ne les confirment pas tout à fait. Le poids des œufs, bien que le nombre d'années soit limité, n'affichait pas de tendance marquée, mais était fortement corrélé à la superficie des œufs. L'année ou la génération du programme n'a pas eu d'effet important sur la superficie des œufs pendant le programme de la BGV. Bien qu'aucune tendance générale concernant la superficie des œufs n'ait été décelée tout au long du programme, une tendance à la hausse, accompagnée d'une réduction de la variabilité, se dessinait de la G<sub>3</sub> à la G<sub>4</sub>. Ces changements correspondent au changement de méthodologie (utilisation d'ImageJ) et peuvent être le résultat de la méthode plus précise utilisée; toutefois, il sera important de poursuivre la surveillance. La longueur des alevins de recherche n'a présenté aucune tendance au cours des quatre années, tandis que le poids et le CF ont légèrement diminué. Les données disponibles sur la taille des alevins et des tacons sont limitées et doivent être interprétées avec prudence; il s'agit néanmoins d'un point de départ pour les prochaines années qu'il faudrait continuer à surveiller.

## **Croissance**

Les données sur le taux de croissance étaient limitées; par conséquent, il n'a pas été possible d'analyser les tendances annuelles pour déceler les changements pendant la durée du programme de banque de gènes vivants. Les résultats ont montré que la croissance des tacons EMN était beaucoup plus importante la première année que la deuxième année en milieu naturel, que les petits poissons grossissaient plus rapidement et que les taux de croissance plus rapides produisaient des tacons plus gros.

Le sex-ratio des tacons EMN et CAP d'âge 1 était de 1:1 dans le temps, mais les tacons EMN d'âge 2 et les saumoneaux femelles d'âge 2 étaient plus nombreux.

Les poissons CAP atteignaient la maturité plus jeunes que les individus EMN et un plus grand pourcentage d'entre eux l'atteignaient à l'âge 4 que chez les individus EMN. Cela peut s'expliquer par leur plus grande taille, causée par le plus grand nombre d'années d'alimentation régulière dans un environnement de captivité, qui provoque une maturation précoce. Les taux d'adaptation à la captivité peuvent être plus élevés chez les poissons CAP puisqu'on a noté une tendance marquée à la baisse de l'âge moyen de maturation dans le temps, assortie d'une tendance correspondante à la hausse du pourcentage de poissons CAP atteignant la maturité à l'âge 4. Aucune tendance dans le pourcentage de poissons atteignant la maturité à l'âge 4 n'a été observée chez les mâles EMN et les deux sexes combinés; toutefois, une augmentation au fil des ans a été détectée chez les femelles EMN. Tous les poissons, CAP ou EMP, ont atteint la maturité étant donné qu'il n'y avait aucune différence entre les deux groupes et aucune tendance dans le temps pour le pourcentage d'individus qui ont atteint la maturité à un âge quelconque.

## **Survie**

Les modèles de fécondité ont probablement bien estimé la fécondité au fil des ans, car aucune différence significative n'a été notée entre les diverses méthodes utilisées. Deux variables pourraient avoir une incidence sur la fécondité : la taille des femelles et la taille des œufs; comme aucune tendance n'a été détectée dans ces variables, il n'était pas étonnant de constater que la fécondité et la fécondité relative, elles non plus, n'affichaient pas de tendances dans le temps. L'analyse des données des dénombrements n'a pas non plus montré d'effet de la génération du programme sur la fécondité ou la fécondité relative. L'augmentation de la taille des échantillons et, par conséquent, la possibilité accrue de déceler de petites différences, a mené à un effet significatif de la génération du programme sur la fécondité et la fécondité

---

relative, à partir des estimations. Il y avait une tendance importante à la baisse dans les estimations de la fécondité sur la génération; cependant, les deux premières générations ne différaient pas sensiblement de la dernière, et aucune tendance n'a été détectée dans les estimations de la fécondité relative sur la génération. La variation de la fécondité semble diminuer au fil des générations. Cela pourrait notamment être dû à une diminution de la variabilité de la taille des femelles les dernières années; cependant, la méthodologie est également devenue plus précise avec l'utilisation d'ImageJ.

La survie « de la fertilisation au choc » a considérablement augmenté dans le temps, particulièrement au cours des trois premières et des trois dernières années du programme. L'année 2003 a été l'exception, due à une épidémie fongique qui a provoqué un taux de survie inhabituellement bas. Le succès de la fertilisation était  $87,17 \pm 15,4$  % entre 2013 et 2015 et après la correction en fonction des œufs non fertilisés, le taux de survie « de la fertilisation au choc » était supérieur à 99 %. Le succès de la fertilisation indiquant que la plus grande partie de la mortalité enregistrée pendant cette période vient en fait des œufs non fertilisés, l'augmentation de la survie au fil des ans pourrait, indirectement, être considérée comme une augmentation du succès de la fertilisation. On a enregistré une tendance semblable à la hausse sur la génération du programme pour la survie « de la fertilisation au choc »; la  $G_1$  était nettement inférieure à toutes les autres générations et la  $G_2$  sensiblement différente de la  $G_4$ . Cela peut être attribuable à l'amélioration des techniques de frai et d'élevage; cependant, cela peut également dénoter une sélection pour réussir dans un environnement en captivité.

Aucune tendance n'a été détectée pour la survie du « choc à avant la remise dans la nature » dans le temps, car la survie est demeurée très élevée, avec une moyenne supérieure à 96 %. Les fluctuations annuelles évidentes sont expliquées par les changements dans les pratiques d'élevage au fil des ans. Bien que certaines différences aient été relevées entre les générations, il n'y avait pas de tendance de la survie du « choc à avant la remise dans la nature » sur la génération du programme. La survie dans le milieu naturel (« du rejet à la recapture ») affichait une tendance à la hausse les dernières années; cependant, le nombre d'individus prélevés dans la nature a également augmenté avec l'année (doublant environ entre 2006 et 2012), ce qui pourrait avoir grandement influencé les résultats.

## **RECHERCHES EXPÉRIMENTALES**

### **Attribution de la parenté par exclusion**

Bon nombre des constatations de cette étude étaient fondées sur les résultats de l'attribution de la parenté et, en théorie, pourraient avoir été influencées par des erreurs de génotypage ou des mutations, qui entraînent une attribution potentiellement incorrecte des descendants à leurs vrais parents. Nous avons testé à l'aide de méthodes d'exclusion tous les descendants par rapport à toutes les paires biologiquement possibles de parents mâles et femelles de la BGV qui se sont reproduits. Sur la figure 25, nous donnons un exemple de résultats d'exclusion pour les 198 saumons CAP et 410 saumons EMN (pour un total de 608 descendants possibles) produits en 2010 et que nous avons testés par rapport à tous les croisements connus plausibles sur le plan biologique. Les comparaisons entre les descendants et le couple parental correspondant de premier choix (qui affichait les loci les plus compatibles ou le plus petit nombre de loci incompatibles) et le couple parental correspondant de deuxième choix (avec le deuxième plus grand nombre de loci compatibles, ou le deuxième plus petit nombre de loci incompatibles) sont présentées. Un total de 548 descendants étaient compatibles avec le premier (meilleur) couple parental correspondant, à 100 % de tous les loci (10, 11 ou 12) analysés dans les trois individus. De plus, 58 autres descendants étaient compatibles avec le (meilleur) couple parental correspondant de premier choix, à 91,67 % (11 sur 12) des loci

---

analysés, et seulement deux descendants étaient compatibles avec le (meilleur) couple parental correspondant de premier choix, à 83,33 % (10 sur 12) des loci analysés. Presque toutes les *paires parentales correspondantes de deuxième choix* pour ces 608 descendants présentaient nettement moins de loci compatibles (50 % ou moins). Cette importante discontinuité entre les couples parentaux correspondants de premier et de deuxième choix (voir la figure 25) indique qu'il est très peu probable qu'une ou deux erreurs de génotypage dans une analyse en triade aient empêché d'identifier le vrai couple parental tout en attribuant un descendant incorrectement au deuxième meilleur (mais incorrect) couple parental.

### **Effet du milieu d'élevage des parents à un stade précoce sur la performance des descendants dans la nature**

Nous n'avons pas décelé d'effets constants (toutes les années) ou statistiquement significatifs du milieu d'élevage des parents aux stades de juvéniles précoces (élevés en captivité contre exposés au milieu naturel) sur la survie précoce des descendants dans le milieu naturel, du rejet à l'âge 0+ jusqu'à l'âge 1+ (environ 15 mois après les rejets). En 2009 et 2012, le pourcentage moyen de la survie était le plus élevé pour les descendants de femelles exposées au milieu naturel (EMN) x mâles élevés en captivité (CAP) (EMN x CAP), mais en 2010 et 2011, il était plus élevé pour les descendants de parents CAP x CAP et CAP x EMN, respectivement (figure 26). Le seul groupe de traitement des parents pour lequel la survie des descendants n'était pas plus élevée que pour les autres dans au moins une comparaison intra-annuelle était celui des EMN x EMN. En fait, tous les ans, la survie des descendants dans ce groupe était semblable à celle du groupe le moins performant (habituellement CAP x CAP, sauf en 2010). De plus, de nombreuses différences entre des paires des groupes de traitement étaient légères (souvent à moins de 25 %) et, lorsqu'elles étaient plus prononcées, un ou plusieurs groupes de traitement étaient souvent représentés par un nombre relativement bas de familles (p. ex., EMN x CAP [7], CAP x EMN [5] et CAP x CAP [2], pour l'année 2011). Enfin, il n'y avait pas de différences statistiquement importantes entre les quatre types de groupes d'élevage des parents dans les quatre comparaisons intra-annuelles (tableau 6). Les résultats étaient semblables lorsque l'on combinait les groupes EMN x EMN et EMN x CAP, et CAP x EMN et CAP x CAP afin de produire les deux groupes maternels, les femelles EMN et les femelles CAP (figure 27). Malgré la taille plus grande des échantillons des descendants (nombre de familles et nombre total d'individus) associés aux différents types de groupes de parents, les tendances observées n'étaient pas non plus régulières dans le temps; la survie des descendants était plus élevée pour le groupe de parents composé de femelles EMN en 2009 et 2012, mais plus élevée pour celui composé de femelles CAP en 2010 et en 2011. En outre, une fois de plus, on n'a observé aucune différence importante entre les groupes de traitement l'une ou l'autre des quatre années de frai évaluées (tableau 6), malgré ces échantillons de plus grande taille.

Ces résultats étaient différents de ceux présentés par Evans *et al.* (2014) dans des comparaisons semblables de la survie aux stades juvéniles précoces (dans l'habitat de la rivière natale) de descendants issus de parents de la BGV de la RBS exposés au milieu naturel par rapport à ceux issus de parents de la BGV de la RBS élevés en captivité. En effet, dans leur étude, la survie de descendants de parents exposés au milieu naturel était considérablement plus élevée (jusqu'au double) que celle de descendants de parents élevés en captivité, et la survie de descendants de parents qui avaient passé deux ans en tant que juvéniles dans les conditions de leur rivière natale était plus élevée que celle de descendants de parents qui avaient passé une année dans les conditions de leur rivière natale (Evans *et al.* 2014).

Plusieurs raisons peuvent expliquer la divergence observée dans les résultats (défaut de détecter les effets du milieu d'élevage parental sur la survie des descendants dans la nature). Premièrement, Evans et ses collaborateurs (2014) n'ont inclus que deux types de croisements

---

dans leur expérience : femelles exposées au milieu naturel x mâles exposés au milieu naturel, et femelles élevées en captivité x mâles élevés en captivité, soit l'équivalent de nos types de croisements EMN x EMN et CAP x CAP, figure 26. Cet aspect de leur plan expérimental a amplifié les effets possibles du milieu parental sur la survie des descendants dans tous leurs groupes de comparaison, puisque les deux parents associés aux différents types de croisements étudiés avaient été exposés à un environnement donné en tant que juvéniles. Une deuxième raison pouvant être à l'origine des différences observées entre ces deux études réside dans le fait que le nombre moyen de descendants récupérés par famille était très bas dans notre étude (2,5 à 4,5, selon l'année) par rapport à la leur (une douzaine) en ce qui concerne les descendants d'âge 1+ échantillonnés du milieu naturel. Cela démontre un inconvénient important lié à l'exécution de recherches coïncidant avec des activités de conservation (mise en œuvre du programme de banque de gènes vivants). La taille moyenne de la famille au moment de la capture, malgré l'effort d'échantillonnage semblable (pêche à l'électricité et génotypage des descendants) était nettement inférieure ici parce que l'ensemble de la descendance analysé dans la présente étude résultait de plus de 100 croisements; ce grand nombre de croisements était nécessaire pour maintenir une grande taille effective de la population, qui est une exigence du programme de conservation. Le nombre de types de groupes de parents, plus grand nombre ici (4) que dans leur étude (2) (également en fonction des différents objectifs de programme) a également influencé la taille du groupe de descendants, ce qui pourrait aussi avoir contribué à des capacités différentielles de détecter les différences entre les deux études. Cependant, même avec le plan expérimental actuel (nombre de croisements, nombre de groupes de traitement et nombre de descendants échantillonnés à l'âge 1+), nous avons effectivement décelé à la fois a) des différences statistiquement significatives entre les groupes de traitement pour certaines variables prédictives (indépendantes), et b) des profils uniformes des effets dans le temps pour ces mêmes variables (discussion ci-après). En d'autres mots, nous pensons être en mesure de détecter des différences de modérées à importantes dans le taux de survie lorsqu'elles existent. De surcroît, il est également possible que l'âge du parent femelle (qui semblait avoir un effet important sur la survie des descendants toutes les années, analysé plus loin) ait pu avoir une incidence sur nos résultats, selon la façon dont les adultes de divers âges ont été répartis entre les types de parents. Toutefois, comme nous le verrons plus loin, au moins une partie de l'effet observé de l'âge du parent femelle semble associée à la taille des œufs, et la taille des œufs n'a pas été déterminée comme une covariable importante dans les analyses de l'effet du milieu d'élevage des parents présentées ici (résultats non montrés).

Les raisons biologiques possibles des différences observées entre les études sont les suivantes. Tout d'abord, il est possible que la mortalité associée à la variance de la taille de la famille de la RBS soit plus induite par la sélection, ce qui se traduit par de plus grandes différences génétiques entre les parents provenant de la RBS échantillonnés, exposés au milieu naturel et élevés en captivité, par rapport à des ensembles analogues de parents provenant de la rivière STW, ce qui, à son tour, peut avoir conféré de plus grands avantages en matière de survie aux descendants de parents provenant de la RBS exposés au milieu naturel x exposés au milieu naturel dans leur étude. Il se peut aussi que les différences entre les environnements d'élevage à Mactaquac (pour les saumons de la RBS) et à Coldbrook (pour les saumons de la rivière STW) tout au long du cycle vital des parents élevés en captivité, ou au début ou du milieu à la fin du cycle vital des parents exposés au milieu naturel, aient eu une incidence sur les résultats. Si, par exemple, les conditions environnementales rencontrées par les saumons élevés en captivité à l'une des deux installations étaient moins divergentes de celles rencontrées par les saumons exposés au milieu naturel, la différence possible dans la performance des descendants (résultant de mécanismes épigénétiques ou génétiques) pourrait être réduite.

---

Il est peut-être important de souligner que même si les différences dans la survie des descendants entre les types de groupes de parents ici n'étaient pas (dans l'ensemble) uniformes ou statistiquement significatives, le pourcentage moyen de survie des descendants pour les groupes EMN x EMN était plus élevé que pour les groupes CAP x CAP dans trois des quatre comparaisons intra-annuelles (figure 26). Si nous avions évalué les effets de l'élevage des parents pour une seule année initiale (comme l'ont fait Evans et ses collaborateurs en 2014), en 2009, 2011 ou 2012, et comparé uniquement les groupes EMN x EMN et CAP x CAP, la directionnalité des différences indiquées entre les deux études aurait été la même (EMN x EMN > CAP x CAP). De plus, l'ampleur approximative des différences observées (environ 10 à 20 %) aurait été semblable entre les deux études, si les comparaisons dans Evans *et al.* étaient limitées à des groupes semblables de descendants (échantillonnés à l'âge 1+) et de parents (leurs croisements EMN1, impliquant des parents ayant passé environ un an en milieu naturel); cependant, les différences dans le présent document n'auraient pas été statistiquement significatives. En tenant compte des tendances dans les deux études, une conclusion générale de cette recherche serait que la descendance de croisements EMN x EMN peut présenter un taux de survie plus élevé que la descendance de croisements CAP x CAP, et que les descendants de parents exclusivement EMN peuvent avoir un taux de survie accru par rapport à des descendants de parents exclusivement CAP. Cependant, ici, dans les quatre comparaisons intra-annuelles, les descendants de croisements EMN x CAP semblaient afficher un taux de survie plus élevé que celui des descendants de croisements EMN x EMN (différence souvent d'environ 50 %), même si les différences n'étaient pas significatives.

Les effets du milieu d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces (EMN x EMN, EMN x CAP, CAP x EMN ou CAP x CAP) (figure 28), ou du milieu d'élevage du parent maternel aux stades juvéniles précoces (femelle EMN ou CAP) (figure 29), sur la survie des descendants dans le milieu naturel du rejet à l'âge 0+ à l'âge 2+ (environ 27 mois après les rejets) étaient différents de ceux observés à l'âge 1+ (pour les années de frai qui se chevauchent, de 2009 à 2011), bien que l'on note certaines similitudes générales dans le classement relatif des différents groupes de parents. Par exemple, la survie des descendants jusqu'à l'âge 1+ et l'âge 2+ était plus élevée pour les groupes parentaux EMN x EMN que pour les groupes CAP x CAP en 2009 et 2011, mais c'était le contraire en 2010 pour les deux groupes de descendants. Dans l'ensemble, les résultats étaient peut-être les plus divergents pour les deux types de groupes de descendants (âge 1+ et âge 2+) lorsque le nombre de familles associées à au moins un type de groupes de parents était très bas (p. ex., l'année de frai 2011). Le classement relatif des groupes maternels était semblable pour les groupes de descendants de l'âge 1+ et de l'âge 2+ en 2009 et 2010, lorsque le nombre de familles concernées était élevé, mais pas en 2011, lorsqu'il y avait peu de familles dans le groupe maternel de femelles CAP (7). Aucun profil uniforme n'a été observé parmi les années de frai dans le groupe de descendants d'âge 2+, et il n'existait pas de différence importante entre les groupes dans la comparaison d'une année initiale (tableau 6). Il convient de noter que les résultats de la présente analyse sont encore compliqués par le fait que le pourcentage de survie à l'âge 2 reflète également les différences possibles dans la période de dévalaison des saumoneaux (âge 2 par rapport à l'âge 3) entre les groupes, et ne sera pas discuté plus longuement.

Le milieu d'élevage aux stades juvéniles précoces des parents maternels et paternels peut, au moins certaines années, avoir une incidence sur la taille des descendants (surtout la longueur) dans le milieu naturel à l'âge 1+. Comme les données sur la longueur des tacons exposés au milieu naturel n'étaient disponibles que depuis l'année 2013, les données sur la taille de la descendance de parents élevés en captivité et exposés au milieu naturel existent seulement pour les années de frai 2011 et 2012. En 2011, la moyenne familiale de la longueur du corps moyenne de la descendance à l'âge 1+ était semblable pour les quatre types de groupes de parents (figure 30, voir également la figure 31), et les différences n'étaient pas significatives

---

dans l'ANOVA (tableau 6) et l'ANOVA des effets fixes non équilibrés (tableau 7), mais il convient de noter que le nombre de familles dans les groupes CAP x EMN (5) et EMN x EMN (2) était très limité. En 2012, lorsqu'il y avait davantage de familles dans les groupes CAP x EMN et CAP x CAP, la longueur de la descendance à l'âge 1+ était plus divergente entre les groupes, une tendance uniforme entre les groupes reflétant le degré de l'exposition au milieu naturel a été observée, avec EMN x EMN > EMN x CAP > CAP x EMN > CAP x CAP (figure 30, voir également la figure 31), et les différences étaient importantes (ANOVA,  $p=0,0167$ , tableau 6 et ANOVA des effets fixes non équilibrés,  $p=0,0044$ , tableau 7). Sur les six comparaisons possibles des groupes par paires dans la présente analyse, seule celle des types de croisements EMN x EMN par rapport à CAP x CAP, les plus divergents, était importante ( $p=0,0185$ , tableau 8); les valeurs de  $p$  pour EMN x EMN par rapport à CAP x EMN et EMN x CAP par rapport à CAP x CAP, impliquant toutes deux différents types de parent maternel, étaient de 0,0995 et 0,0845, respectivement (tableau 8).

Lorsque l'on combine les groupes EMN x EMN + EMN x CAP, et CAP x EMN + CAP x CAP, pour produire les groupes de femelles EMN et de femelles CAP, respectivement, les profils entre les années sont uniformes (femelle EMN > femelle CAP) (figure 32); les différences en 2011 ne sont pas importantes ( $p=0,1718$ ), mais elles étaient très significatives en 2012 ( $p=0,0007$ ) (tableau 6).

Dans l'ensemble, des profils similaires ont été observés dans les types des groupes de parents pour la variable de réponse du poids. L'année de frai 2011, la moyenne familiale du poids moyen de la descendance à l'âge 1+ était semblable pour les quatre types de groupes de parents (figure 33, voir également la figure 34), et les différences n'étaient pas significatives dans l'ANOVA (tableau 6) et l'ANOVA des effets fixes non équilibrés (tableau 7). En 2012, une tendance uniforme entre les types de groupes de parents reflétant le degré de l'exposition au milieu naturel a été observée, avec EMN x EMN > EMN x CAP > CAP x EMN > CAP x CAP (figure 33 et figure 34), et les différences globales entre les groupes étaient importantes dans l'ANOVA ( $p=0,0146$ , tableau 6) et l'ANOVA des effets fixes non équilibrés ( $p=0,0032$ , tableau 7). Sur les six comparaisons possibles des groupes par paires dans la présente analyse, EMN x EMN par rapport à CAP x CAP ( $p=0,0217$ ) et EMN x EMN par rapport à CAP x EMN ( $p=0,0310$ ) étaient nettement différents (tableau 8). Dans les comparaisons entre années, le classement relatif de la moyenne familiale du poids corporel moyen entre les types de milieu d'élevage des parents était le même, sauf pour les groupes EMN x CAP et CAP x EMN en 2011, qui étaient très semblables.

Lorsque l'on combine les groupes EMN x EMN + EMN x CAP, et CAP x EMN + CAP x CAP, pour produire les groupes de femelles EMN et de femelles CAP, respectivement, les profils entre les années étaient uniformes (femelle EMN > femelle CAP) (figure 35); les différences en 2011 n'étaient pas importantes ( $p=0,4842$ ), mais elles étaient très significatives en 2012 ( $p=0,0004$ ) (tableau 6). La taille des œufs de la descendance n'a pas été relevée comme une covariable importante avec le milieu d'élevage des parents dans les comparaisons des tailles. Evans et ses collaborateurs (2014) n'ont pas décelé de différences de taille entre les groupes de descendants exposés au milieu naturel et élevés en captivité analysée.

### **Effet du milieu d'élevage cumulatif des ancêtres à un stade précoce sur la performance des descendants dans la nature**

Si les effets transgénérationnels de l'exposition à la captivité des ancêtres (parents et grands-parents) en tant que juvéniles précoces étaient cumulatifs, on pourrait s'attendre à ce que les descendants de deux parents et de grands-parents tous élevés en captivité d'avant le rejet jusqu'à l'âge 1+ réussissent beaucoup moins bien dans la nature que les descendants de deux parents et de grands-parents tous élevés dans le milieu naturel au cours de cette même

---

période, les descendants de parents et grands-parents élevés dans un mélange de conditions (certains élevés en captivité, d'autres en milieu naturel) affichant des niveaux intermédiaires de performance.

Nous avons observé soit aucun lien entre l'étendue de l'exposition cumulative des ancêtres aux stades juvéniles précoces à la captivité et la survie de la descendance dans la nature du rejet à l'âge 1+ (en 2009, 2010 et 2012) (figure 36, tableau 9), soit une relation positive possible l'année 2011 (figure 36, tableau 9,  $p=0,0237$ ), avec des descendants affichant plus d'élevage en captivité cumulatif aux stades précoces qui semblaient présenter un pourcentage plus élevé de survie dans la nature jusqu'à l'âge 1+ (figure 36). La taille des œufs de la descendance n'a pas été relevée comme une covariable importante dans cette analyse.

Aucun lien n'a été observé entre l'élevage en captivité cumulatif des ancêtres et la survie des descendants dans le milieu naturel du rejet jusqu'à l'âge 2+ pour les années de frai de 2009 à 2011 (tableau 9), mais il y avait une tendance à un taux de survie plus faible avec l'augmentation de l'élevage en captivité cumulatif en 2011 (tableau 9,  $p=0,0599$ ) (voir également la figure 37). Toutefois, étant donné que les tacons d'âge 2+ sont recueillis à la fin de l'été et au début de l'automne, les différences de survie qui ont été observées pourraient refléter à la fois la variation de la mortalité et la dévalaison en tant que saumoneaux plus tôt au printemps.

Nous avons également testé un lien possible entre l'exposition cumulative à la captivité des ancêtres aux stades précoces et la longueur moyenne de la famille (enfants ou descendants) dans la nature à l'âge 1+ (figure 38). Dans l'ensemble, nous trouvons peu de preuves d'un lien pendant les deux années mises à l'essai; la longueur moyenne de la famille semblait augmenter légèrement avec le degré d'élevage en captivité des ancêtres en 2011, mais elle semblait diminuer au fur et à mesure que l'élevage en captivité des ancêtres augmentait en 2012 (figure 38), bien qu'aucun lien n'ait été statistiquement significatif, à des valeurs de  $p$  de 0,4249 et 0,0551, respectivement (tableau 10).

### **Effet du nombre de générations de programme sur la performance des descendants dans la nature**

Dans la section précédente, nous avons testé les effets cumulatifs possibles des milieux d'élevage en captivité des ancêtres (du rejet en tant qu'alevins à l'âge 0+ jusqu'à l'âge 1+ ou à l'âge 2+) sur la performance des descendants dans la nature. Dans cette analyse, nous avons tenté d'isoler uniquement les effets du milieu d'élevage des ancêtres (parents et grands-parents) aux stades juvéniles précoces, de quelques semaines après l'éclosion à l'âge 1+ ou à l'âge 2+, sur la performance des descendants. Durant cette étude, nous avons étudié les effets d'un nombre croissant de générations du programme (ou de cycles complets de reproduction et d'élevage en captivité), chaque cycle comprenant les effets combinés de

- a. une période de reproduction en captivité ou artificielle;
- b. l'élevage de tous les individus de la fertilisation à après l'éclosion en captivité; puis
- c. un mélange d'élevage en captivité (pour une partie de la population) et d'exposition au milieu naturel (pour le reste de la population) du rejet jusqu'à l'âge 1+ ou à l'âge 2+; puis
- d. la poursuite de l'élevage en captivité pour tous les individus de l'âge 1+ ou de l'âge 2+ à la maturité en tant qu'adultes, jusqu'au frai.

Le nombre de générations du programme vécues par les descendances/familles comparées n'est pas toujours un nombre entier (p. ex., 2,5) car bon nombre des croisements dont elles sont issues se sont produits entre des parents mâle et femelle présentant un nombre différent

---

de générations du programme (p. ex., 1,0 et 2,0). Les générations du programme connues par les descendants inclus dans cette étude commencent à 2,0 parce que les données sur la survie des descendants dans la nature n'étaient pas disponibles pour les années de frai 2000–2008; les enfants de la génération du programme 1,0, les descendants directs des fondateurs de la G0, ont été produits ces premières années.

En général, le nombre de générations du programme n'était pas fortement corrélé à la survie dans la nature, mais certains liens possibles ont été observés. Aucune relation statistiquement significative entre la survie, le rejet jusqu'à l'âge 1+ et les générations du programme n'a été constatée au cours des années de frai 2009, 2011 et 2012 (tableau 9), bien que la survie semble diminuer surtout avec l'augmentation des générations du programme (figure 39). En 2010, cependant, la survie a été corrélée négativement à l'augmentation du nombre de générations du programme ( $p=0,0242$ ).

De Mestral et ses collaborateurs (2013), dans une étude des effets environnementaux et sélectifs du programme de BGV de saumon de l'intérieur de la baie de Fundy sur plusieurs caractères phénotypiques (jour de montaison, longueur, poids et facteur de condition des saumoneaux) chez les saumoneaux de la RBS dans la nature, n'ont pas conclu que les valeurs des caractères variaient uniformément avec le nombre croissant de générations du programme. En fait, la valeur moyenne des caractères des saumoneaux du programme de la génération G2 était souvent intermédiaire entre les saumoneaux G1 et ceux d'origine sauvage élevés dans les conditions communes de leur rivière natale (de Mestral *et al.* 2013). De même, les taux de croissance des juvéniles précoces de la G1 et la G2+ (un mélange de la G2 et la G3) de saumon de la BGV de la rivière RBS analysés par Wilke *et al.* (2014) étaient presque indiscernables, bien que les deux soient très différents de ceux des descendants de saumons sauvages de la génération G0 quand ils sont élevés dans des milieux d'élevage communs. Bien que la divergence des caractères phénotypiques entre les descendants de saumons de la G1 élevés dans le milieu naturel et en captivité soit souvent assez marquée (Araki *et al.* 2007b), reflétant les réponses maternelles (taille des œufs ou partage des ressources) et génétiques combinées à ces différents environnements, il est probable que la divergence génétique s'accumule plus lentement et puisse être plus difficile à détecter. Les populations captives de *Drosophila melanogaster* maintenues à 100 et 250 individus sur 50 générations présentent des niveaux très différents de valeur adaptative moyenne lorsqu'elles sont élevées dans des conditions environnementales rigoureuses comparativement aux mouches réellement sauvages, mais la divergence de la valeur adaptative moyenne entre des populations maintenues en captivité entre deux et cinq générations est très limitée (voir la figure 3 dans Woodworth *et al.* 2002).

Il convient également de noter que comme les données sur la survie aux stades précoces dans le milieu naturel dans cette étude n'étaient disponibles qu'à partir de 2009 (voir ci-devant), le nombre total de générations du programme pour lesquelles on pouvait comparer les différences de survie était très limité (de 1,0 à 1,25 génération, figure 39). Les différences de survie entre les descendants de saumons des générations G0 et G2+ (juvéniles présentant des générations 1,0 et 3,0+ du programme de reproduction et d'élevage en captivité), plus pertinentes pour les évaluations des impacts cumulatifs du programme de BGV de la rivière STW à ce jour, pourraient avoir été plus grandes.

### **Effet de la taille de la famille parentale à l'état sauvage sur la performance des descendants dans le milieu naturel**

En principe, la variation de la taille de la famille observée chez les tacons de la rivière STW exposés au milieu naturel, prélevés à l'âge 1+ (O'Reilly *et al.* 2018) peut être partiellement ou largement attribuable à la mortalité induite par la sélection dans la nature. Les petites et les



---

grandes familles observées dans les échantillons annuels de tacons exposés au milieu naturel peuvent être génétiquement et qualitativement très différentes, les individus des petites familles étant moins adaptés que ceux des familles nombreuses. Dans notre programme actuel de BGV de la rivière STW (qui est basé sur les protocoles de reproduction selon l'apparement moyen classé), les valeurs d'apparement moyen (AM) attribuées aux individus de petites familles sont inférieures à celles des individus de familles nombreuses (au moins dans les calculs initiaux de l'AM; voir plus de détails dans O'Reilly *et al.* 2018; Ivy et Lacy 2012), et les individus des petites familles ont une priorité plus élevée pour le frai. Cela pourrait augmenter la fréquence des gènes moins adaptés, ce qui diminuerait la valeur adaptative de l'ensemble de la population.

Nous n'avons trouvé aucune relation entre la taille moyenne de la famille parentale (la taille moyenne de la famille des parents mâle et femelle) à l'âge 1+ dans la nature et la taille de la famille des descendants à l'âge 1+ dans le même habitat sauvage. En 2010, 2011 et 2012, la taille normalisée de la famille des descendants des parents de petites familles (0–1,5) variait considérablement, de petite (0) à grande (16), et ne semblait pas quantitativement différente de celle des parents de familles nombreuses (>1,5) (figure 40). En fait, la taille normalisée de la famille de la descendance n'a pas été associée à la taille moyenne de la famille parentale entre 2010 et 2012 ( $p=0,2522-0,6489$ , tableau 10).

### **Effet de l'apparement moyen sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel**

Nous avons également cherché les effets possibles de la priorisation des individus à faible AM directement sur la valeur adaptative, en vérifiant les associations entre les valeurs moyennes de l'AM des parents (la moyenne des parents mâle et femelle d'une famille ou d'une descendance donnée) et

- a. la survie de la famille/de la descendance dans la nature, du rejet jusqu'à l'âge 1+;
- b. la survie de la famille/de la descendance dans la nature, du rejet jusqu'à l'âge 2+;
- c. la survie de la famille/de la descendance dans la nature, de l'âge 1+ jusqu'à l'âge 2+;
- d. la survie de la famille/de la descendance en captivité, du stade de l'œuf au moment du choc au marquage/génotypage à l'âge 4.

Les données sur la survie ont été incluses uniquement pour les familles issues de deux parents exposés au milieu naturel, y compris pour (d) ci-devant, afin de vérifier les effets possibles des milieux d'élevage des parents sur les résultats.

On n'a observé aucune association entre les valeurs d'AM parentales moyennes et l'un ou l'autre des paramètres précédents de la survie de la famille ou de la descendance (au cours d'une année ou dans un milieu) (figures 41–44, tableau 9), sauf une. Les valeurs d'AM ont été associées positivement au pourcentage de survie, du rejet jusqu'à l'âge 1+, pour l'ensemble des familles produites en 2010 (figure 41) ( $p=0,0018$ , tableau 9). En d'autres termes, les familles produites en 2010 qui présentaient des valeurs d'AM plus élevées semblaient avoir un taux de survie plus grand que les familles dont les valeurs d'AM étaient plus basses. Toutefois, il convient de noter que sur les quatre années de frai testées (2009–2012), une association significative (bien que négative) a également été observée entre la survie dans la nature entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+ et le nombre de générations du programme pour l'ensemble des familles exposées au milieu naturel produites en 2010 (figure 39, tableau 9); les familles ayant plus de générations du programme ont affiché une survie inférieure à celle des familles ayant moins de générations du programme cette année-là. Aucune association, positive ou négative, n'a été observée une autre année. On s'attend à ce que les valeurs d'AM de la famille

---

augmentent avec le nombre de générations du programme en raison des liens de filiation supplémentaires entre les couples de géniteurs. Autrement dit, au moins une partie de cette association apparente entre l'AM et la survie en 2010 pourrait être attribuable à l'augmentation du nombre de générations du programme, ce qui pourrait avoir influencé la survie des descendants cette année-là seulement. En effet, en 2010, les valeurs d'AM semblent augmenter avec les générations du programme, en particulier de 2,25 à 3,0 générations, bien que la relation ne soit pas statistiquement significative ( $p=0,1082$ , données non présentées). On n'a observé aucune association entre les valeurs de l'AM maternel et la survie de la famille/de la descendance entre le choc et le marquage (âge 4 environ) en captivité, pour aucun des ensembles de familles produits dans les années 2007–2012 (figure 45, tableau 9).

Malo et ses collaborateurs (2010) ont comparé plusieurs indicateurs de la valeur adaptative (production de sperme, fertilité et résistance au stress osmotique) chez des souris à pieds blancs maintenues sur une période beaucoup plus longue (10 générations) sous trois régimes de reproduction différents (minimisation de l'apparement moyen, accouplement au hasard et sélection pour la docilité) et n'ont relevé aucun effet négatif des protocoles de reproduction de minimisation de l'apparement moyen sur la valeur adaptative à la fin de l'étude. Dans leur plan expérimental, les générations du programme n'ont pas faussé les évaluations des effets de l'apparement moyen; ils ont comparé des lignées distinctes d'apparement moyen et des lignées d'accouplement au hasard, toutes deux élevées jusqu'à la dixième génération.

Nos résultats sur les effets (1) de la taille de la famille parentale dans la nature et (2) des valeurs d'AM parentales sur la performance des descendants dans la nature, cependant, n'indiquent pas que la sélection pendant l'exposition au milieu naturel n'est pas importante et qu'il n'est pas nécessaire de surveiller les effets des programmes de reproduction avec MAM à l'avenir. Il est possible que les intensités de sélection soient relativement modérées et que leurs effets de variation de la taille de la famille soient faibles comparativement aux influences stochastiques, comme on l'observe ailleurs dans différents autres taxons étudiés (Snyder et Ellner 2018). Si la sélection est faible, mais constante et directionnelle, les programmes de reproduction avec MAM et le frai préférentiel du saumon à faible AM pourraient quand même représenter un risque à long terme pour la population, bien qu'il faille aussi comprendre qu'à l'avenir, la MAM se rapprochera de l'ETF.

### **Effet de la consanguinité généalogique sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel**

Aucune association n'a été relevée entre le degré de consanguinité généalogique ( $F$ ) calculé pour les familles et les paramètres de la performance de la famille/des descendants, notamment

- a. la survie dans la nature, du rejet à l'âge 0+ jusqu'à l'âge 1+;
- b. la longueur moyenne de la famille à la capture à l'âge 1+;
- c. le poids moyen de la famille à la capture à l'âge 1+;
- d. l'incidence familiale moyenne des difformités chez les alevins d'âge 0+ en captivité;
- e. le pourcentage de difformités chez les alevins d'âge 0+ en captivité, dans tous les ensembles de données sur l'année de frai évalués (figures 46–50, tableaux 9, 10 et 11).

En 2015 (l'une des six années évaluées), on a pu observer une légère tendance (non significative) à la hausse de l'incidence des difformités avec une augmentation de la consanguinité ( $p=0,1451$ ), mais il faut noter que les niveaux de consanguinité dans cet ensemble de familles étaient très faibles (généralement 0,002–0,006) (figures 46–50 ici; voir

---

aussi la figure 51 dans O'Reilly *et al.* 2018). En plus des faibles niveaux globaux de consanguinité généalogique et des plages limitées de valeurs de  $F$  pour lesquelles la performance a été évaluée, plusieurs autres facteurs peuvent avoir contribué à l'absence constatée d'association entre ces paramètres. Tout d'abord, toutes les années, lorsque des niveaux même modérés de consanguinité étaient observés, très peu de familles (une à quelques-unes) présentaient ces valeurs plus élevées (figures 46–50; voir aussi O'Reilly *et al.* 2018), contribuant à des plans expérimentaux très déséquilibrés. Ensuite, les estimations de  $F$  utilisées ici ne tiennent compte que de l'information généalogique à partir de la génération G-1; la parenté due à la co-occurrence d'ancêtres communs de la génération G-2 ou de générations antérieures n'a pas été incluse. De plus, on ne s'attendait pas à ce que les reconstructions d'apparentement soient absolument exactes pour la parenté de premier ordre chez le saumon G0 (surtout lorsque la taille des familles était petite) (voir davantage de précisions dans O'Reilly *et al.* 2018), donnant des estimations quelque peu imprécises même des valeurs de la consanguinité généalogique ( $F$ ) utilisées ici. Enfin, d'autres aspects de cet ensemble de données (y compris la taille moyenne de la famille des descendants exposés au milieu naturel à l'âge 1+ et la taille inégale des groupes de traitement) n'étaient pas optimaux pour déceler de petites différences entre les groupes de traitement (voir ci-devant).

### **Effet de l'hétérozygotie observée attendue sur la performance des descendants en captivité et dans le milieu naturel**

Étant donné la profondeur limitée de la généalogie (nombre de générations) sur laquelle sont basés les calculs de  $F$  ci-devant, et les inexactitudes prévues de certaines attributions de la parenté G0 et leurs impacts possibles sur certaines estimations de la valeur  $F$  de la généalogie, nous avons également testé les associations entre un autre indicateur possible de la consanguinité et la performance des descendants. Des génotypes multilocus de microsatellites (information génétique moléculaire) des parents mâle et femelle ont été utilisés pour calculer l'hétérozygotie génétique moléculaire observée prévue de leurs descendants (voir davantage de précisions dans la section *Méthode*). On a ensuite comparé l'hétérozygotie observée prévue chez la descendance ou la famille à trois paramètres de performance familiale : a) survie dans la nature entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+ pour les années de frai 2009–2012; b) incidence familiale moyenne des difformités chez les alevins d'âge 0+ en captivité pour les années de frai 2010–2015; et c) pourcentage familial des difformités chez les alevins d'âge 0+ en captivité, également pour les années de frai 2010–2015. On n'a observé aucune association statistiquement significative entre l'hétérozygotie attendue observée de la famille ou de la descendance et la performance de la famille ou des descendants pour aucun caractère au cours d'une année de frai (figures 51–53, tableaux 9 et 11). Bien que les valeurs de  $p$  pour la comparaison entre l'hétérozygotie prévue observée et le pourcentage de difformités dans la famille (figure 43) aient approché le stade significatif (0,0762, tableau 9) dans la comparaison de l'année de frai 2014, il faut noter qu'il y avait un grand nombre de comparaisons par paires concernant ce paramètre de performance (6).

### **Effet du type de croisement sur la performance des descendants en captivité et en milieu naturel**

De 2007 à 2009, un petit nombre de croisements ont été effectués entre des saumons des rivières ECO, GRV et DEB (petits bassins versants du bassin Minas Nord abritant potentiellement des populations résiduelles de saumons) et des saumons de la rivière STW dans le but de préserver les gènes de ces sources proches de l'intérieur de la baie de Fundy et éventuellement de minimiser le degré de consanguinité dans la population de la BGV de la rivière STW. On dispose de certains renseignements sur la performance des descendants (survie dans la nature du rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+, longueur des mâles et des femelles à

---

l'âge 4 et poids des mâles et des femelles à l'âge 4) pour ces croisements éloignés (croisement éloigné) et pour les croisements non éloignés ou les autocroisements potentiels de la rivière STW (autocroisements STW) pour évaluer certains effets de cette action sur le saumon de la BGV de la rivière STW (figures 54–58). Chez les familles issues de croisements éloignés (N = 10) produites en 2009 (la seule année pour laquelle on dispose de données sur le caractère pertinent chez les descendants), le taux de survie dans la nature du rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+ semble être pratiquement le double de celui des familles issues d'autocroisements STW (N = 91) (figure 54), et cette différence est significative ( $p=0.0368$ , tableau 6). Cette hétérosis possible pourrait résulter du mélange des gènes de ces populations potentiellement différentes dans les hybrides F1. Toutefois, il convient également de noter que (a) le nombre de croisements éloignés était faible; (b) ces résultats pourraient être dus à seulement deux ou trois parents STW ou NMB très performants impliqués dans les croisements éloignés (figure 54, panneau inférieur); et (c) Houde et ses collaborateurs (2010) ont relevé, dans leurs analyses des effets des autocroisements et des croisements éloignés chez les populations de saumons des rivières STW, GRV et ECO, d'importants effets parentaux susceptibles d'introduire de la confusion. En outre, Houde et ses collaborateurs (2011) n'ont pas observé d'augmentation de la survie de la descendance de croisements STW x ECO ou STW x GRV par rapport aux croisements STW x STW, bien que Rollinson et ses collaborateurs (2014) aient pu le faire la deuxième année de la même étude (Partie II). De toute évidence, il faut étudier les avantages possibles d'autres croisements éloignés dans cette population, d'autant plus que les niveaux de consanguinité dans la population de la BGV de la rivière STW devraient augmenter dans un avenir proche (O'Reilly *et al.* 2018). Cependant, il faut aussi comprendre que presque tout le saumon de l'Atlantique de la rivière NMB disponible a déjà été croisé avec le saumon de la rivière STW; le saumon de la rivière Gaspereau est le seul saumon du bassin Minas que l'on pourrait encore introgresser dans le patrimoine génétique du saumon STW (voir ci-après).

Les saumons mâles et femelles issus de croisements éloignés en 2007, 2008 et 2009 semblaient généralement présenter une diminution de la longueur ou du poids moyen de la famille comparativement aux saumons STW issus d'autocroisements à l'âge 4 (figures 55–58), mais la tendance inverse a été observée parfois et aucune différence statistiquement significative n'a été relevée (tableau 6).

En 2013, 16 croisements ont été effectués entre des saumons de la population génétiquement (O'Reilly *et al.* 2018) et phénotypiquement divergente de la rivière Gaspereau et des saumons de la BGV de la rivière STW. Les descendants de ces croisements ont été élevés avec 16 croisements purs de la rivière Gaspereau et de 75 croisements purs de la rivière Stewiacke, et les caractères suivants ont été surveillés :

- a. survie du choc au rejet en tant qu'alevins à l'âge 0+;
- b. moyenne familiale de la longueur moyenne des alevins (âge 0+);
- c. moyenne familiale du poids moyen des alevins (âge 0+);
- d. moyenne familiale du pourcentage de difformités chez les alevins d'âge 0+.

Les croisements éloignés hybrides (GAK x STW, appelés « croisements éloignés ») ont présenté un taux de survie moyen légèrement inférieur du choc à avant le rejet comparativement aux deux groupes de traitement purs (GAK x GAK et STW x STW, appelés respectivement « autocroisement GAK » et « autocroisement STW »), mais les différences n'étaient pas significatives (figure 59,  $p=0,1099$ , tableau 6). Les données tirées de ces trois ensembles de familles (types de croisements) sur la survie dans la nature du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à l'âge 1+ n'étaient pas disponibles au moment où ces analyses ont été effectuées. Cependant, l'analyse préliminaire menée depuis suggère que le taux de survie dans

---

la nature des familles hybrides n'est pas plus élevée que celle des familles non hybrides et que les différences entre les trois types de croisements sont légères et non significatives (de Mestral, comm. pers.). Les moyennes familiales du poids et de la longueur moyens des alevins dans ces trois groupes étaient très semblables (figures 60 et 61), et les différences observées n'étaient pas significatives (tableau 6). Le pourcentage moyen de difformités était beaucoup plus élevé (10 X) dans le groupe des croisements éloignés que dans les deux groupes d'autocroisements (figure 62), mais les niveaux étaient faibles (moins de 2 %) dans tous les groupes et les différences étaient non significatives, ce qui peut paraître surprenant (tableau 6).

Comme nous l'avons mentionné précédemment, les saumons des rivières GAK et STW présentent un degré modéré de divergence génétique et des différences potentiellement importantes dans le cycle biologique. Nous ne recommandons pas l'introggression des gènes GAK dans la population de la BGV de la rivière STW pour le moment, mais il faudrait envisager des croisements éloignés (introggression de gènes non indigènes) si des signes de niveaux biologiquement significatifs de dépression consanguine sont observés à l'avenir. Il faudrait continuer à surveiller les populations de la rivière STW (et de la rivière GAK) pour déceler d'éventuels signes de dépression consanguine. Les niveaux de consanguinité connue (généalogique) parmi les familles STW créées au cours des opérations standards de la BGV ont augmenté de 2000 à 2015 (voir la figure 51 dans O'Reilly *et al.* 2018), et devraient encore augmenter dans un avenir proche. Cela créera des défis supplémentaires pour détecter les effets de la consanguinité en recherchant des corrélations entre la valeur F généalogique et la performance des descendants, en utilisant uniquement les données sur les caractères standards de la BGV. Par conséquent, il faudrait envisager d'effectuer d'autres croisements éloignés expérimentaux entre des saumons de la rivière STW et des individus d'autres populations sources connues pour être au moins modérément isolées sur le plan de la reproduction (et génétiquement divergentes) de la population de la rivière STW.

### **Effet de l'âge de la mère et du père sur la performance des descendants en captivité et dans la nature**

Le programme de conservation actuel de la population de la BGV de la rivière STW comprend le report de la reproduction à la cinquième année (jusqu'à l'âge 5, l'âge étant basé sur l'année initiale ou l'année de fertilisation et l'âge 4 sur l'année de l'éclosion). Le saumon de la rivière STW peut également frayer au cours de sa quatrième année, mais les descendants ainsi produits sont remis dans la nature uniquement à des fins d'ensemencement et sont essentiellement perdus pour le programme de la BGV (ces croisements et leurs descendants n'ont aucune incidence sur la fréquence des allèles ou génotypes dans la population de la BGV de la rivière STW). Afin d'évaluer les effets négatifs possibles du retard de la reproduction sur la population de la BGV de la rivière STW, dont certains peuvent avoir une base génétique et pourraient être transmis d'une génération à l'autre, nous avons testé les associations entre l'âge paternel et maternel et plusieurs mesures de la performance des descendants, notamment la moyenne familiale de la longueur moyenne en tant qu'alevins à l'âge 0+, la moyenne familiale du poids moyen en tant qu'alevins à l'âge 0+, la moyenne familiale de la longueur moyenne en tant que tacons d'âge 1+, la moyenne familiale du poids moyen en tant que tacons d'âge 1+, la moyenne familiale du pourcentage de survie du choc au stade de l'alevin avant le rejet à l'âge 0+ et la moyenne familiale du pourcentage de survie du rejet en tant qu'alevin d'âge 0+ à la capture comme tacon d'âge 1+. Les effets de la taille des œufs, comme covariable importante possible dans l'évaluation des effets de l'âge des parents sur la longueur des alevins à l'âge 0+, ont également été étudiés.

L'âge du parent mâle au moment du frai ne semble en général associé à aucune mesure de la performance des descendants. La moyenne familiale de la longueur et du poids moyens en tant

---

qu'alevins d'âge 0+ et que tacons d'âge 1+ issus de parents mâles d'âge variable (et en particulier ceux issus de parents mâles d'âge 4 et d'âge 5, lorsque ces moyennes reposaient sur de grands nombres de familles) étaient semblables et la plupart des barres d'erreur se recoupaient (figures 63–66). De plus, lorsque de légères différences ont été observées, il n'y avait généralement pas de tendances directionnelles de la longueur ou du poids avec l'augmentation de l'âge (figure 63, longueur à l'âge 0+, année de frai 2012; figure 64, poids à l'âge 0+, année de frai 2012; figure 65, longueur à l'âge 1+, années de frai 2011 et 2012; figure 66, poids à l'âge 1+, 2012). Toutes les associations entre l'âge paternel et la longueur ou le poids des alevins à l'âge 0+ étaient non significatives une fois les effets de la superficie des œufs pris en compte (tableau 12). De même, l'âge du père n'a pas été associé à la longueur ou au poids des tacons à l'âge 1+ (tableau 10). La survie du choc à avant le rejet à l'âge 0+ semblait augmenter avec l'âge du parent mâle, au moins de l'âge 4 à l'âge 5 (lorsque le nombre de familles en cause était généralement assez élevé) dans les ensembles de données sur les années de frai 2008, 2009 et 2011, mais semblait diminuer avec l'âge en 2010, 2012 et 2013 (figure 67); l'âge n'était corrélé (positivement) à la survie du choc à avant le rejet que dans l'ensemble de données de 2009 ( $p=0,0451$ , tableau 9). Des résultats similaires ont été observés pour les comparaisons entre l'âge du parent mâle et la survie dans la nature entre le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à l'âge 1+. Aucune tendance constante ne s'est dégagée entre la survie et l'âge du parent mâle dans un ensemble de données sur l'année de frai (figure 68), et la survie n'a été corrélée avec l'âge (positivement) que dans l'ensemble de données de 2010 ( $p=0,0401$ , tableau 9). Le pourcentage moyen de survie était plus élevé pour les parents mâles d'âge < 5 que d'âge 4 (tous deux constamment représentés par un grand nombre de familles) en 2009, 2010 et 2011, mais pas en 2012, où la tendance inverse a été observée, mais où les différences étaient relativement importantes; les différences dans la survie du rejet à l'âge 1+ entre les parents d'âge 4 et d'âge 5 étaient très faibles en 2009 et 2011 (figure 68).

Par ailleurs, l'âge du parent maternel au moment du frai semblait avoir un effet important et constant sur plusieurs mesures de la performance des descendants. La moyenne familiale de la longueur et du poids moyens en tant qu'alevins d'âge 0+ augmentait généralement avec l'âge du parent maternel au cours des deux années de frai pour lesquelles des données étaient disponibles (figures 69 et 70), et l'association globale entre les variables de réponse et l'âge des femelles, indépendamment de la taille des œufs, était significative dans les comparaisons de 2012 ( $p=0,0300$  et  $p=0,0023$ , respectivement, tableau 12). La moyenne familiale de la longueur et du poids moyens en tant que tacons d'âge 1+ semblait également augmenter généralement avec l'âge du parent maternel (figures 71 et 72), en particulier entre les âges 4 et 5, chacun étant représenté par un grand nombre de familles, et les associations en 2012 étaient à nouveau significatives ( $p=0,0388$ ) ou très significatives ( $p=0,0041$ ), respectivement, pour ces deux variables de réponse (tableau 10).

Le pourcentage moyen de survie entre le moment du choc et avant le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ semblait aussi augmenter généralement avec l'âge du parent femelle au cours des six années de frai étudiées (2008–2013), du moins jusqu'à l'âge 5 (figure 73); les tendances étaient plus variables à partir de l'âge 6, lorsque le nombre de familles associées à un âge parental donné était considérablement réduit. Cette association apparente entre la survie du choc à avant le rejet et l'âge du parent femelle était significative en 2009 ( $p=0,0409$ ) et très significative en 2011 ( $p=0,0030$ ), mais pas les années suivantes (tableau 9).

De même, le pourcentage moyen de survie entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+ dans la nature semblait généralement augmenter avec l'âge du parent femelle, en particulier entre les âges 4 et 5 (lorsque le nombre de familles associées à un âge donné du parent femelle était élevé), pour les quatre années examinées (2009–2012); les tendances après l'âge 5 du parent femelle étaient ici aussi variables, mais la survie semblait généralement augmenter avec l'âge du parent

---

femelle, au moins jusqu'à l'âge 6 (figure 74). Les associations entre l'âge du parent femelle et la survie dans la nature entre le rejet et l'âge 1+ étaient très significatives ( $p < 0,01$ ) dans les quatre ensembles de données sur l'année de frai (tableau 9). La superficie des œufs a été fortement associée à la survie jusqu'à l'âge 1+, les œufs plus gros ayant une survie supérieure à celle des petits œufs les deux années étudiées (2011 et 2012, figure 75); cette association était très significative les deux années ( $p < 0,0001$ , tableau 9).

En résumé, nous ne voyons pas signes de préoccupations potentielles liées au retard du frai des saumons de la rivière STW aux fins de la BGV (lorsque la descendance est destinée à être recyclée dans le programme), au moins jusqu'à l'âge 5 (pour les mâles ou les femelles). En fait, d'après plusieurs paramètres, la survie des descendants au moins jusqu'à l'âge 1+ pourrait augmenter avec l'âge du parent femelle, en partie parce que les œufs sont plus gros. Ces résultats, ainsi que la relation connue entre l'âge des femelles et la fécondité, donnent une indication importante de moyens potentiellement efficaces pour accroître sensiblement la production de saumoneaux dans cette rivière, qui est une recommandation clé de l'examen après 15 ans de la BGV de l'intérieur de la baie de Fundy (MPO 2018). De nombreux saumons adultes STW non ciblés (qui ne sont pas identifiés par les programmes de reproduction fondés sur l'apparement moyen classé comme des géniteurs importants) sont actuellement relâchés soit après la maturation mais avant le frai, soit immédiatement après le frai à l'âge 4. Si davantage de femelles d'âge 4 non ciblées étaient retenues et se reproduisaient nouveau à l'âge 5 à des fins d'ensemencement, le plus grand nombre de descendants ainsi obtenus (en raison d'une augmentation à la fois du nombre de parents femelles mais aussi de la taille des femelles et donc de la fécondité individuelle) et les augmentations prévues de la survie (tant en captivité, du choc à avant le rejet, que dans la nature, du rejet à au moins l'âge 1+) pourraient entraîner une multiplication du nombre de juvéniles tardifs et, éventuellement, de saumoneaux en dévalaison. Si le nombre de saumoneaux est suffisamment accru, il pourrait se traduire par la montaison possible d'une poignée d'adultes dans la rivière STW les années suivantes, ce qui permettrait une certaine sélection en fonction des conditions marines actuelles.

Plus tôt, nous avons discuté du nombre d'éléments du plan expérimental de cette étude (y compris la taille moyenne de la famille au moment de la capture à l'âge 1+ et l'inégalité de la taille des échantillons des différents groupes de traitement) qui étaient liés à l'objectif principal des activités connexes, à savoir la mise en œuvre du programme de la BGV de la rivière STW. Nous pensions que ces limites influeraient, dans une certaine mesure, sur notre capacité de détecter les différences et d'estimer l'ampleur de l'effet de certaines variables prédictives (indépendantes) sur les variables de réponse (dépendantes) comme la survie aux stades juvéniles précoces dans la nature. Ces constatations sur les effets de l'âge des femelles (et de la taille des œufs) sur la performance des descendants indiquent également que le plan expérimental axé sur le programme de la BGV utilisé ici pour tester les effets de toutes les autres variables prédictives mentionnées précédemment (par exemple, le milieu d'élevage parental, les valeurs d'AM, etc.) sur de nombreux paramètres de réponse analysés ici permet de déceler des effets d'ampleur modérée (lorsqu'ils existent).

### **Effet de l'ascendance européenne sur la performance des descendants dans la nature**

Les familles hybrides Europe/STW (appelées hybrides UE) produites au cours de chacune des quatre années de frai (années initiales) évaluées (2009–2012) semblent présenter un pourcentage moyen de survie dans la nature plus faible entre le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ et l'âge 1+ (15 mois après le rejet) que les familles pures STW (appelées STW) qui ont connu un nombre similaire de générations du programme (figure 76), même si les différences dans la comparaison de l'année de frai 2012 étaient très faibles et si elles étaient non

---

significatives dans la comparaison de chaque année de frai (tableau 6). Des résultats similaires ont été observés dans les analyses basées sur les tacons d'âge 2+ (figure 77); le pourcentage moyen de survie dans la nature entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 2+ était plus bas pour les familles hybrides UE que celui pour les familles STW (figure 77), bien que les différences pour la comparaison d'une seule année de frai soient non significatives (tableau 6). Étant donné que les tacons d'âge 2+ ont été échantillonnés par pêche à l'électricité en septembre, plusieurs mois après que certains individus d'âge 2+ auraient dû dévaler en tant que saumoneaux, les résultats différentiels dans cette comparaison pourraient refléter les variations des taux de mortalité et d'émigration des saumoneaux d'âge 2+. Néanmoins, il est intéressant de noter que dans les sept comparaisons de saumons d'âge 1+ ou 2+ où les différences reflètent, du moins en partie, la variation de la mortalité dans la nature, le pourcentage moyen de survie des familles hybrides Europe/STW (ou le pourcentage moyen de récupération des familles) était inférieur à celui des familles STW comparables. En outre, si les résultats obtenus à l'âge 2+ traduisent bien en grande partie les différences dans les taux de dévalaison entre les saumons hybrides UE et les saumons STW, cela serait également préoccupant, car l'âge de la smoltification chez le saumon de l'intérieur de la baie de Fundy peut être adaptatif et l'introgression des gènes d'élevages européens pourrait modifier ce caractère.

Nous avons également comparé la proportion relative des descendants hybrides Europe/STW (hybride UE, partie noire des barres) par rapport aux descendants purs STW (STW, partie grise des barres) dans le temps, du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à l'âge 1+ et à l'âge 2+, par année de frai (individuellement) et entre toutes les années de frai (figure 78). Les descendants de toutes les familles issues d'un type de croisement ont été combinés. L'information sur les tacons d'âge 2+ en 2012 n'était pas disponible au moment où ces analyses ont été effectuées. Dans les comparaisons des années de frai 2009, 2010 et 2011, la proportion relative de saumons hybrides UE par rapport aux saumons STW semble avoir diminué entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+. Nous n'avons pas testé si les différences étaient statistiquement significatives dans la comparaison de 2009 en raison des valeurs nulles pour le groupe hybride UE d'âge 1+ (aucun descendant hybride UE n'a été observé dans la collecte, malgré le rejet d'un grand nombre d'alevins hybrides UE d'âge 0), mais les différences dans les proportions étaient significatives dans les comparaisons de 2010 et 2011 ( $p=0,0155$  et  $0,0424$ , respectivement, tableau 13). Lorsque nous avons combiné toutes les années de frai, la proportion de saumons hybrides UE par rapport aux saumons STW semblait avoir diminué entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 1+, et les différences étaient significatives ( $p=0,0085$ , tableau 13). Des résultats similaires ont été observés en comparant les proportions relatives d'hybrides UE par rapport aux descendants STW à l'âge 0+ par rapport à l'âge 2+; les proportions d'hybrides UE par rapport aux STW observées dans les échantillons semblaient diminuer avec le temps pour les comparaisons des trois années de frai pour lesquelles les données étaient disponibles (2009, 2010 et 2011). Encore une fois, nous n'avons pas vérifié si les différences étaient significatives dans les comparaisons de 2009 et 2010 en raison des valeurs nulles pour les groupes hybrides UE d'âge 2+ respectifs, bien que les proportions dans les comparaisons de l'année de frai 2011 ne soient pas significatives. Lorsque nous avons combiné les données sur toutes les années de frai, la proportion de descendants hybrides UE par rapport aux descendants STW semblait avoir diminué entre le rejet à l'âge 0+ et l'âge 2+, et les différences étaient significatives ( $p=0,0460$ , tableau 13). En combinant les données de toutes les comparaisons de toutes les années de frai (augmentant le nombre de familles incluses dans l'analyse), on a observé une tendance constante à la baisse des proportions de descendants d'hybrides UE par rapport aux descendants STW de l'âge 0 à l'âge 1 à l'âge 2 (figure 78, toutes les années). Ce résultat serait prévisible si les effets des gènes de l'UE sur la survie étaient cumulatifs, au moins jusqu'à l'âge 2+. Toutefois, comme nous l'avons vu précédemment, la seconde moitié (de l'âge 1+ à l'âge 2+) de cette tendance apparente à la



---

baisse de la proportion de descendants hybrides UE par rapport aux descendants STW peut avoir été influencée, au moins en partie, par l'âge différentiel de la dévalaison des saumoneaux entre ces deux types de croisements, les descendants des saumons hybrides UE étant plus nombreux à quitter le site de rejet-recapture en tant que saumoneaux d'âge 2+, plusieurs mois avant les échantillonnages pertinents. Il est à noter que l'âge de la smoltification est fortement influencé par les taux de croissance spécifiques (Bailey *et al.* 1980; Metcalfe *et al.* 1988), et que les descendants hybrides UE d'âge 1+ semblent plus gros que les saumons STW au même âge (figure 79), mais nous n'avons pas vérifié si les différences étaient statistiquement significatives.

Bien que le nombre de familles présentant des gènes d'élevages de l'UE inclus dans cette étude ait été limité (17) et réparti sur des collectes de familles au cours de quatre années de frai, il convient de noter que le nombre (et la proportion) des familles de la BGV de la rivière STW potentiellement touchées par des gènes d'élevages de l'UE a augmenté dans cette population entre les générations et que près de 5 % de tous les reproducteurs potentiels en 2016 pouvaient présenter un certain degré d'ascendance d'élevages de l'UE (selon des critères très rigoureux, voir le tableau 95 dans O'Reilly *et al.* 2018). En outre, l'ascendance de saumons d'élevage de l'UE pourrait être encore plus répandue dans d'autres populations de la BGV de l'intérieur de la baie de Fundy (notamment la rivière RBS), bien que le pourcentage d'ascendance de l'UE chez les individus (au moins dans la population de la BGV de la rivière STW) puisse diminuer avec le temps (O'Reilly *et al.* 2018).

## REMERCIEMENTS

Les auteurs tiennent à remercier K. Gordos, A. Cox, M. Cassista-Da Ros, L. de Mestral, D. Mossman et L. Hamilton de leur aide pour les analyses moléculaires des échantillons en laboratoire. Beth Lenentine, Craig Keddy, Mike Goguen, Mike Thorburne, Rick Whynot et John Whitelaw étaient responsables de la reproduction et de l'élevage en captivité du saumon de la rivière Stewiacke et ont contribué au marquage et à l'échantillonnage tissulaire des individus, à la mesure des caractères et au prélèvement de juvéniles sur place. Mike Kinnison a suggéré de tester les effets cumulatifs (chez les parents et les grands-parents) du milieu d'élevage des juvéniles précoces sur la performance des descendants. Paul Bentzen a donné un premier aperçu des origines probables des saumons des rivières GRV et ECO, ainsi que des implications qui en découlent pour les attentes d'hétérosis chez les descendants des croisements NMB x STW. Merci également à R. Withler, J. Kocik et M. Trudel pour leurs idées, leurs commentaires et leurs suggestions durant l'examen après 15 ans du programme de conservation de l'intérieur de la baie de Fundy.

## RÉFÉRENCES

- Araki, H., Ardren, W.R., Olsen, E., Cooper, B., Blouin, M.S. 2007b. Reproductive success of captive-bred steelhead trout in the wild: evaluation of three stocking programs in the Hood River. *Conserv. Biol.* 21: 181–190.
- Araki, H., Blouin, M.S., Cooper, B. 2009. Carry-over effect of captive breeding reduces reproductive fitness of wild-born descendants in the wild. *Biol. Lett.* 5: 621–624.
- Araki, H., Cooper, B., Blouin, M.S. 2007a. Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science* 318: 100–103.
- Bailey, J.K., Saunders, R.L., Buzeta, M.I. 1980. Influence of parental smolt age and sea age on growth and smolting of hatchery-reared Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 37(9): 1379–1386.

- 
- Ballou, J.D., Lacy, R.C. 1995. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations; pp. 76–111. In J. Ballou, M. Gilpin, T.J. Foose (ed.) Population Management for Survival and Recovery: Analytical Methods and Strategies in Small Populations. Columbia University Press, New York.
- Baum, E.T. 1998. History and description of the Atlantic Salmon aquaculture industry of Maine. Division of Fisheries and Oceans. DFO Can. Stock Assess. Sec. Res. Doc. 98/152.
- Berejikian, B., Doornik, D.V., Larae, A., Tezak, S., Lee, J. 2005. The effects of exercise on behaviour and reproductive success of captively reared steelhead. Trans. Amer. Fish. Soc. 134: 1236–1252.
- Bossdorf, O., Richards, C.L., Pigliucci, M. 2008. Epigenetics for ecologists. Evol. Lett. 11: 106–115.
- Brenna-Hansen, S., Li, J., Kent, M.P., Boulding, E.G., Dominik, S., Davidson, W.S., Lien, S. 2012. Chromosomal differences between European and North American Atlantic Salmon discovered by linkage mapping and supported by fluorescence in situ hybridization analysis. BMG Genomics 13: 432–445.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A., Blouin, M.S. 2012. Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. Proc. Natl. Acad. Sci. 109(1): 238–242.
- de Mestral, L., O'Reilly, P., Jones, R., Flanagan, J., Herbinger, C. 2013. Preliminary assessment of the environmental and selective effects of a captive breeding and rearing programme for endangered Atlantic Salmon (*Salmo salar*). Fish. Manage. Ecol. 20: 75–89.
- de Mestral, L.G., Herbinger, C.M. 2013. Reduction in antipredator response detected between first and second generations of endangered juvenile Atlantic Salmon *Salmo salar* in a captive breeding and rearing programme. J. Fish Biol. 83: 1268–1286.
- Einum, S., Fleming, I. 2000. Selection against late emergence and small offspring in Atlantic Salmon (*Salmo salar*). Evolution 54(2): 628–639.
- Evans, M., Wilke N.F., O'Reilly P.T., Fleming I.A. 2014. Transgenerational effects of parental rearing environment influence the survivorship of captive-born offspring in the wild. Conserv. Lett. 7: 371–379.
- Fernandez, J., Toro, M.A., Caballero, A. 2001. Practical implementation of optimal management strategies in conservation programmes: a mate selection method. Anim. Biodiversity Conserv. 24: 17–24.
- Foley, D.L., Craig, J.M., Morley, R., Olsson, C.L., Dwyer, T., Smith, K., Saffery, R. 2009. Prospects for Epigenetic epidemiology. Am. J. Epidemiol. 169: 389–400.
- Frankham, R. 2008. Genetic adaptation to captivity. Mol. Ecol. 17(1): 325–333.
- Frankham, R., Ralls, K. 1998. Inbreeding leads to extinction. Nature 392: 441–442.
- Hartley, S.E. 1987. The chromosomes of Salmonid Fishes. Biol. Rev. Cambridge Philos. Soc. 62(3): 197–214.
- Heath, D.D., Heath, J.W., Bryden, C.A., Johnson, R.M., Fox, C.W. 2003. Rapid evolution of egg size in Captive salmon. Science 299: 1738–1740.
- Heffner, L.J. 2004. Advanced maternal age: How old is too old? N. Engl. J. Med. 351: 1927–1929.
- Hendry, A.P., Day, T. 2003. Revisiting the positive correlation between female size and egg size. Evol. Ecol. Res. 5: 421–429.

- 
- Hess, M.A., Rabe, C.D., Vogel, J.L., Stephenson, J.J., Nelson, D.D., Narum, S.R. 2012. Supportive breeding boosts natural population abundance with minimal negative impacts on fitness of a wild population of Chinook salmon. *Mol. Ecol.* 21(21): 5236–5250.
- Hook, E.B. 1981. Rates of chromosomal abnormalities at different maternal ages. *Obstet. Gynecol.* 58(3): 282–285.
- Houde, A.L.S., Fraser, D.J., O'Reilly, P., Hutchings, J.A. 2010. Maternal and paternal effects on fitness correlates in outbred and inbred Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 68(3): 534–549.
- Houde, A.L.S., Fraser, D.J., O'Reilly, P.T., Hutchings, J.A. 2011. Relative risks of inbreeding and outbreeding depression in the wild in endangered salmon. *Evol. Appl.* 4: 634–647.
- Hurst, C.D., Barlett, S.E., Davidson, W.S., Bruce, I.J. 1999. The complete mitochondrial DNA sequence of Atlantic Salmon, *Salmo salar*. *Gene* 239: 237–242.
- Ivy, J.A., Lacy, R.C. 2012. A comparison of strategies for selecting breeding pairs to maximize genetic diversity retention in managed populations. *J. Hered.* 103: 186–196.
- Janhunen, M., Rudolfson, G., Kekalainen, J., Figenschou, L., Peuhkuri, N., Kortet, R. 2009. Spawning colouration and sperm quality in a large lake population of Arctic Charr (Salmonidae: *Salvelinus alpinus* L.). *Biol. J. Linnean Soc.* 98(4): 794–802.
- Kong, A., Frigge, M.L., Masson, G., Besenbacher, S., Sulem, P., Magnusson, G., Gudjonsson, S.A., Sigurdsson, A., Jonasdottir, A., Jonasdottir, A., Wong, S.W.S., Sigurdsson, G., Walters, G.B., Steinberg, S., Helgason, H., Thorleifsson, G., Gudbjartsson, D.F., Helgason, A., Magnusson, O.T., Thorsteinsdottir, U., Stefansson, K. 2012. Rate of de novo mutations and the importance of father's age to disease risk. *Nature* 488: 471–475.
- Lacy, R.C. 2009. Stopping evolution: Genetic management of captive populations; pp. 58–51. *In* G. Amato, R. Desalle, O.A. Ryder, and H.C. Rosenbaum (eds.) *H.C Conservation Genetics in the Age of Genomics*. Columbia press. NY.
- Lacy, R.C., Alaks, G., Walsh, A. 2013. Evolution of *Peromyscus leucopus* Mice in response to a captive environment. *PLOS one.* 8(8): 1–19.
- Leitritz, E., Lewis, R.C. 1980. Trout and salmon culture: Hatchery methods. Vol. 164. UCANR Publications.
- Malo, A.F., Martinez-Pastor, F., Alaks, G., Dubach, J., Lacy, R.C. 2010. Effects of genetic captive-breeding protocols on sperm quality and fertility in the White-Footed Mouse. *Biol. Reprod.* 83: 540–548.
- McIntosh, G.C., Olshan, A.F., Baird, P.A. 1995. Paternal age and the risk of birth defects in offspring. *Epidemiology* 6(3): 282–288.
- McPhee, M.E. 2003. Generations in captivity increases behavioral variance: considerations for captive breeding and reintroduction programs. *Biol. Conserv.* 115: 71–77.
- Metcalfe, N.B., Huntingford, F.A., Thorpe, J.E. 1988. Feeding intensity, growth rates, and the establishment of life-history patterns in juvenile Atlantic Salmon *Salmo salar*. *J. Anim. Ecol.*: 463–474.
- Montgomery, M.E., Woodworth, L.M., England, P.R., Briscoe, D.A., Frankham, R. 2010. Widespread selective sweeps affecting microsatellites in *Drosophila* populations adapting to captivity: Implications for captive breeding programs. *Biol. Conserv.* 143: 1842–1849.
-

- 
- MPO. 2018. Examen de la science associée à la banque de gènes vivants du saumon de l'intérieur de la baie de Fundy et aux programmes d'ensemencement. Secr. can. de consult. sci. du MPO, Avis sci. 2018/041.
- O'Reilly, P. 2006. Towards the identification of Conservation Units in Atlantic Salmon from Eastern Canada. DFO Can. Sci. Adv. Sec. Res. Doc. 2006/012. 41 p.
- 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.
- O'Reilly, P., Kozfkay, C. 2014. Use of Microsatellite Data and Pedigree Information in the Genetic Management of Two Long-term Salmon Conservation Programs. Rev. Fish Biol. Fish. 24: 819–848.
- O'Reilly, P.T., Harvie, C.J. 2010. Conservation of Genetic Variation in the Inner Bay of Fundy Atlantic Salmon Captive Breeding and Rearing Program. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2009/095. viii + 53 p.
- Roberts, F.L. 1970. Atlantic Salmon (*Salmo salar*) Chromosomes and Speciation. Trans. Am. Fish. Soc. 99(1): 105.
- Rodríguez-Ramilo, S.T., Morín, P., Caballero, A. 2005. Relaxation of selection with equalization of parental contributions in conservation programs: An experimental test with *Drosophila melanogaster*. Genetics 172: 1043–1054.
- Rollinson, N., Keith, D.M., Houde, A.L.S., Debes, P.V., McBride, M.C., Hutchings, J.C. 2014. Risk Assessment of Inbreeding and Outbreeding Depression in a Captive-Breeding Program. Conserv. Biol. 28(2): 529–540.
- Ryman, N. 1970. A genetic analysis of recapture frequencies of released young of salmon (*Salmo salar* L.). Hereditas 65(1): 159–160.
- Scott, W.B., Crossman, E.J. 1998. Freshwater fishes of Canada. Galt House Publications, Oakville, Ontario.
- Shieh, G. 2013. Confidence intervals and sample size calculations for the weighted eta-squared effect sizes in one-way heteroscedastic ANOVA. Behav. Res. 45: 25–37.
- Snyder, R.E., Ellner, S.P. 2018. Pluck or luck: Does trait variation or chance drive variation in lifetime reproductive success? Amer. Nat. 191(4): E90–E107.
- Sokal, R.R., Rohlf, F.J. 1981. Biometry: The principles and practice of statistics in biological research. Second Edition. W.H. Freeman and Company, New York.
- Theodorou, K., Couvet, D. 2003. Familial versus mass selection in small populations. Genet., Sel., Evol. 35: 425–444.
- Thériault, V., Moyer, G.R., Jackson, L.S., Blouin, M.S., Banks, M.A. 2011. Reduced reproductive success of hatchery Coho salmon in the wild: Insights into most likely mechanisms. Mol. Ecol. 20(9): 1860–1869.
- Thompson, J.D. 1991. Phenotypic plasticity as a component of evolutionary change. Trends Ecol. Evol. 6: 246–249.
- Thrower, F.P., Hard, J.J. 2009. Effects of a single event of close inbreeding on growth and survival in steelhead. Conserv. Gen. 10(5): 1299–1307.

- 
- Verspoor, E., O'Sullivan, M., Arnold, A.L., Knox, D., Amiro, P.G. 2002. Restricted matrilineal gene flow and regional differentiation among Atlantic Salmon (*Salmo salar* L.) populations within the Bay of Fundy, Eastern Canada. *Heredity* 89: 465–472.
- Von Cramon-Taubadel, N., Ling E.N., Cotter, D., Wilkins, N.P. 2005. Determination of body shape variation in Irish hatchery-reared and wild Atlantic Salmon. *J. Fish. Biol.* 66: 1471–1482.
- Walker, D.A. 2003. JMASM9: Converting Kendall's Tau for correlation or meta-analytic analyses. *J. Mod. Appl. Stat. Methods* 2(2): 525–530.
- Wang, J., Hard, J.J., Utter, F. 2002. Salmonid inbreeding: A review. *Rev. Fish Biol. Fish.* 11: 301–319.
- Waples, R.S. 1999. Dispelling some myths about hatcheries. *Fisheries* 24(2): 12–21.
- Wilke, N.F, O'Reilly, P.T., MacDonald, D., Fleming, I. 2014. Can conservation-oriented, captive breeding limit behavioural and growth divergence between offspring of wild and captive origin Atlantic Salmon (*Salmo salar*)? *Ecol. Freshwater Fish*, Vol. 24(2): 293–304.
- Williams, S.E., Hoffman, E.A. 2009. Minimizing genetic adaptation in captive breeding programs: A review. *Biol. Conserv.* 142: 2388–2400.
- Willoughby, J.R., Fernandez, N.B., Lamb, M.C., Ivy, J.A., Lacy, R.C., Dewoody, A. 2015. The impacts of inbreeding, drift and selection on genetic diversity in captive breeding populations. *Mol. Ecol.* 24: 98–110.
- Woodworth, L.M., Montgomery, M.E., Briscoe, D.A., Frankham, R. 2002. Rapid genetic deterioration in captive populations: Causes and conservation implications. *Conserv. Genet.* 3: 277–288.
- Zaiontz, C. 2015. [Real Statistics Using Excel](#).

## TABLEAUX

Tableau 2. Liste des caractères surveillés chez le saumon de l'Atlantique de la rivière Stewiacke dans le cadre du programme de la banque de gènes vivants de l'intérieur de la baie de Fundy. Les tirets (-) indiquent des cellules vides ou blanches. WE=Wild-exposed; CAP=Captive Reared.

Groupe ou stade biologique	Caractère	Méthode	Années disponibles	Année initiale correspondante
Adulte reproducteur	Longueur	Individuellement	2000–2015	2000–2015
-	Poids	Individuellement	2005, 2007–2015	2005, 2007–2015
-	Profondeur du corps	Images	2010–2015	2010–2015
Œuf	Poids	Poids bruts	2013–2015	2013–2015
-	Superficie	Mesurée (certains croisements)	2002–2009	2002–2009
-		Images	2011–2015	2011–2015
-	Fécondité initiale	Dénombrements (certains croisements)	2000–2015	2000–2015
-		Estimations	2000–2015	2000–2015
-		Images	2010–2015	2010–2015
-	% de fertilisation au moment du choc	-	2014–2016	2013–2015
-	Œufs restants après le choc	Dossiers	2001–2016	2000–2015
		Images	2011–2016	2010–2015
Alevins après égalisation	Nombre restant	Dossiers	2009–2016	2008–2015
-		Images	2011–2016	2010–2015
-	Difformités	Images	2011–2016	2010–2015
-	Longueur	Individuellement	2013–2016	2012–2015
-	Poids	Poids bruts	2013–2016	2012–2015
-	Longueur	Individuellement	2013–2014	2011–2012 (âge 2) 2010–2011 (âge 3)
-	Poids	Individuellement	2013–2014	2011–2012 (âge 2) 2010–2011 (âge 3)
-	Genre/maturation	-	2004–2015	2001–2012 (âge 3)
-	Divers (longueur, poids, profondeur du corps, maturation, etc.)	Individuellement	2004–2015	2000–2011 (âge 4)
-			2005–2015	2000–2010 (âge 5)
-	Divers (longueur, poids, profondeur du corps, maturation, etc.)	Individuellement	2006–2015	2002–2011 (âge 4)
-			2007–2015	2002–2010 (âge 5)

Tableau 3. Caractéristiques corporelles (longueur, poids et coefficient de condition) de tous les saumons de l'Atlantique adultes reproducteurs de la rivière Stewiacke dans le programme de la banque de gènes vivants, pour chaque année initiale. Le poids et le coefficient de condition n'ont pas été consignés de 2000 à 2004. Les tirets (-) indiquent des cellules vides ou blanches; ET = écart-type.

Sexe et année	Longueur (cm)	Longueur (cm)	Longueur (cm)	Longueur (cm)	Poids (kg)	Poids (kg)	Poids (kg)	Poids (kg)	Coefficient de condition	Coefficient de condition	Coefficient de condition	Coefficient de condition
-	- Moyenne	- ET	- Minimale	- Maximale	- Moyen	- ET	- Minimal	- Maximal	- Moyen	- ET	- Minimale	- Maximale
FEMELLES	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2000	40,76	3,01	33,00	50,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2001	45,91	5,80	33,80	63,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2002	50,74	6,51	38,10	65,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2003	50,91	8,00	35,60	78,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2004	51,90	10,19	30,00	76,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2005	51,30	7,57	28,40	72,20	1,97	0,97	0,54	6,20	1,39	0,25	0,83	2,79
2006	52,07	10,35	35,00	80,90	2,04	0,46	1,54	2,72	1,21	0,24	0,89	1,75
2007	51,71	11,62	31,80	85,00	2,24	1,90	0,30	10,00	1,36	0,26	0,93	3,00
2008	44,96	9,19	29,60	71,80	1,39	1,02	0,26	5,40	1,33	0,20	0,56	2,41
2009	47,85	9,31	31,80	78,00	1,69	1,10	0,40	7,53	1,38	0,17	0,96	2,12
2010	46,52	8,74	30,90	71,50	1,60	1,09	0,40	5,32	1,41	0,15	0,95	1,90
2011	42,86	8,63	25,40	66,00	1,19	0,83	0,31	3,75	1,34	0,17	0,94	2,21
2012	47,58	9,23	32,40	75,00	1,66	1,21	0,40	5,80	1,35	0,23	0,58	2,72
2013	45,53	6,74	32,80	70,00	1,38	0,74	0,44	4,98	1,35	0,15	0,88	1,64
2014	48,87	5,19	38,80	64,60	1,62	0,54	0,69	3,46	1,34	0,11	1,14	1,61
2015	47,47	5,55	32,80	59,00	1,61	0,52	0,52	2,73	1,45	0,13	0,82	1,82
MÂLES	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2000	38,95	5,42	15,50	51,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2001	46,32	7,43	25,00	62,50	-	-	-	-	-	-	-	-
2002	51,67	7,14	29,70	71,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2003	49,91	7,51	30,00	69,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2004	56,50	10,84	27,20	80,00	-	-	-	-	-	-	-	-
2005	58,34	11,53	33,00	81,00	2,67	1,47	0,58	6,82	1,20	0,25	0,65	2,70
2006	52,94	13,79	26,90	85,40	1,65	0,50	0,78	2,12	1,09	0,20	0,91	1,46
2007	48,05	11,63	22,00	85,60	1,49	1,24	0,22	7,54	1,15	0,19	0,54	1,80
2008	45,51	12,08	20,10	74,90	1,43	1,19	0,12	4,92	1,25	0,16	0,94	2,09
2009	46,50	13,05	18,70	91,90	1,53	1,29	0,08	7,43	1,28	0,15	0,96	1,71
2010	47,03	11,08	22,10	75,60	1,47	1,07	0,16	4,76	1,22	0,12	0,60	1,53
2011	41,36	10,49	17,00	72,80	1,00	0,84	0,05	4,34	1,18	0,12	0,83	1,50
2012	46,65	10,46	25,60	81,20	1,46	1,23	0,19	6,95	1,24	0,15	0,88	2,21
2013	44,19	6,24	20,80	58,60	1,07	0,40	0,11	2,20	1,19	0,15	0,60	1,52
2014	45,97	8,92	25,40	72,10	1,32	0,86	0,22	5,33	1,23	0,11	1,00	1,66
2015	45,87	7,22	31,10	64,50	1,33	0,57	0,42	3,09	1,33	0,25	1,07	2,98

Tableau 4. Rapports entre les sexes (femelles et mâles) des tacons (âge 1 et âge 2) et des saumoneaux exposés au milieu naturel, ainsi que des saumons de l'Atlantique élevés en captivité, du programme de la banque de gènes vivants de la rivière Stewiacke. Les tirets (-) indiquent des cellules vides ou blanches.

Année initiale	Femelles (F)	Mâles (M)	Sexe inconnu	Ratio (F/M)
<b>a) Tacon exposé au milieu naturel, âge 1</b>				
2000	0	0	0	-
2001	2	6	0	0,33
2002	66	71	10	0,93
2003	36	39	0	0,92
2004	64	70	2	0,91
2005	43	39	2	1,10
2006	60	70	0	0,86
2007	64	79	1	0,81
2008	57	39	0	1,46
2009	106	108	1	0,98
2010	149	173	8	0,86
2011	156	175	43	0,89
2012	0	0	354	-
<b>b) Tacon exposé au milieu naturel, âge 2</b>				
2000	2	5	0	0,40
2001	22	41	2	0,54
2002	8	37	0	0,22
2003	2	13	1	0,15
2004	14	24	0	0,58
2005	0	4	0	-
2006	9	22	1	0,41
2007	7	43	0	0,16
2008	22	51	1	0,43
2009	8	54	0	0,15
2010	9	32	1	0,28
2011	0	0	69	-
2012	0	0	0	-
<b>c) Saumoneaux</b>				
2000	0	0	0	-
2001	0	4	0	-
2002	18	28	2	0,64
2003	10	4	0	2,50
2004	127	57	1	2,23
2005	70	0	0	-
2006	133	39	2	3,41
2007	128	22	0	5,82
2008	4	1	0	4,00
2009	9	0	0	-
2010	0	0	0	-
2011	0	0	0	-
2012	0	0	0	-
<b>d) Saumons élevés en captivité</b>				
2000	91	81	248	1,12
2001	95	47	190	2,02
2002	150	122	26	1,23
2003	117	119	165	0,98
2004	40	49	0	0,82



---

<b>Année initiale</b>	<b>Femelles (F)</b>	<b>Mâles (M)</b>	<b>Sexe inconnu</b>	<b>Ratio (F/M)</b>
2005	89	77	1	1,16
2006	49	35	0	1,40
2007	104	96	0	1,08
2008	93	102	2	0,91
2009	103	97	0	1,06
2010	93	102	3	0,91
2011	61	73	6	0,84
2012	0	0	128	-

---

Tableau 5. Taille moyenne ( $\pm$  un écart-type) de la famille au moment du rejet des alevins et à la capture, et pourcentage de récupération de la famille (comme approximation de la survie dans la nature) pour les tacons de saumon l'Atlantique exposés au milieu naturel prélevés dans la rivière Pembroke et présentés par année de frai. Les tirets (-) indiquent des cellules vides ou blanches.

Année initiale	Taille de la famille au moment de la remise des alevins dans la nature	Taille de la famille à la capture			Pourcentage de récupération/survie de la famille (%)			Tacons recueillis		
		Tacons d'âge 1	Tacons d'âge 2	Tous les âges	Rejet à l'âge 1	Rejet à l'âge 2	Âge 1 à âge 2	Âge 1	Âge 2	Total
2000	-	0	0,04 $\pm$ 0,22	0,10 $\pm$ 0,37	-	-	-	0	7	17
2001	-	0,07 $\pm$ 0,34	0,57 $\pm$ 1,03	0,69 $\pm$ 1,22	-	-	50,00 $\pm$ 54,77	8	65	79
2002	-	1,28 $\pm$ 2,92	0,39 $\pm$ 0,95	1,70 $\pm$ 3,48	-	-	63,82 $\pm$ 91,77	147	45	195
2003	-	0,56 $\pm$ 1,30	0,12 $\pm$ 0,55	0,68 $\pm$ 1,57	-	-	22,62 $\pm$ 74,34	75	16	91
2004	-	0,77 $\pm$ 1,48	0,21 $\pm$ 0,63	0,99 $\pm$ 1,81	-	-	24,34 $\pm$ 66,25	136	38	176
2005	-	0,58 $\pm$ 1,99	0,03 $\pm$ 0,16	0,60 $\pm$ 1,99	-	-	6,25 $\pm$ 24,59	84	4	88
2006	110*	0,75 $\pm$ 1,08	0,18 $\pm$ 0,46	0,97 $\pm$ 1,26	0,70 $\pm$ 1,02**	0,17 $\pm$ 0,43**	18,72 $\pm$ 40,38	130	32	168
2007	120*	1,06 $\pm$ 1,11	0,37 $\pm$ 0,56	1,57 $\pm$ 1,34	0,91 $\pm$ 0,96**	0,32 $\pm$ 0,48**	31,86 $\pm$ 49,55	144	50	215
2008	137 $\pm$ 33	0,92 $\pm$ 1,15	0,71 $\pm$ 0,99	1,70 $\pm$ 1,87	0,64 $\pm$ 0,79	0,49 $\pm$ 0,69	55,18 $\pm$ 67,17	96	74	178
2009	146 $\pm$ 15	2,09 $\pm$ 2,42	0,60 $\pm$ 0,91	2,71 $\pm$ 2,85	1,42 $\pm$ 1,64	0,41 $\pm$ 0,63	41,32 $\pm$ 70,45	215	62	279
2010	173 $\pm$ 24	2,95 $\pm$ 2,27	0,38 $\pm$ 0,65	3,37 $\pm$ 2,49	1,71 $\pm$ 1,27	0,21 $\pm$ 0,37	16,35 $\pm$ 34,15	330	42	377
2011	328 $\pm$ 77	3,78 $\pm$ 3,01	0,70 $\pm$ 0,95	-	1,16 $\pm$ 0,87	0,22 $\pm$ 0,37	23,51 $\pm$ 45,79	374	69	453
2012	325 $\pm$ 102	3,40 $\pm$ 3,05	-	-	1,03 $\pm$ 0,84	-	-	354	0	354
2013	367 $\pm$ 42	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2014	349 $\pm$ 30	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2015	359 $\pm$ 46	-	-	-	-	-	-	-	-	-

\* La taille de la famille au rejet n'était pas connue; par conséquent, le nombre initial d'individus EQU prélevés par famille au moment du choc a été ajusté à l'aide du taux de survie moyen (96,6 %) entre le moment du choc et avant la remise dans la nature.

\*\* Calculé à l'aide de l'estimation de la taille de la famille au moment du rejet des alevins pour T1 dans la formule 3.

Tableau 6. Statistiques des tests pour l'ANOVA et l'ANOVA de Welch, y compris la valeur p, la taille de l'effet éta carré et l'intervalle de confiance de 95 % pour éta carré, pour chaque année d'analyse.

Variable indépendante	Variable dépendante	Numéro de la figure	Année	Valeur de p	Êta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % Intervalle pour $\eta^2$
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 1+	26	2009	0,9111	0,0061	0–0,0302
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 1+	26	2010	0,7244	0,0128	0–0,0555
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 1+	26	2011	0,2244	0,0548	0–0,1471
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 1+	26	2012	0,5345	0,0297	0–0,1039
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 1+	27	2009	0,9704	<0,0001	0–0,0037
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 1+	27	2010	0,8411	0,0004	0–0,0342
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 1+	27	2011	0,2770	0,0149	0–0,1035
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 1+	27	2012	0,8149	0,0007	0–0,0509
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 2+	28	2009	0,5072	0,0263	0–0,0915
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 2+	28	2010	0,0878	0,0619	0–0,1474
Milieu d'élevage par.	Survie 0+ à 2+	28	2011	0,5775	0,0249	0–0,0912
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 2+	29	2009	0,9413	<0,0001	0–0,0184
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 2+	29	2010	0,1838	0,0169	0–0,0933
Milieu d'élevage par. maternel	Survie 0+ à 2+	29	2011	0,2057	0,0199	0–0,1136
Milieu d'élevage par. maternel	Long. Fam., 1+	32	2011	0,1718	0,0282	0–0,1392
Milieu d'élevage par. maternel	Long. Fam., 1+	32	2012	0,0007	0,1692	0,0337–0,3276
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	2011	0,6796	0,0230	0–0,0991
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	2012	0,0167	0,1684	0,0055–0,3147
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	2011	0,9356	0,0057	0–0,0284
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	2012	0,0146	0,1735	0,0079–0,3201
Milieu d'élevage par. maternel	Poids Fam., 1+	35	2011	0,4842	0,0072	0–0,0892
Milieu d'élevage par. maternel	Poids Fam., 1+	35	2012	0,0004	0,1805	0,0401–0,3390
Croisement, éloigné auto, NMB	Survie 0+ à 1+	54	2009	0,0368	0,0433	0–0,1423
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.F, 4+	55	2007	0,4704	0,0330	0–0,2880
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.F, 4+	55	2008	0,5071	0,0159	0–0,1868
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.F, 4+	55	2009	0,7561	0,0022	0–0,0911
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.M, 4+	56	2007	0,8680	0,0009	0–0,0950
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.M, 4+	56	2008	0,0936	0,2165	0–0,5177
Croisement, éloigné auto, NMB	Long. Fam.M, 4+	56	2009	0,4212	0,0176	0–0,1647
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.F, 4+	57	2007	0,2430	0,0841	0–0,3623
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.F, 4+	57	2008	0,4136	0,0240	0–0,2062
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.F, 4+	57	2009	0,5762	0,0070	0–0,1178
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.M, 4+	58	2007	0,9566	0,0001	0–0,0334
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.M, 4+	58	2008	0,4692	0,0445	0–0,3439
Croisement, éloigné auto, NMB	Poids Fam.M, 4+	58	2009	0,4902	0,0133	0–0,1561
Croisement, éloigné auto, GAK	Survie, choc à 0+	59	2013	0,1099	0,0416	0–0,1260
Croisement, éloigné auto, GAK	Long. Fam., 0+	60	2013	0,8685	0,0027	0–0,0322
Croisement, éloigné auto, GAK	Poids Fam., 0+	61	2013	0,2105	0,0295	0–0,1053

Variable indépendante	Variable dépendante	Numéro de la figure	Année	Valeur de $p$	Êta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % Intervalle pour $\eta^2$
Croisement, éloigné auto, GAK	Pourcentage					
	Difformités	62	2013	0,2990	0,0230	0–0,0928
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 1+	76	2009	0,1354	0,1080	0–0,3649
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 1+	76	2010	0,1084	0,0836	0–0,2934
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 1+	76	2011	0,2180	0,0210	0–0,1221
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 1+	76	2012	0,8296	0,0011	0–0,0798
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 2+	77	2009	0,3659	0,0411	0–0,2756
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 2+	77	2010	0,3127	0,0340	0–0,2189
Croisement, HybUE, STW	Survie 0+ à 2+	77	2011	0,7752	0,0011	0–0,0575

Milieu d'élevage par. = milieu d'élevage des parents ou milieu d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces auquel ont été exposés les parents maternel et paternel d'une famille

Milieu d'élevage par. maternel = milieu d'élevage du parent maternel ou milieu d'élevage aux stades juvéniles précoces auquel a été exposé le parent maternel d'une famille

Survie 0+ à 1+ = moyenne familiale du pourcentage de survie dans la nature, du rejet à l'âge 0+ à l'âge 1+

Long. Fam., 1+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 1+

Poids Fam., 1+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 1+

Croisement, éloigné auto, NMB = type de croisement, éloigné (NMB x STW) ou autocroisement STW (STW x STW)

Long. Fam.F, 4+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 4+, femelles uniquement

Long. Fam.M, 4+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 4+, mâles uniquement

Poids Fam.F, 4+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 4+, femelles uniquement

Poids Fam.M, 4+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 4+, mâles uniquement

Croisement, éloigné auto, GAK = type de croisement, éloigné (STW x GAK) ou autocroisement GAK (GAK x GAK) ou autocroisement STW (STW x STW)

Survie, choc à 0+ = moyenne familiale du pourcentage de survie en captivité, du choc (stade de l'œuf) à avant le rejet à l'âge 0+

Long. Fam., 0+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 0+

Poids Fam., 0+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 0+

Pourcentage Difformités = moyenne familiale du pourcentage de difformités

Croisement, HybUE, STW = type de croisement, hybride UE x STW ou STW x STW

Survie 0+ à 2+ = moyenne familiale du pourcentage de survie dans la nature, du rejet à l'âge 0+ à l'âge 2+

Tableau 7. Statistiques des tests pour l'ANOVA des effets fixes non équilibrés, y compris les valeurs de *p* pour l'effet du groupe du milieu d'élevage et l'effet du sous-groupe de la famille dans le milieu d'élevage, pour chaque année d'analyse.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Valeur de <i>p</i> du milieu d'élevage	Valeur de <i>p</i> de la famille dans le milieu d'élevage
Milieu d'élevage par.	Long. ind., 1+	31	2011	0,7300	<0,0001
Milieu d'élevage par.	Long. ind., 1+	31	2012	0,0044	<0,0001
Milieu d'élevage par.	Poids ind., 1+	34	2011	0,9351	<0,0001
Milieu d'élevage par.	Poids ind., 1+	34	2012	0,0032	<0,0001

Milieu d'élevage par. = milieu d'élevage des parents ou milieu d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces auquel ont été exposés les parents maternel et paternel d'une famille

Long. ind., 1+ = longueur individuelle des tacons, par famille, à l'âge 1+

Poids ind., 1+ = poids individuel des tacons, par famille, à l'âge 1+

Tableau 8. Statistiques des tests post hoc de Games-Howell pour l'ANOVA, l'ANOVA de Welch et l'ANOVA des effets fixes non équilibrés, y compris les groupes comparés, les valeurs de p et l'intervalle de confiance de 95 % pour la différence entre les moyennes pour l'année d'analyse 2012.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Groupe 1	Groupe 2	Valeur de p	Intervalle de confiance de 95 %
						Intervalle pour les moyennes
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	EMN x EMN	EMN x CAP	0,9441	-0,3149–0,4805
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	EMN x EMN	CAP x EMN	0,0995	-0,0460–0,7119
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	EMN x EMN	CAP x CAP	0,0185	0,0612–0,8163
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	EMN x CAP	CAP x EMN	0,3103	-0,1427–0,6431
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	EMN x CAP	CAP x CAP	0,0845	-0,0365–0,7474
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	30	CAP x EMN	CAP x CAP	0,8459	-0,2737–0,4843
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	EMN x EMN	EMN x CAP	0,7587	-0,1468–0,3265
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	EMN x EMN	CAP x EMN	0,0182	0,0441–0,6321
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	EMN x EMN	CAP x CAP	0,0040	0,1343–0,8684
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	EMN x CAP	CAP x EMN	0,1450	-0,0550–0,5515
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	EMN x CAP	CAP x CAP	0,0262	0,0374–0,7856
Milieu d'élevage par.	Long. Fam., 1+	31	CAP x EMN	CAP x CAP	0,7111	-0,2447–0,5713
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	EMN x EMN	EMN x CAP	0,8464	-0,0006–0,0011
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	EMN x EMN	CAP x EMN	0,0310	0,0001–0,0016
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	EMN x EMN	CAP x CAP	0,0217	0,0001–0,0018
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	EMN x CAP	CAP x EMN	0,2410	-0,0003–0,0014
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	EMN x CAP	CAP x CAP	0,1617	-0,0002–0,0016
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	33	CAP x EMN	CAP x CAP	0,9752	-0,0007–0,0009
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	EMN x EMN	EMN x CAP	0,4300	-0,0002–0,0008
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	EMN x EMN	CAP x EMN	0,0101	0,0002–0,0015
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	EMN x EMN	CAP x CAP	0,0103	0,0002–0,0018
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	EMN x CAP	CAP x EMN	0,2083	-0,0002–0,0012

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Groupe 1	Groupe 2	Valeur de <i>p</i>	Intervalle de confiance de 95 %
						Intervalle pour les moyennes
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	EMN x CAP	CAP x CAP	0,1220	-0,0001–0,0015
Milieu d'élevage par.	Poids Fam., 1+	34	CAP x EMN	CAP x CAP	0,9391	-0,0007–0,0011

Milieu d'élevage par. = milieu d'élevage des parents ou milieu d'élevage des parents aux stades juvéniles précoces

Long. Fam., 1+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 1+

Poids fam., 1+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 1+

Tableau 9. Statistiques des essais pour l'analyse du coefficient de corrélation du rang de Kendall, y compris tau, la valeur de p, la taille de l'effet éta carré et l'intervalle de confiance de 95 % pour éta carré, pour chaque année d'analyse.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Tau	Valeur de p	Éta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % pour $\eta^2$
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 1+	36	2009	0,41	0,1599	0,3627	0–0,6486
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 1+	36	2010	0,12	0,4239	0,0347	0–0,2273
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 1+	36	2011	0,23	0,0237	0,1300	0,0094–0,3012
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 1+	36	2012	0,04	0,7146	0,0032	0–0,0831
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 2+	37	2009	0,11	0,7389	0,0302	0–0,3705
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 2+	37	2010	0,12	0,4530	0,0377	0–0,2328
Durée élev. capt. juv.	Survie 0+ à 2+	37	2011	-0,21	0,0599	0,1036	0,0025–0,2688
Gén. progr.	Survie 0+ à 1+	39	2009	-0,05	0,5308	0,0065	0–0,0753
Gén. progr.	Survie 0+ à 1+	39	2010	-0,17	0,0242	0,0707	0,0061–0,1788
Gén. progr.	Survie 0+ à 1+	39	2011	-0,16	0,0626	0,0648	0,0006–0,1876
Gén. progr.	Survie 0+ à 1+	39	2012	0,08	0,3540	0,0170	0–0,1119
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 1+	41	2009	0,07	0,5526	0,0134	0–0,1641
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 1+	41	2010	0,27	0,0018	0,1698	0,0379–0,3227
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 1+	41	2011	0,07	0,3918	0,0129	0–0,1103
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 1+	41	2012	0,11	0,3089	0,0313	0–0,1845
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 2+	42	2009	-0,005	0,9730	<0,0001	0–0,0149
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 2+	42	2010	0,02	0,8742	0,0006	0–0,0505
Moyenne AM. par.	Survie 0+ à 2+	42	2011	0,12	0,1858	0,0351	0–0,1553
Moyenne AM. par.	Survie 1+ à 2+	43	2009	-0,18	0,2758	0,0750	0–0,3147
Moyenne AM. par.	Survie 1+ à 2+	43	2010	-0,04	0,6802	0,0043	0–0,0895
Moyenne AM. par.	Survie 1+ à 2+	43	2011	0,13	0,1773	0,0423	0–0,1782
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2007	0,01	0,9430	0,0002	0–0,0521
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2008	0,06	0,5378	0,0099	0–0,1157
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2009	0,04	0,7680	0,0035	0–0,1232
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2010	0,01	0,8794	0,0005	0–0,0474
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2011	-0,13	0,1760	0,0382	0–0,1606
Moyenne AM. par.	Survie œuf à 4+	44	2012	0,05	0,7053	0,0051	0–0,1184
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2007	-0,04	0,7421	0,0030	0–0,1170
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2008	0,004	0,9685	<0,0001	0–0,0103
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2009	-0,07	0,4692	0,0129	0–0,1627
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2010	0,01	0,8981	0,0003	0–0,0408
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2011	-0,14	0,1099	0,0486	0–0,1773
AM par. mat.	Survie œuf à 4+	45	2012	-0,03	0,7283	0,0029	0–0,1050
F (descendants)	Survie 0+ à 1+	46	2009	0,06	0,6840	0,0088	0–0,0820



Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Tau	Valeur de p	Êta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % pour $\eta^2$
F (descendants)	Survie 0+ à 1+	46	2010	-0,06	0,5667	0,0081	0-0,0726
F (descendants)	Survie 0+ à 1+	46	2011	-0,06	0,5328	0,0093	0-0,0894
F (descendants)	Survie 0+ à 1+	46	2012	0,05	0,6728	0,0069	0-0,0860
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2010	0,004	0,9632	<0,0001	0-0,0128
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2011	0,02	0,7817	0,0015	0-0,0572
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2012	0,06	0,5601	0,0075	0-0,0877
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2013	-0,07	0,4416	0,0128	0-0,1031
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2014	0,04	0,7162	0,0032	0-0,0739
F (descendants)	Pourcentage Difformités	50	2015	-0,07	0,3961	0,0137	0-0,0941
H (descendants)	Survie 0+ à 1+	51	2009	-0,18	0,1754	0,0784	0,0050-0,2021
H (descendants)	Survie 0+ à 1+	51	2010	0,14	0,1218	0,0498	0,0002-0,1510
H (descendants)	Survie 0+ à 1+	51	2011	0,07	0,4253	0,0127	0-0,0983
H (descendants)	Survie 0+ à 1+	51	2012	0,03	0,8115	0,0020	0-0,0640
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2010	-0,02	0,8158	0,0008	0-0,0418
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2011	-0,08	0,3520	0,0145	0-0,1017
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2012	0,09	0,3143	0,0204	0-0,1191
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2013	0,02	0,8590	0,0007	0-0,0508
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2014	0,16	0,0762	0,0610	0-0,1905
H (descendants)	Pourcentage Difformités	53	2015	-0,11	0,1776	0,0301	0-0,1279
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2008	-0,01	0,9428	0,0001	0-0,0243
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2009	0,18	0,0451	0,0798	0,0064-0,2002
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2010	-0,03	0,7212	0,0019	0-0,0503
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2011	0,14	0,1084	0,0500	0-0,1663
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2012	-0,09	0,3324	0,0191	0-0,1166
Âge, paternel	Survie, choc à 0+	67	2013	0,01	0,9042	0,0003	0-0,0415
Âge, paternel	Survie 0+ à 1+	68	2009	-0,07	0,4387	0,0107	0-0,0869
Âge, paternel	Survie 0+ à 1+	68	2010	0,16	0,0401	0,0636	0,0040-0,1691
Âge, paternel	Survie 0+ à 1+	68	2011	-0,005	0,9584	<0,0001	0-0,0177
Âge, paternel	Survie 0+ à 1+	68	2012	-0,17	0,0651	0,0709	0,0011-0,2004
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2008	0,12	0,2112	0,0325	0-0,1309
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2009	0,19	0,0409	0,0871	0,0088-0,2096
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2010	-0,04	0,6098	0,0040	0-0,0600
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2011	0,27	0,0030	0,1716	0,0459-0,3142
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2012	-0,03	0,7268	0,0025	0-0,0672
Âge, maternel	Survie, choc à 0+	73	2013	0,11	0,2726	0,0275	0-0,1340
Âge, maternel	Survie 0+ à 1+	74	2009	0,38	<0,0001	0,3224	0,1697-0,4525

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Tau	Valeur de p	Éta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % pour $\eta^2$
Âge, maternel	Survie 0+ à 1+	74	2010	0,36	<0,0001	0,2867	0,1488–0,4110
Âge, maternel	Survie 0+ à 1+	74	2011	0,43	<0,0001	0,3875	0,2218–0,5164
Âge, maternel	Survie 0+ à 1+	74	2012	0,24	0,0087	0,1377	0,0248–0,2820
Superficie des œufs	Survie 0+ à 1+	75	2011	0,44	<0,0001	0,4106	0,1745–0,5743
Superficie des œufs	Survie 0+ à 1+	75	2012	0,33	<0,0001	0,2454	0,0904–0,3940

Durée élev. capt. juv. = durée cumulative de l'élevage en captivité aux stades juvéniles subie par les parents et grands-parents immédiats d'une famille donnée

Survie 0+ à 1+ = moyenne familiale du pourcentage de survie dans la nature, du rejet à l'âge 0+ à l'âge 1+

Gén. progr. = nombre de générations du programme ou de générations de reproduction et d'élevage en captivité

Moyenne AM. par. = moyenne de l'apparement moyen parental

Survie 0+ à 2+ = moyenne familiale du pourcentage de survie dans la nature, du rejet à l'âge 0+ à l'âge 2+

Survie 1+ à 2+ = moyenne familiale du pourcentage de survie dans la nature, de l'âge 1+ à l'âge 2+

Survie œuf à 4+ = moyenne familiale du pourcentage de survie en captivité, du choc (stade de l'œuf) à l'âge 4+; l'âge des adultes est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu

AM par. mat. = apparement moyen du parent maternel

F (descendants) = consanguinité généalogique pour les descendants/la famille

Pourcentage Difformités = moyenne familiale du pourcentage de difformités

H (descendants) = hétérozygosité gén. mol. obs. prév. desc., ou hétérozygosité observée prévue chez les descendants/la famille d'après les données génétiques moléculaires pour les parents

Âge, paternel = âge du parent paternel au moment du frai

Survie, choc à 0+ = moyenne familiale du pourcentage de survie en captivité, du choc (stade de l'œuf) à avant le rejet à l'âge 0+

Superficie des œufs = superficie des œufs, en mm<sup>2</sup>

Tableau 10. Statistiques des essais pour les analyses de régression linéaire, y compris la pente, la valeur de  $p$ , la taille de l'effet éta carré et l'intervalle de confiance de 95 % pour éta carré, pour chaque année d'analyse.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Pente	Valeur de $p$	Êta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % pour $\eta^2$
Durée élev. capt. juv.	Longueur, 1+	38	2011	0,46	0,4249	0,0139	0–0,1373
Durée élev. capt. juv.	Longueur, 1+	38	2012	-0,68	0,0551	0,0677	0–0,2208
Taille fam., par.	Taille fam., desc.	40	2010	0,4814	0,2522	0,2509	0–0,6158
Taille fam., par.	Taille fam., desc.	40	2011	-0,1733	0,6481	0,0370	0–0,4188
Taille fam., par.	Taille fam., desc.	40	2012	0,2540	0,6489	0,0058	0–0,1298
F (descendants)	Longueur, 1+	47	2011	-4,18	0,6260	0,0043	0–0,0917
F (descendants)	Longueur, 1+	47	2012	12,03	0,6266	0,0886	0–0,5499
F (descendants)	Poids, 1+	48	2011	-0,02	0,4194	0,3371	0–0,7035
F (descendants)	Poids, 1+	48	2012	0,02	0,6883	0,0612	0–0,5231
Âge, paternel	Long. Fam., 1+	65	2011	-0,11	0,3239	0,4571	0–0,7523
Âge, paternel	Long. Fam., 1+	65	2012	-0,06	0,4356	0,2116	0–0,6284
Âge, paternel	Poids Fam., 1+	66	2011	-0,0004	0,1783	0,6752	0–0,8432
Âge, paternel	Poids Fam., 1+	66	2012	-0,0001	0,4210	0,2238	0–0,6348
Âge, maternel	Long. Fam., 1+	71	2011	0,42	0,1420	0,9511	0–0,9716
Âge, maternel	Long. Fam., 1+	71	2012	0,16	0,0388	0,8055	0–0,9017
Âge, maternel	Poids Fam., 1+	72	2011	0,001	0,1911	0,9125	0–0,9504
Âge, maternel	Poids Fam., 1+	72	2012	0,0004	0,0041	0,1215	0,0131– 0,2739

Durée élev. capt. juv. = durée cumulative de l'élevage en captivité aux stades juvéniles subie par les parents et grands-parents immédiats d'une famille donnée

Long., 1+ = longueur moyenne de la famille des tacons exposés au milieu naturel à l'âge 1+

Poids, 1+ = poids moyen de la famille des tacons exposés au milieu naturel à l'âge 1+

---

Taille fam., par. = taille moyenne de la famille parentale à l'âge 1+ ou moyenne de la taille familiale maternelle et paternelle d'une famille dans le milieu naturel à l'âge 1+  
Taille fam., desc. = taille std de la famille des descendants à l'âge 1+ ou taille de la famille des descendants dans le milieu naturel à l'âge 1+ normalisée en fonction des légères différences dans les nombres d'individus rejetés entre les familles  
 $F$  (descendants) = consanguinité généalogique pour les descendants/la famille  
Long. Fam., 1+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 1+  
Poids fam., 1+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 1+

Tableau 11. Statistiques des essais pour les analyses de régression linéaire binaire.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Année	Valeur de <i>p</i>
F (descendants)	Incid. difform.	49	2010	0,8170
F (descendants)	Incid. difform.	49	2011	0,7058
F (descendants)	Incid. difform.	49	2012	0,8849
F (descendants)	Incid. difform.	49	2013	0,4409
F (descendants)	Incid. difform.	49	2014	0,7908
F (descendants)	Incid. difform.	49	2015	0,1451
H (descendants)	Incid. difform.	52	2010	0,5675
H (descendants)	Incid. difform.	52	2011	0,7650
H (descendants)	Incid. difform.	52	2012	0,5701
H (descendants)	Incid. difform.	52	2013	0,8989
H (descendants)	Incid. difform.	52	2014	0,2866
H (descendants)	Incid. difform.	52	2015	0,4861

F (descendants) = consanguinité généalogique pour les descendants/la famille

Incid. difform. = incidence des difformités (observée = 1,0 ou non = 0) dans une famille donnée, moyennée sur les familles affichant un degré de consanguinité donné

H (descendants) = hétérozygoté gén. mol. obs. prév. desc., ou hétérozygoté observée prévue chez les descendants/la famille d'après les données génétiques moléculaires pour les parents

Tableau 12. Statistiques des essais pour les analyses de régression linéaire multiple avec la superficie des œufs comme covariable, y compris les valeurs de p pour l'âge du reproducteur et la superficie des œufs, la valeur globale de p, la pente, la taille de l'effet éta carré et l'intervalle de confiance de 95 % pour éta carré, pour chaque année d'analyse.

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse) [autre que la variable de superficie des œufs]	Numéro de la figure	Année	Âge Valeur de p	Superficie des œufs Valeur de p	Valeur globale de p	Pente	Êta carré ( $\eta^2$ )	Intervalle de confiance de 95 % pour $\eta^2$
Âge, paternel	Long. Fam., 0+	63	2012	0,7310	<0,0001	<0,0001	-0,04	0,6764	0,5394–0,7506
Âge, paternel	Long. Fam., 0+	63	2013	0,8368	<0,0001	<0,0001	-0,05	0,4000	0,2167–0,5254
Âge, paternel	Poids Fam., 0+	64	2012	0,7162	<0,0001	<0,0001	0,0006	0,8001	0,7085–0,8465
Âge, paternel	Poids Fam., 0+	64	2013	0,9481	<0,0001	<0,0001	-0,0003	0,4744	0,2951–0,5881
Âge, maternel	Long. Fam., 0+	69	2012	0,0300	<0,0001	<0,0001	0,26	0,6968	0,5665–0,7665
Âge, maternel	Long. Fam., 0+	69	2013	0,9487	<0,0001	<0,0001	-0,02	0,3997	0,2163–0,5251
Âge, maternel	Poids Fam., 0+	70	2012	0,0023	<0,0001	<0,0001	0,006	0,8244	0,7429–0,8652
Âge, maternel	Poids Fam., 0+	70	2013	0,4451	<0,0001	<0,0001	0,003	0,4786	0,2998–0,5916

Âge, paternel = âge du parent paternel

Âge, maternel = âge du parent maternel

Long. Fam., 0+ = moyenne familiale de la longueur moyenne à l'âge 0+

Poids Fam., 0+ = moyenne familiale du poids moyen à l'âge 0+

L'âge de l'adulte ou du parent utilisé est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

Tableau 13. Statistiques des essais pour les G-tests de la qualité de l'ajustement, y compris les groupes comparés, la valeur de  $p$ , la statistique  $V$  de Cramer et l'intervalle de confiance de 95 % pour le  $V$  de Cramer, pour chaque analyse et pour toutes les années combinées. Lignée = hybride UE (F2-F4 UE x STW) ou STW (pure Stewiacke).

Variable indépendante (prédictive)	Variable dépendante (réponse)	Numéro de la figure	Groupe 1	Groupe 2	Année	Valeur de $p$	V de Cramer	Intervalle de confiance à 95 % pour V
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 1+	2009	S,O,	S,O,	S,O,
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 1+	2010	0,0155	0,2777	0,0483–0,5025
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 1+	2011	0,0424	0,1215	0–0,2389
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 1+	2012	0,9592	0,0038	0–0,0737
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 1+	Toutes	0,0085	0,1086	0,0274–0,1894
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 2+	2009	S,O,	S,O,	S,O,
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 2+	2010	S,O,	S,O,	S,O,
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 2+	2011	0,5210	0,0890	0–0,3594
Lignée	Proportion de l'hybride UE	78	Alevins	Âge 2+	Toutes	0,0460	0,2178	0–0,4316

## FIGURES

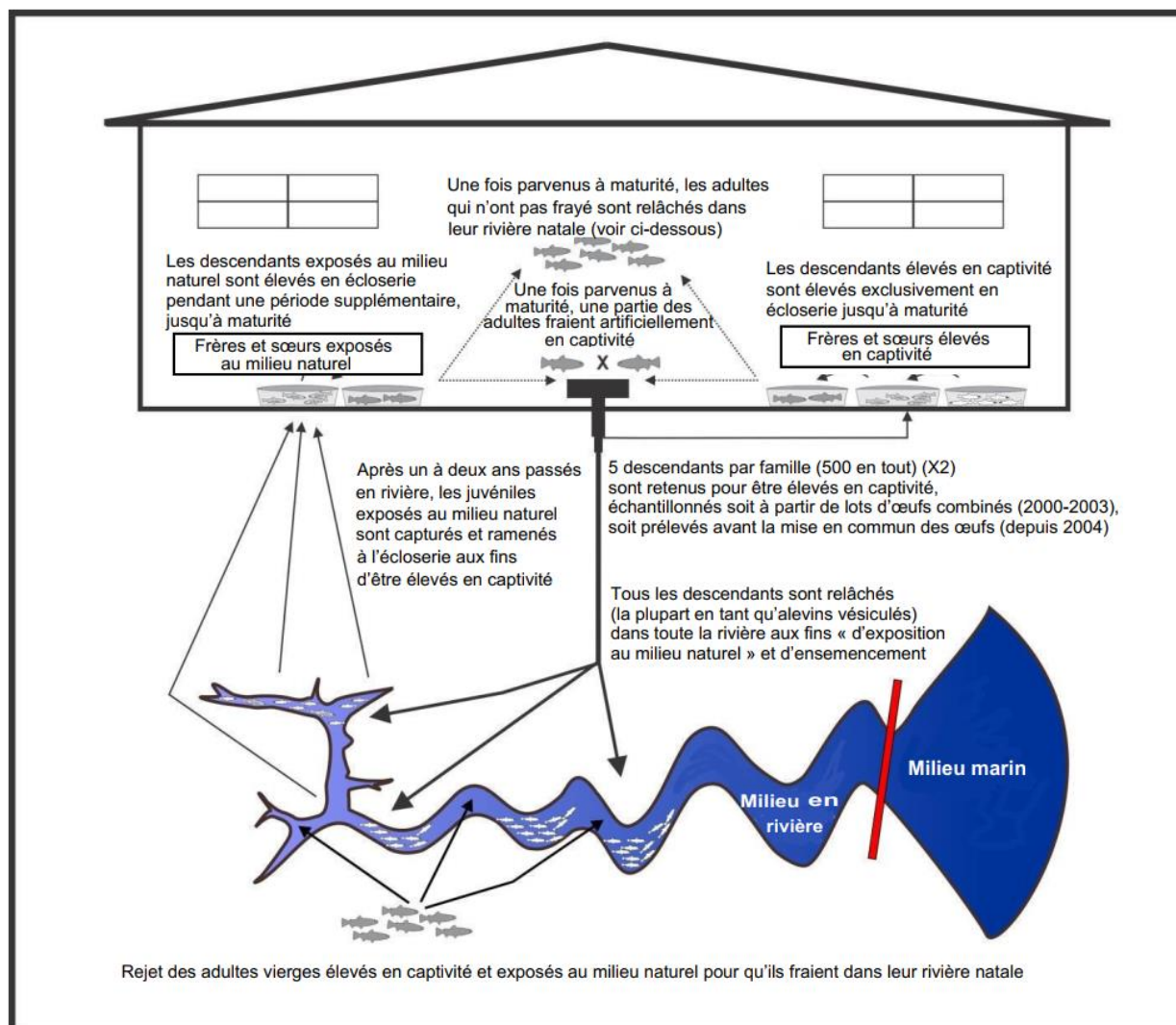


Figure 1. Schéma du programme de conservation initial de l'intérieur de la baie de Fundy, dans la rivière Stewiacke (2000–2005). Tout d'abord, les fondateurs d'origine ont été croisés selon les protocoles de reproduction décrits ici. Deux séries de cinq œufs ont ensuite été prélevées dans chaque famille; la première série a été combinée pour former le groupe A et la deuxième série, le groupe B. Les deux séries de familles ont été élevées en commun, exclusivement en captivité, jusqu'à maturité en tant qu'adultes. Les individus ainsi gérés sont appelés saumons « élevés en captivité ». Presque tous les descendants restants ont été relâchés dans la rivière sous forme d'alevins vésiculés. Après une ou deux années d'exposition aux conditions de la rivière natale, plusieurs centaines de poissons ont été capturés par pêche à l'électricité et ramenés à l'écloserie pour y être élevés en captivité jusqu'à la maturité en tant qu'adultes; tous les juvéniles non capturés ont vécu le reste de leur vie dans un habitat fluvial ou ont dévalé dans les eaux de la baie de Fundy/du golfe du Maine (peu devraient revenir compte tenu des conditions marines actuelles). Ces juvéniles « exposés au milieu naturel » et pêchés à l'électricité ont ensuite été élevés avec leurs frères et sœurs élevés exclusivement en captivité, période au cours de laquelle on a procédé au génotypage et à la détermination de l'ascendance de la totalité ou la plupart des individus des deux groupes. Au moment du frai ou à peu près, une partie des adultes matures (élevés en captivité et exposés au milieu naturel) ont été relâchés dans leur rivière natale pour éventuellement fraier librement dans la nature, tandis que les autres se sont reproduits artificiellement pour produire la prochaine génération de saumon de l'Atlantique de la rivière Stewiacke, dans l'intérieur de la baie de Fundy.



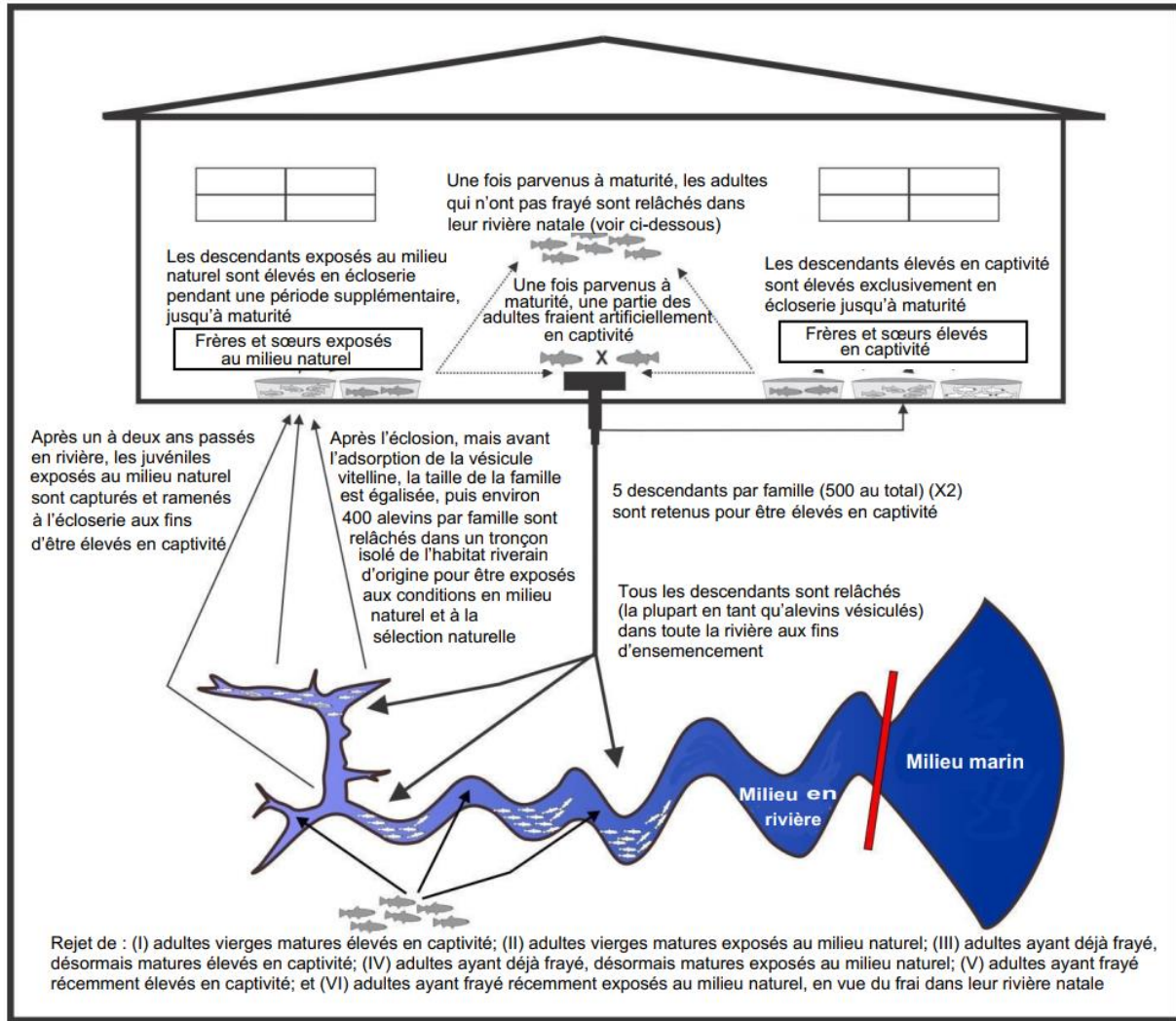


Figure 2. Schéma du programme actuel de la banque de gènes vivants de l'intérieur de la baie de Fundy, dans la rivière Stewiacke (2006+). Les saumons de l'Atlantique sont croisés selon un protocole de reproduction de minimisation de l'apparement moyen décrit ici. Deux séries de cinq œufs sont ensuite prélevées dans chaque famille; la première série a été combinée pour former le groupe A et la deuxième série, le groupe B. Les deux séries de familles ont été élevées en commun, exclusivement en captivité, jusqu'à maturité en tant qu'adultes. Les individus ainsi gérés sont appelés saumons « élevés en captivité ». Quatre cents œufs de chaque famille sont également prélevés et élevés en isolement (par famille) jusqu'après l'éclosion, après quoi tous les alevins survivants sont dénombrés; on minimise la variance de la taille de la famille en retirant des individus des familles plus nombreuses (voir le texte pour plus de renseignements), et tous combinés et mélangés avant d'être relâchés dans la rivière Pembroke, un affluent isolé du réseau hydrographique de la rivière Stewiacke. Après un à deux ans d'exposition aux conditions de leur rivière natale, on capture plusieurs centaines de poissons par pêche à l'électricité pour les ramener à l'écloserie où ils seront élevés en captivité jusqu'à maturité en tant qu'adultes. Ces juvéniles « exposés au milieu naturel » et pêchés à l'électricité sont ensuite élevés avec leurs frères et sœurs élevés exclusivement en captivité, période au cours de laquelle on procède au génotypage et à la détermination de l'ascendance de la totalité ou la plupart des individus des deux groupes. Tous les descendants restants sont relâchés dans la rivière sous forme d'alevins vésiculés à des fins d'ensemencement; après un ou deux ans, la plupart des survivants dévalent dans les eaux de la baie de Fundy/du golfe du Maine (peu devraient revenir compte tenu des conditions marines actuelles). Au moment du frai ou à peu près, une partie des adultes matures (élevés en captivité et exposés au milieu naturel) sont relâchés dans leur rivière natale pour éventuellement frayer librement dans la nature, tandis que les autres sont reproduits artificiellement pour produire la prochaine génération de saumon de l'Atlantique de la rivière Stewiacke, dans l'intérieur de la baie de Fundy.

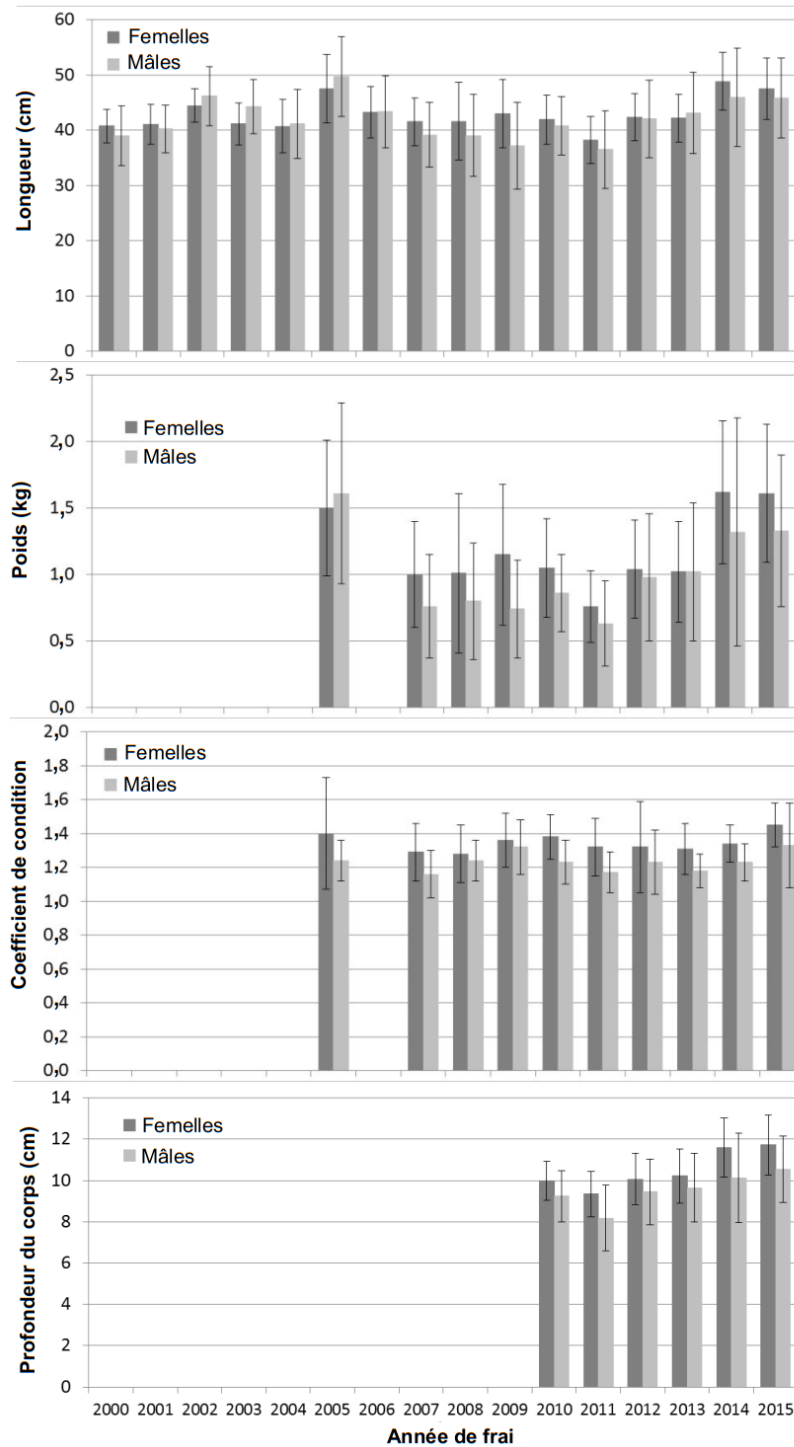


Figure 3. Caractéristiques corporelles moyennes (+/- écart-type) au moment du frai pour tous les saumons de l'Atlantique adultes d'âge 4 (2000–2013) et d'âge 5 (2014–2015). En 2014, le programme de la banque de gènes vivants est passé à la reproduction du saumon exclusivement à l'âge 5; les années précédentes, les saumons se reproduisaient surtout à l'âge 4. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

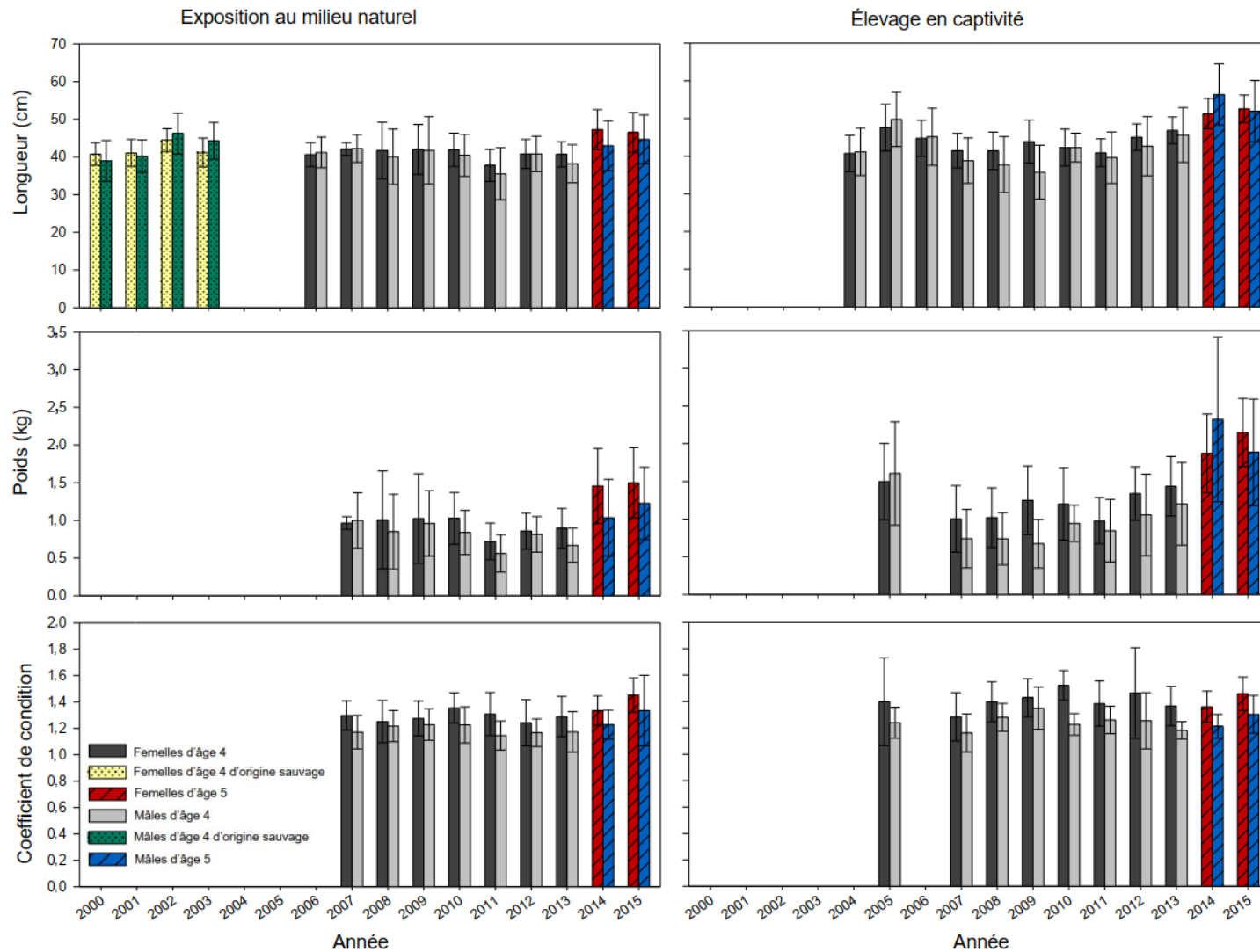


Figure 4. Caractéristiques corporelles moyennes (+/- écart-type) au moment du frai pour les saumons de l'Atlantique adultes d'origine sauvage, exposés au milieu naturel et élevés en captivité, à l'âge 4 (2000–2013) et à l'âge 5 (2014–2015). En 2014, le programme de la banque de gènes vivants est passé d'un programme axé principalement sur la reproduction des adultes d'âge 4 à un programme axé uniquement sur l'âge 5. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

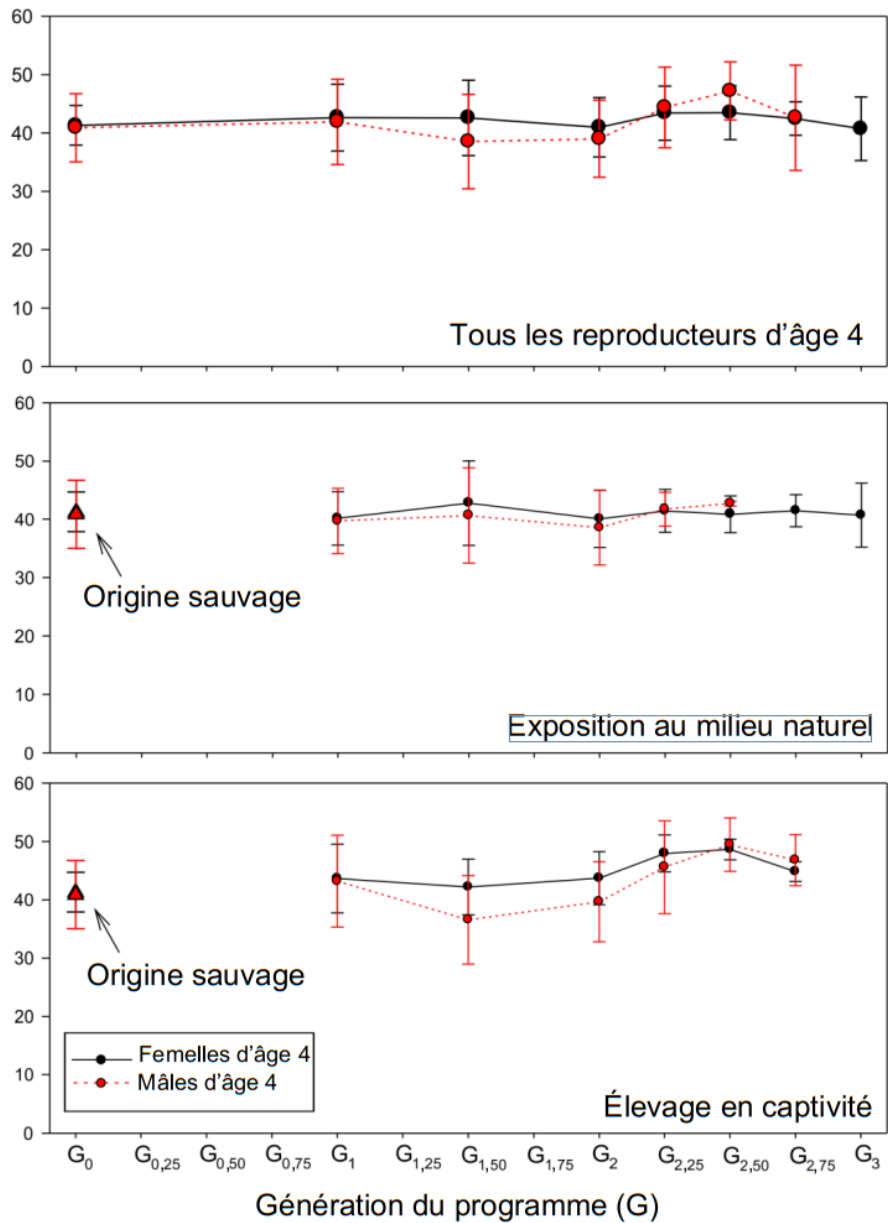


Figure 5. Longueur à la fourche moyenne ( $\pm$  écart-type) au moment du frai pour tous les saumons de l'Atlantique adultes reproducteurs, d'origine sauvage, exposés au milieu naturel et élevés en captivité, à l'âge 4, pendant les générations du programme de la banque de gènes vivants. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

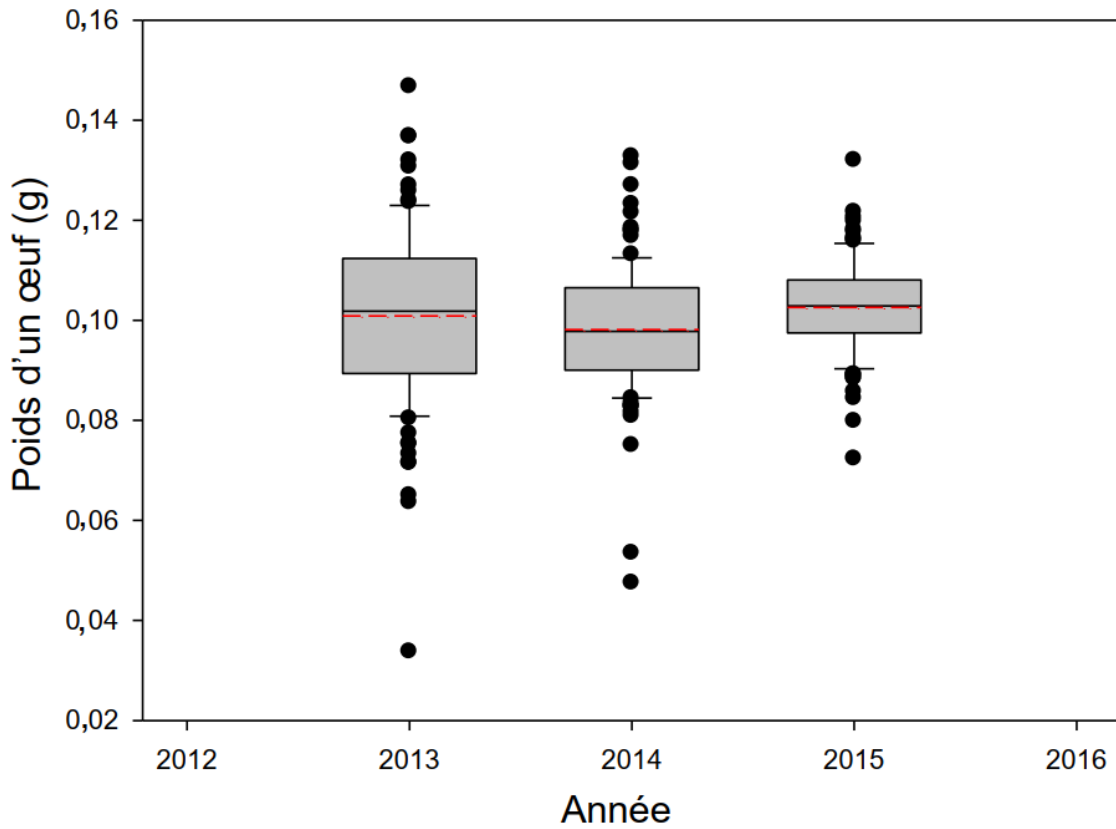
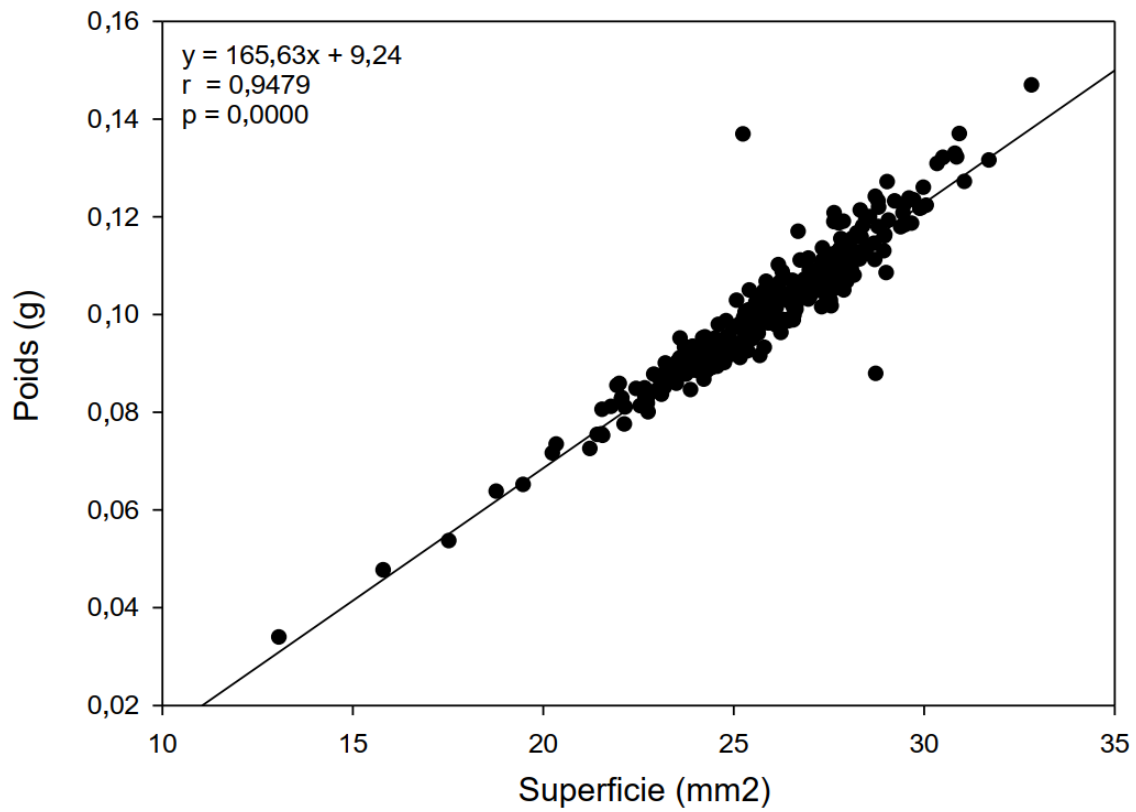


Figure 6. Poids moyen des œufs (g) des familles de saumons de l'Atlantique pour chaque année initiale du programme de la banque de gènes vivants. Les boîtes à moustaches représentent les centiles 10, 25, 75 et 90, la ligne noire indique la médiane et la ligne rouge pointillée, la moyenne.



*Figure 7. Corrélation propre à la famille du poids des œufs (g) et de la superficie des œufs (mm<sup>2</sup>) pour les familles de saumons de l'Atlantique, les années initiales 2013–2015 du programme de la banque de gènes vivants.*

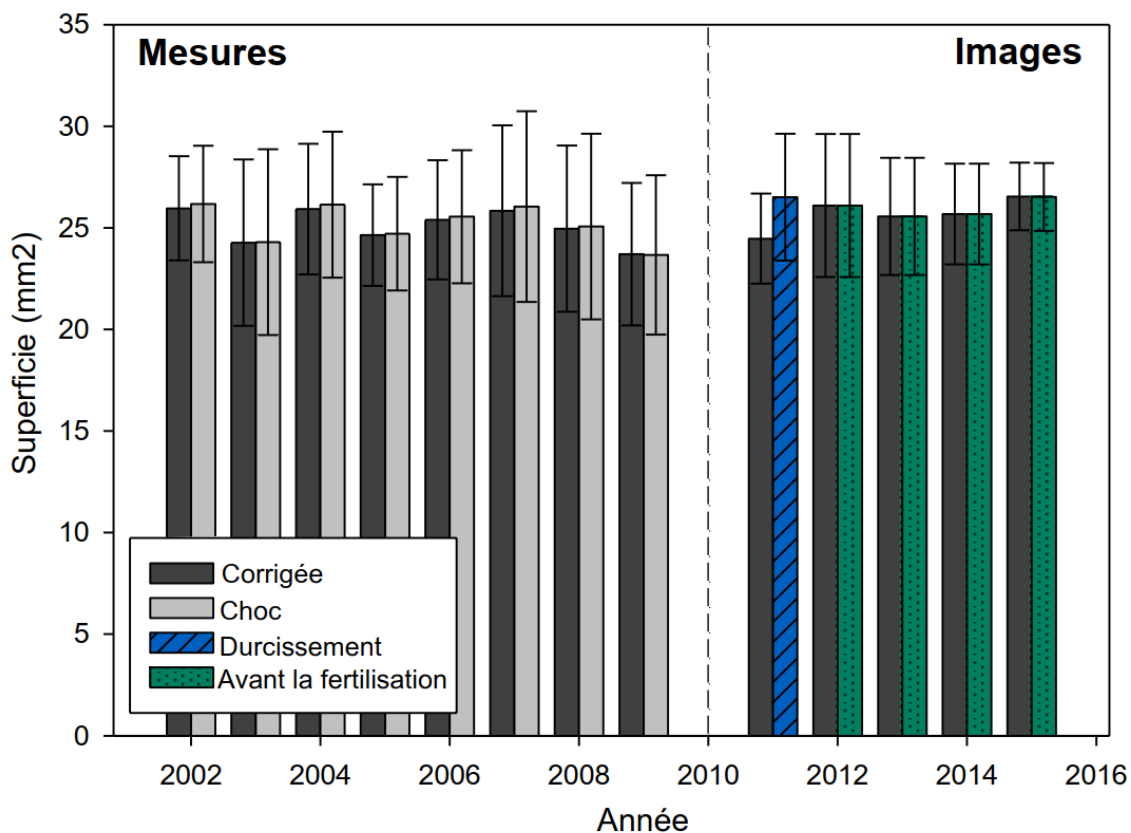


Figure 8. Superficie moyenne ( $\pm$  écart-type) des œufs ( $\text{mm}^2$ ) de saumon de l'Atlantique issus de couples reproducteurs prescrits dans le programme de la banque de gènes vivants. Avant 2010, on calculait la superficie des œufs à partir des diamètres moyens des œufs mesurés dans une vingtaine de familles sélectionnées au stade œillé (c.-à-d. choc). Aucun superficie/diamètre d'œufs n'a été enregistré pour 2010. Après 2010, on a calculé la superficie des œufs à partir des images de toutes les familles à l'aide du programme ImageJ; des images ont été prises d'œufs avant la fertilisation toutes les années, sauf en 2011, où ils ont été photographiés après durcissement. Deux facteurs de correction (voir les figures A1-A3 à l'annexe) ont été appliqués, d'abord pour normaliser les deux méthodes utilisées et ensuite pour normaliser les superficies des œufs à un stade pré-fertilisation, indiqué par les barres foncées.

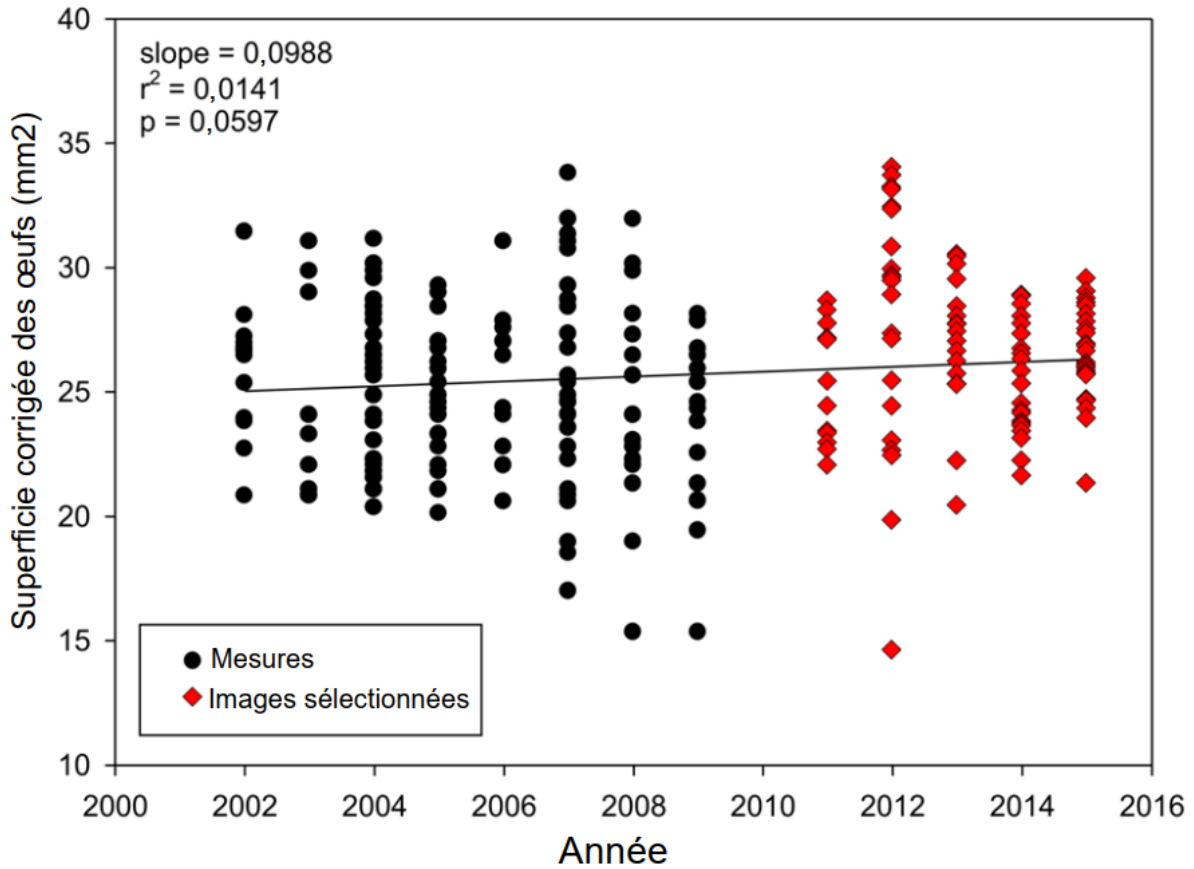


Figure 9. Régression de la superficie des œufs de familles de saumons de l'Atlantique sur les années du programme de la banque de gènes vivants, corrigée en fonction de la méthode et normalisée à un stade préfertilisation. De 2002 à 2009, on a calculé la superficie des œufs à partir des diamètres moyens des œufs mesurés dans une vingtaine de familles sélectionnées au stade œillé (c.-à-d. choc); après 2010, on l'a calculée à partir des images de toutes les familles à l'aide du programme ImageJ. Pour les années où tous les croisements ont été analysés (2011–2015), seules les données d'une vingtaine de croisements sélectionnés sont présentées, selon les mêmes critères de sélection que les années précédentes.



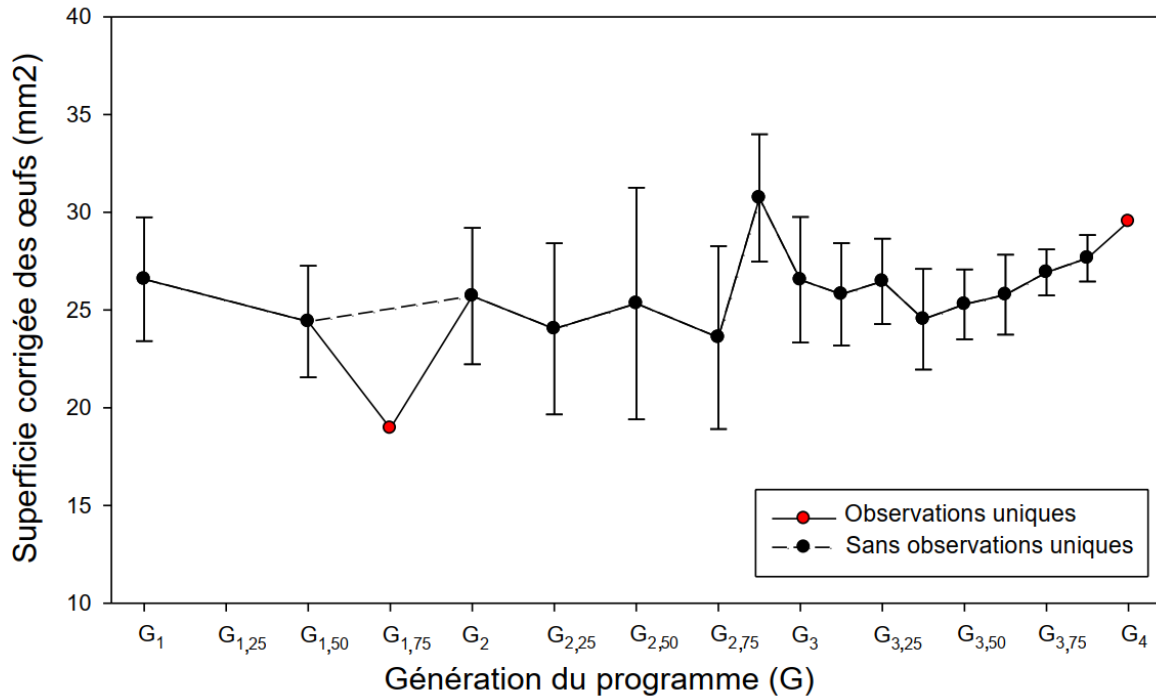


Figure 10. Superficie moyenne ( $\pm$  écart-type) des œufs (mm<sup>2</sup>) de familles de saumons de l'Atlantique pendant toutes les générations du programme de la banque de gènes vivants. Des facteurs de correction ont été appliqués (voir l'annexe) pour normaliser la méthode et le stade de développement des œufs.

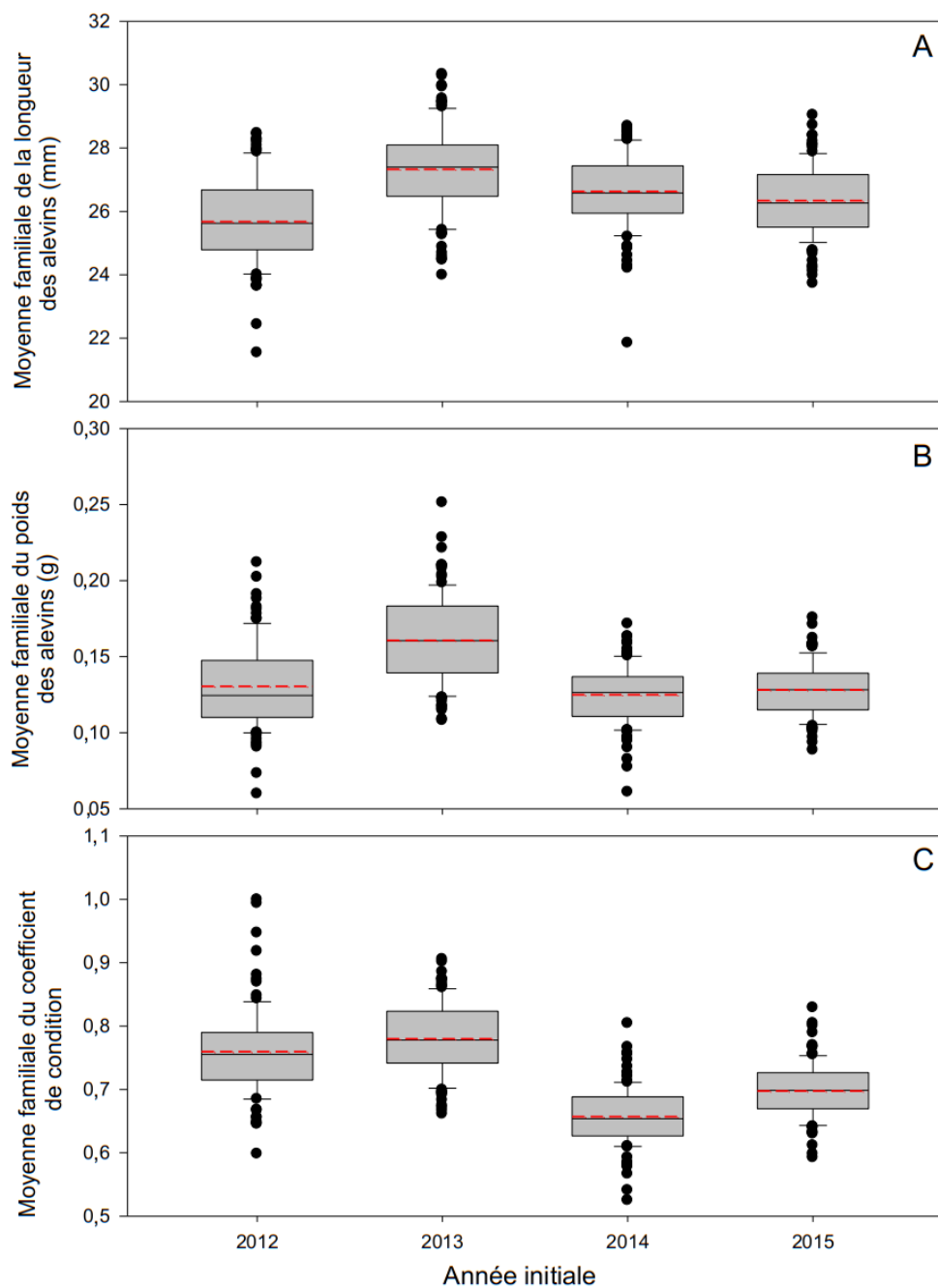


Figure 11. Caractéristiques corporelles moyennes d'une famille (15 à 20 alevins par famille) – A) longueur, B) poids et C) coefficient de condition, pour les alevins de saumon de l'Atlantique issus de familles faisant partie du programme de la banque de gènes vivants. Les boîtes à moustaches représentent la médiane (ligne noire pleine), la moyenne (ligne rouge pointillée) et les centiles 10, 25, 75 et 90.

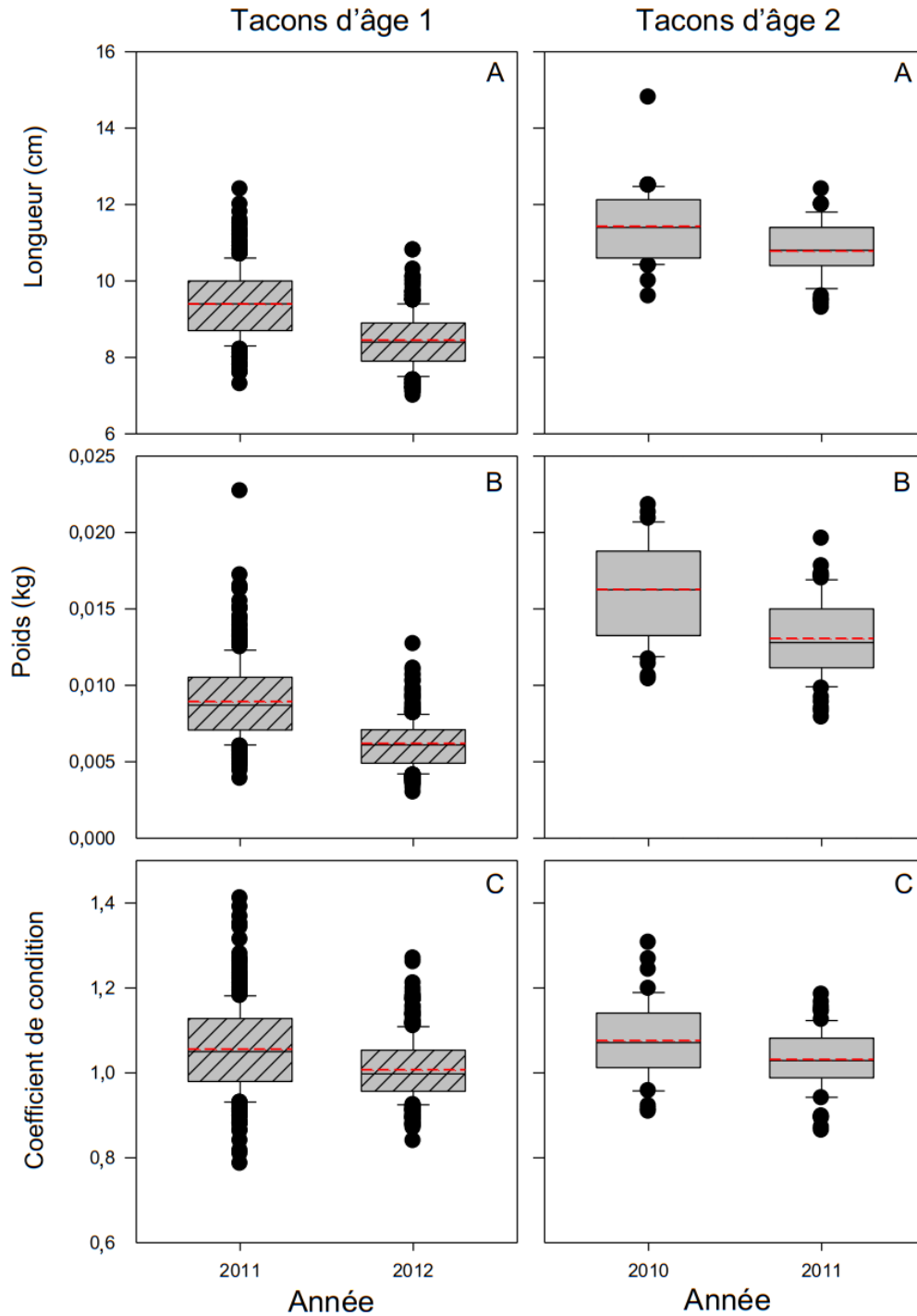


Figure 12. Moyenne familiale des caractéristiques corporelles des descendants faisant partie du programme de la banque de gènes vivants – A) longueur, B) poids et C) coefficient de condition, pour les tacons de saumon de l'Atlantique exposés au milieu naturel, capturés à l'âge 1 et à l'âge 2 dans la rivière Pembroke et mesurés dans les six jours suivant leur capture. Les boîtes à moustaches représentent la médiane (ligne noire pleine), la moyenne (ligne rouge pointillée) et les centiles 10, 25, 75 et 90.

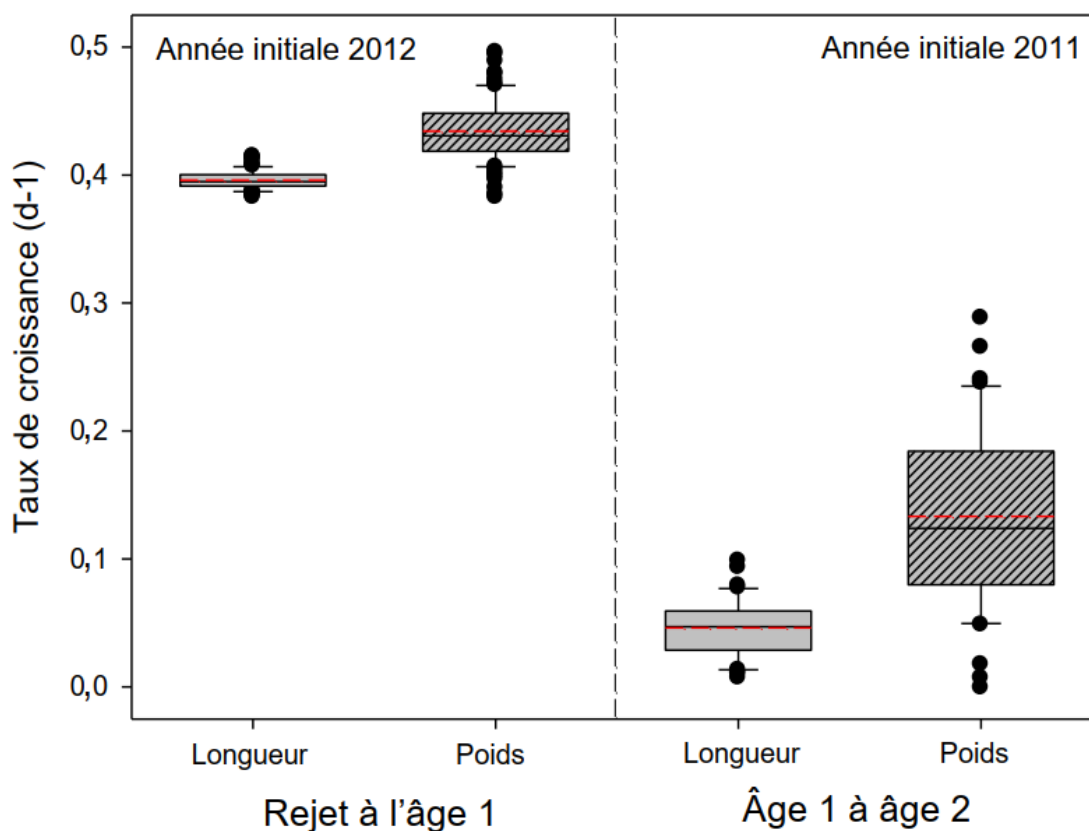


Figure 13. Taux de croissance (longueur et poids) des tacons de saumon de l'Atlantique exposés au milieu naturel, capturés à l'âge 1 et à l'âge 2 dans la rivière Pembroke. On a commencé à mesurer les alevins au moment du rejet et les tacons à celui de la capture en 2013, ce qui correspond à l'année initiale 2012 pour les alevins et à l'année initiale 2011 pour les tacons d'âge 1. En raison du décalage dans le temps des différents stades biologiques (c.-à-d. que l'année initiale des tacons d'âge 1 capturés en 2014 est 2012) et des données disponibles, seule une année était disponible pour chaque période. Les taux de croissance des tacons entre « l'âge 1 et l'âge 2 » ont été déterminés en comparant les tacons capturés à l'âge 2, en 2014, aux tacons propres à une famille capturés en tant que poissons d'âge 1 en 2013; le « rejet à l'âge 2 » n'a pas été possible en raison d'un manque de mesures sur les alevins pour l'année initiale 2011. Les boîtes à moustaches représentent la médiane (ligne noire pleine), la moyenne (ligne rouge pointillée) et les centiles 10, 25, 75 et 90.

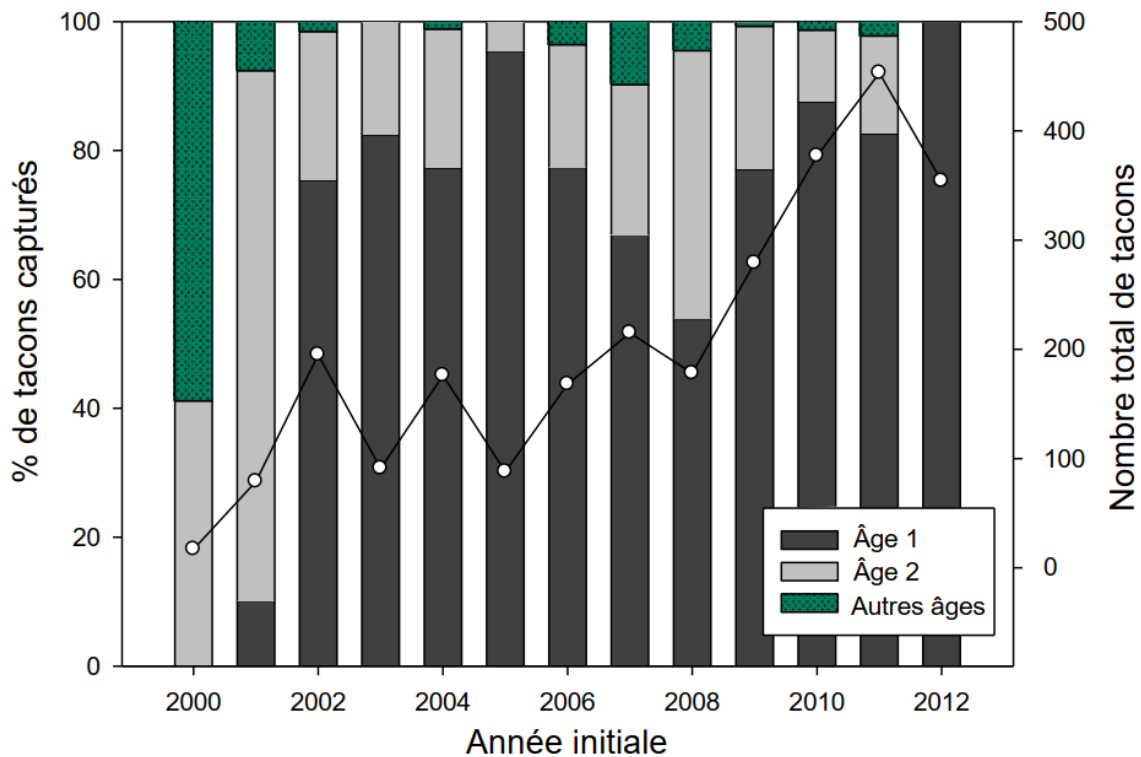


Figure 14. Pourcentage de tacons de saumon de l'Atlantique d'âge 1 et d'âge 2 prélevés dans la nature pour chaque année initiale du programme de la banque de gènes vivants (BGV), le nombre total de tacons (cercles ouverts) capturés pour chaque année initiale étant superposé. Plus tard, les tacons provenaient du tronçon isolé de la rivière Pembroke (ensemencé à l'aide d'alevins provenant du programme de la BGV); toutefois, avant 2006, les tacons étaient prélevés à divers endroits dans le réseau hydrographique de la rivière Stewiacke. En raison du décalage dans le temps du développement, seuls les nombres de tacons d'âge 1 exposés au milieu naturel sont disponibles pour l'année initiale 2012.

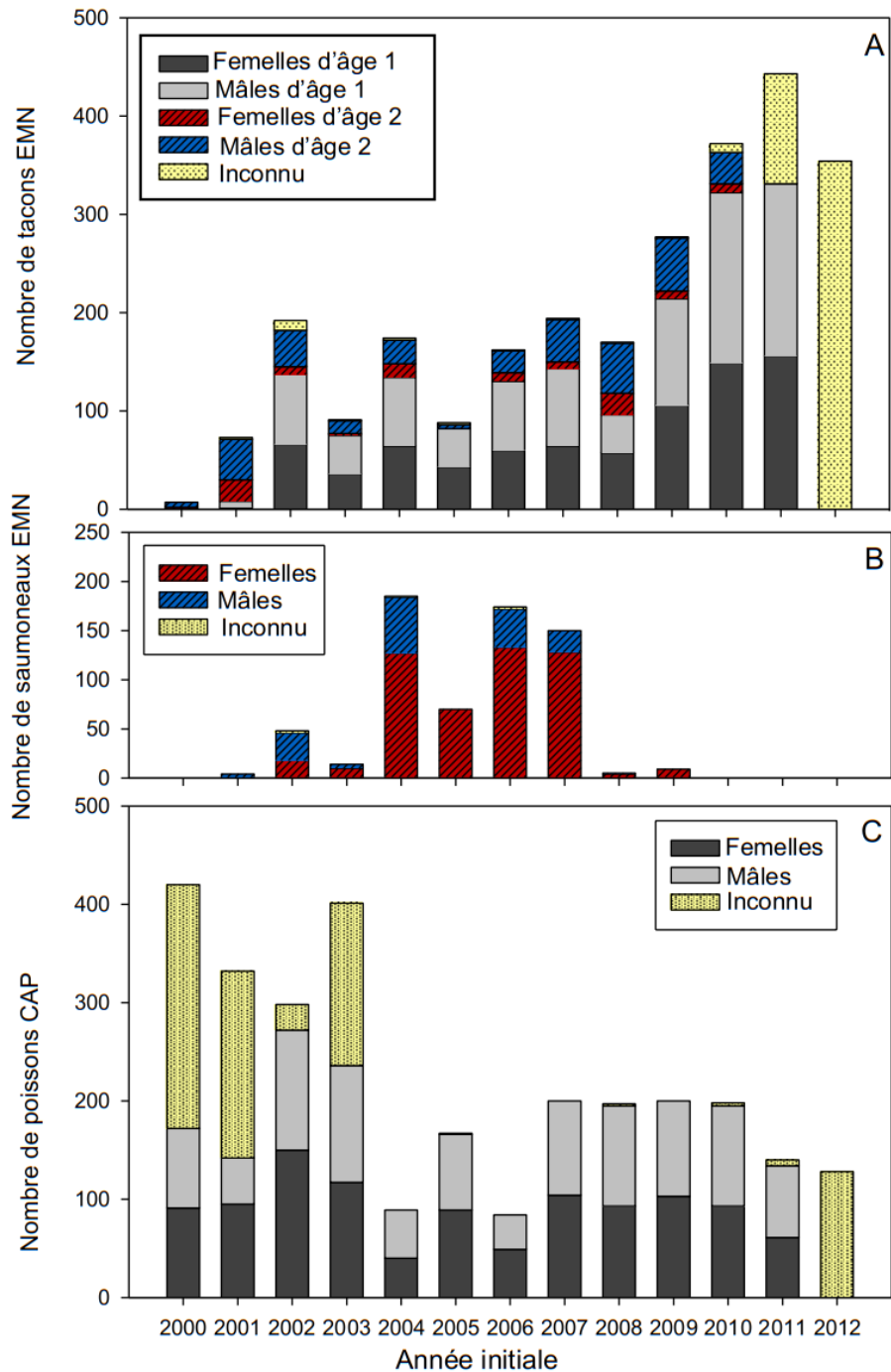


Figure 15. Ventilation par sexe : A) des tacons de saumon de l'Atlantique d'âge 1 et d'âge 2 exposés au milieu naturel (EMN), prélevés dans la nature; B) des saumoneaux EMN (principalement d'âge 2); et C) des individus élevés en captivité (CAP) pour chaque année initiale du programme de la banque de gènes vivants. Plus tard, les individus EMN provenaient du tronçon isolé de la rivière Pembroke (ensemencé à l'aide d'alevins EMN provenant du programme); toutefois, avant 2008 et 2009, les tacons et les saumoneaux EMN, respectivement, étaient prélevés à divers endroits dans le réseau hydrographique de la rivière Stewiacke.

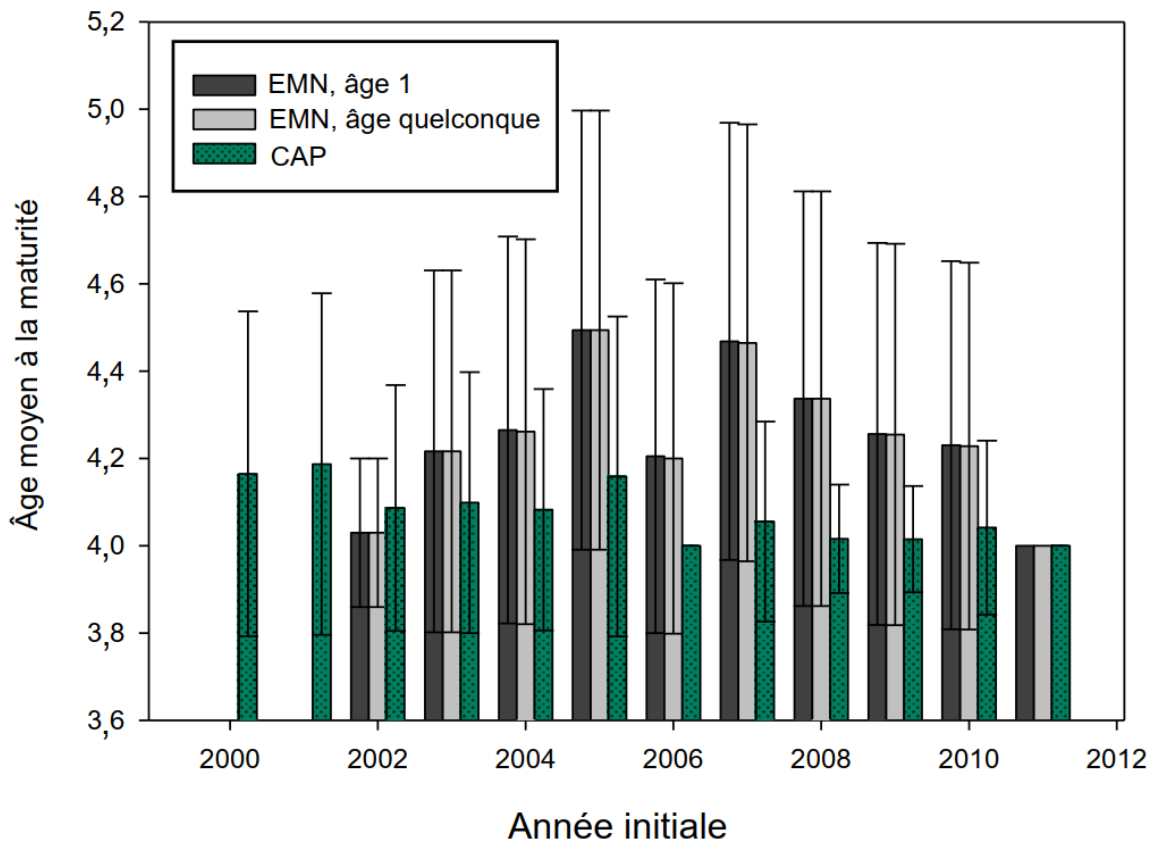


Figure 16. Âge moyen ( $\pm$  écart-type) de la maturation des tacons de saumon de l'Atlantique élevés en captivité (CAP) et exposés au milieu naturel (EMN) prélevés à divers âges pour le programme de la banque de gènes vivants. En raison du décalage dans le temps du développement, les descendants de l'année initiale 2011 ne seraient qu'à l'âge 4 en 2015 (la dernière année de l'analyse); ce sont donc les seuls poissons inclus, les autres n'ayant pas encore atteint la maturité. Les individus qui ont atteint la maturité comme tacons précoces n'ont pas été inclus dans l'âge moyen de la maturation. L'âge des adultes est basé sur l'année initiale ou de fertilisation. L'âge de la maturation est relatif à l'année initiale ou de fertilisation.

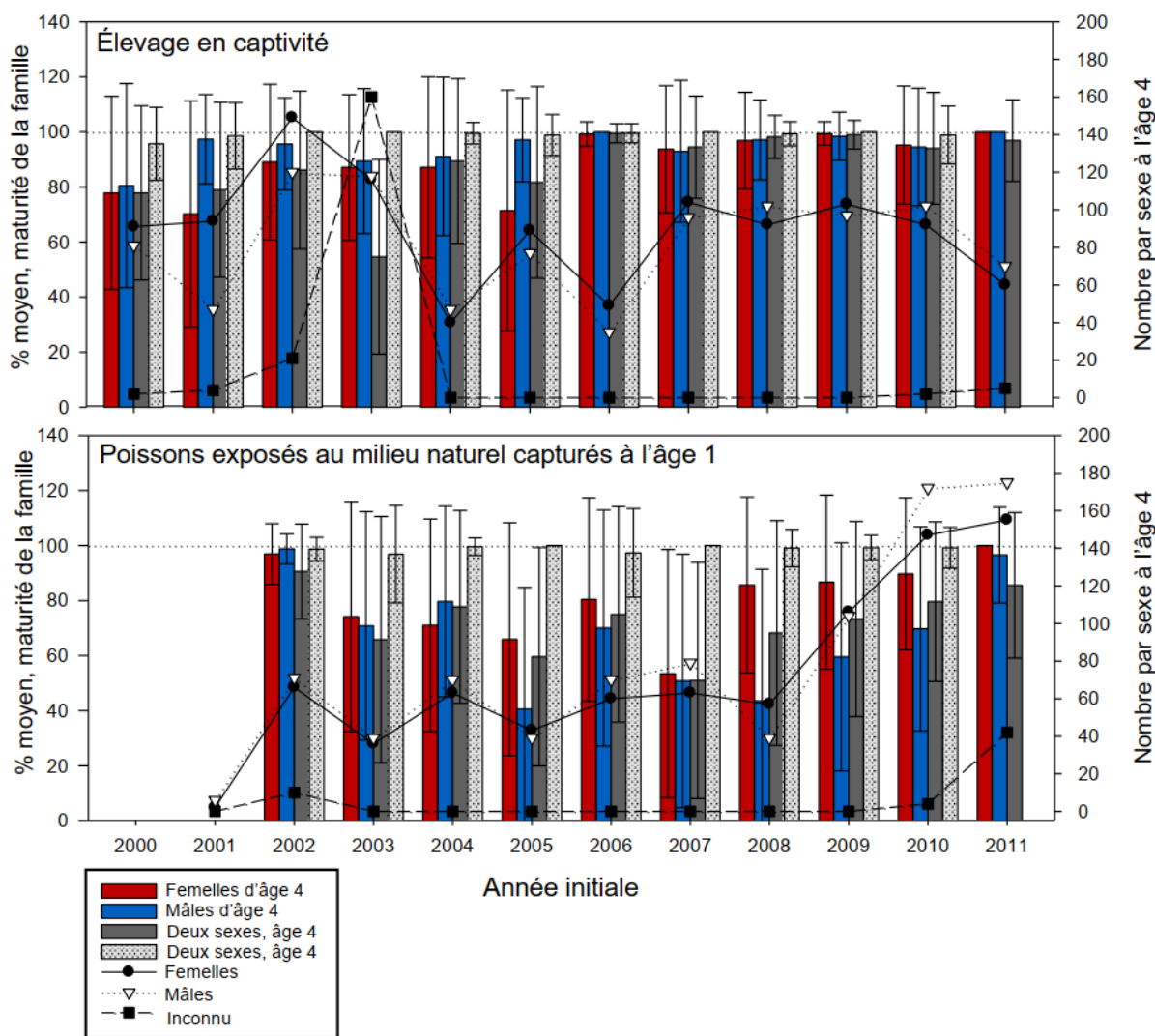


Figure 17. Moyenne annuelle ( $\pm$  écart-type) du pourcentage de tacons de saumon de l'Atlantique élevés en captivité (CAP) et exposés au milieu naturel (EMN) du programme de la banque de gènes vivants, prélevés à l'âge 1 et qui sont arrivés à maturité à l'âge 4, et cumulativement pour les âges 4 et 5, par famille. Les pourcentages de mâles et de femelles comprennent uniquement les individus dont le sexe a finalement été déterminé; toutefois, les colonnes combinant les deux sexes (Les deux) prennent aussi en compte les individus dont le sexe n'a jamais été connu, ce qui peut faire baisser les résultats. Le nombre d'individus mâles, femelles et inconnus pour chaque année initiale est superposé. En raison du décalage dans le temps du développement, seuls les poissons qui sont arrivés à maturité dans leur quatrième année sont disponibles pour l'année initiale 2011, et un nombre plus élevé de poissons inconnus est enregistré. La ligne pointillée horizontale indique le niveau à 100 % de maturité de la famille. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.



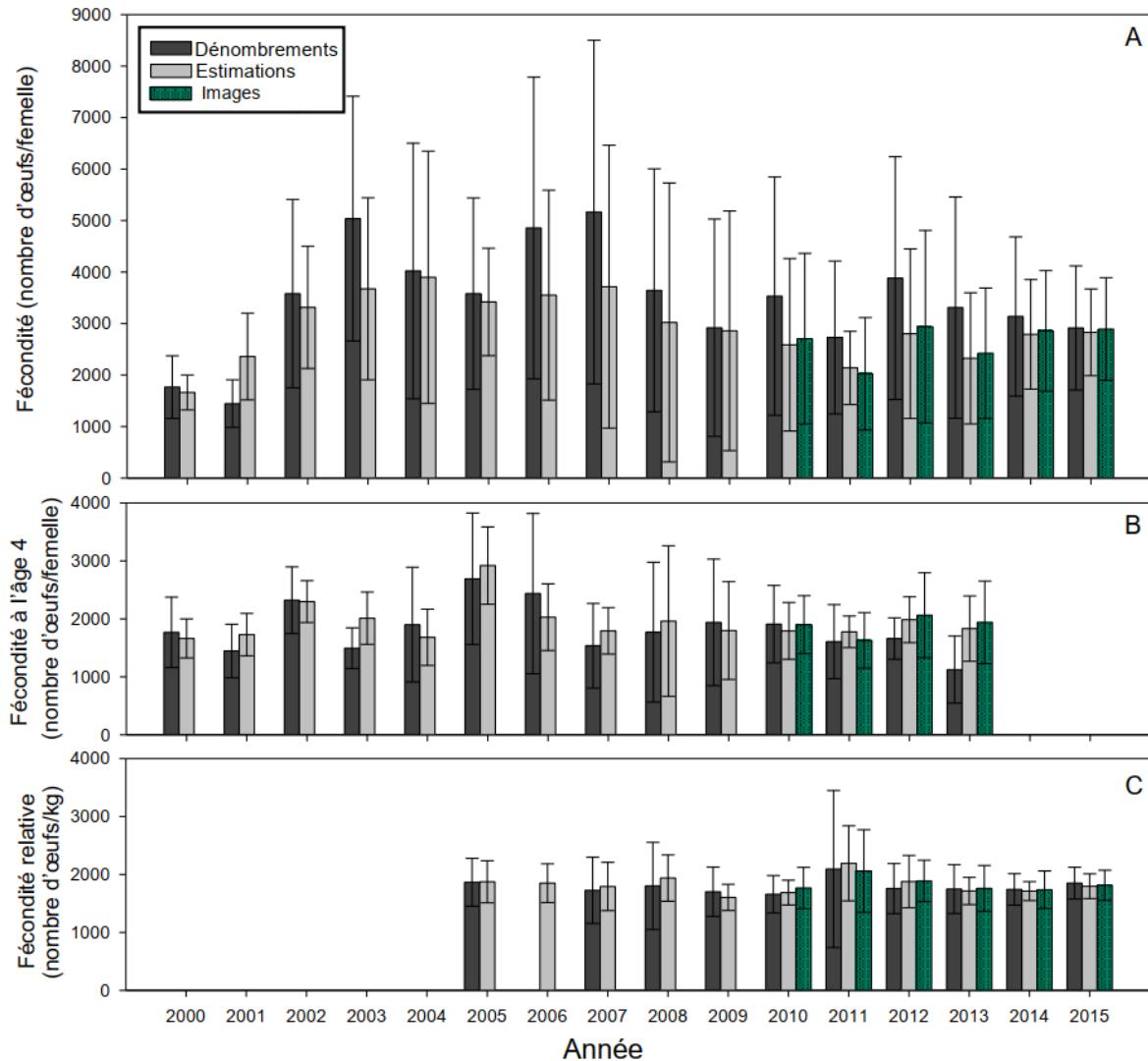


Figure 18. Fécondité moyenne ( $\pm 1$  écart-type) des femelles du programme de la banque de gènes vivants (BGV), déterminée selon trois méthodes différentes (dénombrements, estimations et images) pour A) toutes les femelles et B) les femelles d'âge 4. La fécondité relative, c'est-à-dire le nombre d'œufs par unité de poids de la femelle, est illustrée pour les trois méthodes dans le panneau C. Chaque année, de 2000 à 2009, on a sélectionné des familles (une vingtaine de croisements) et on les a comptées à la main (dénombrements) afin de déterminer une équation permettant d'estimer la fécondité pour tous les croisements. Après 2009, on a pris des images de chaque croisement et on les a traitées avec ImageJ pour déterminer la fécondité de chaque famille. En appliquant les mêmes critères de sélection que les années précédentes, une vingtaine de croisements ont été choisis pour chaque année à partir de 2010–2015 afin de représenter les « dénombrements » et de créer une équation estimée pour déterminer les estimations à des fins de comparaison dans l'ensemble du programme de la BGV. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

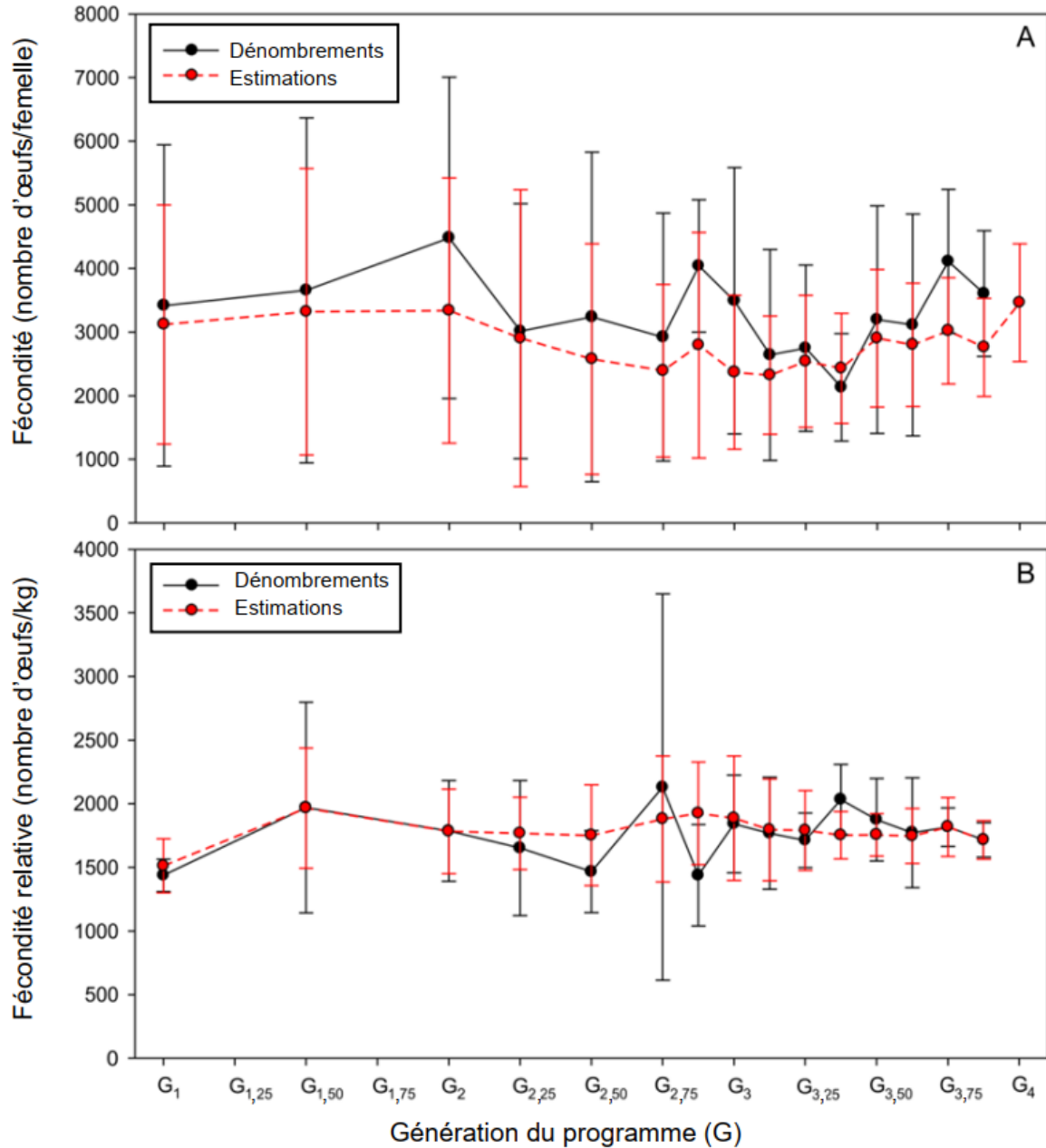


Figure 19. Fécondité moyenne (panneau A) et fécondité relative (panneau B), déterminées à partir des dénombrements et des estimations pour les femelles de saumon de l'Atlantique, pour toutes les générations du programme de la banque de gènes vivants. Chaque année, de 2000 à 2009, on a sélectionné des familles (une vingtaine de croisements) et on les a comptées à la main (dénombrements) afin de déterminer une équation permettant d'estimer la fécondité pour tous les croisements. Après 2009, on a pris des images de chaque croisement et on les a traitées avec ImageJ pour déterminer la fécondité de chaque famille. En appliquant les mêmes critères de sélection que les années précédentes, une vingtaine de croisements ont été choisis pour chaque année à partir de 2010–2015 afin de représenter les « dénombrements » et de créer une équation estimée pour déterminer les estimations à des fins de comparaison dans l'ensemble du programme de la BGV. Les observations uniques ont été supprimées et les barres d'erreur représentent un écart-type.

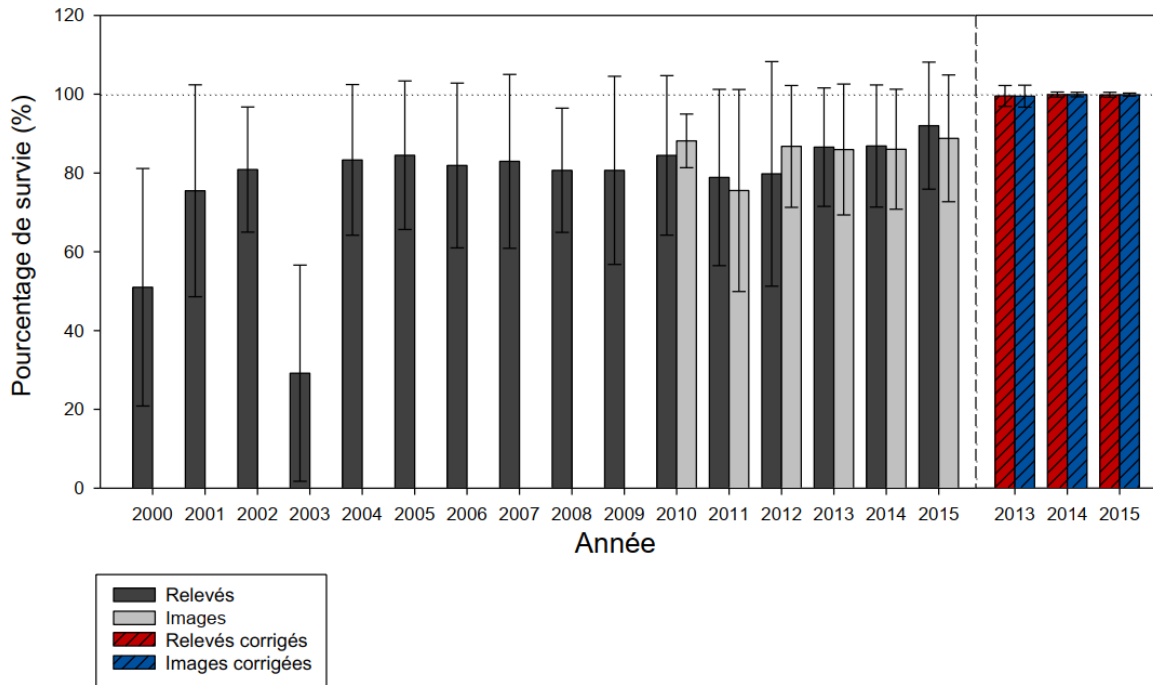


Figure 20. Taux de survie familial moyen (%) des œufs de saumon de l'Atlantique provenant du programme de la banque de gènes vivants, de la fertilisation (novembre) au stade œillé, aussi appelé choc (environ février). Les résultats ont été déterminés à partir des relevés de mortalité pour la période et, récemment, à partir des images prises au moment du frai et après le choc. La proportion d'œufs « morts » qui n'étaient réellement pas fertilisés a été déterminée à l'aide d'un sous-échantillon (20 œufs) prélevé au moment du choc et nettoyé avec la solution de Stockard, pour enregistrer le développement. Les relevés de mortalité ont ensuite été corrigés pour compenser les œufs non fertilisés qui avaient été initialement identifiés comme étant des œufs morts. La ligne pointillée indique 100 % de survie et les barres d'erreur représentent un écart-type. La ligne pointillée verticale indique le début des valeurs corrigées.

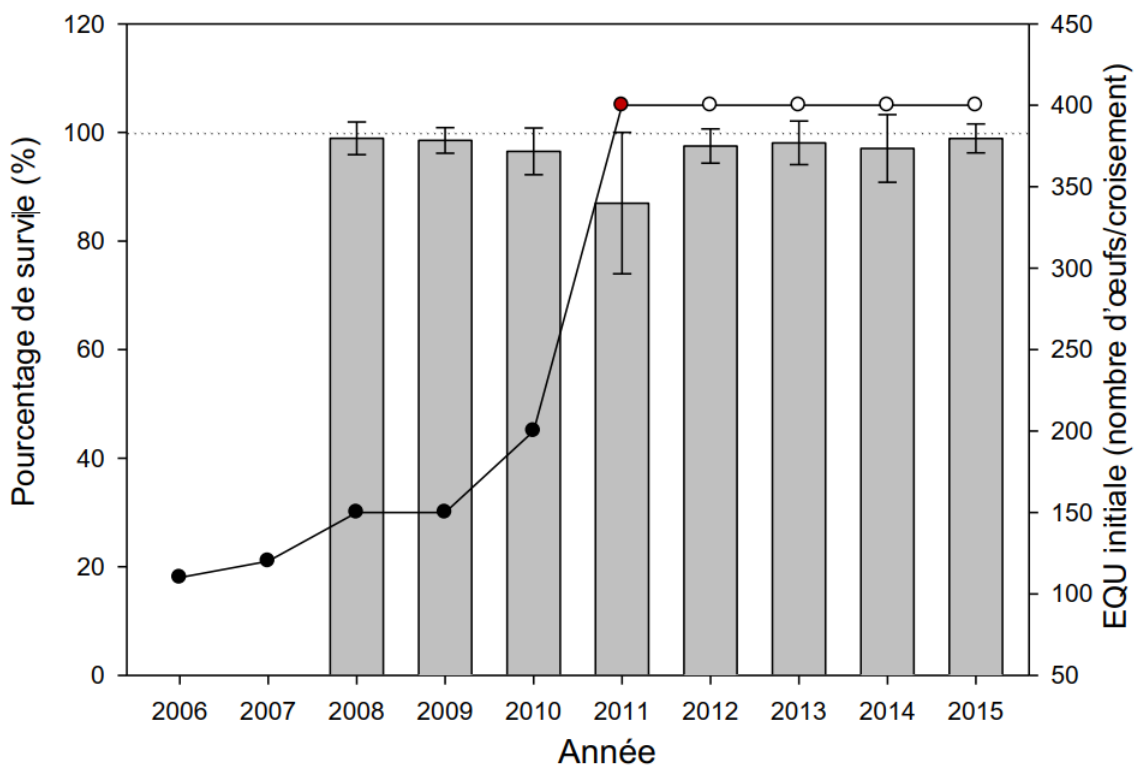


Figure 21. Taux de survie familial moyen (%) des œufs de saumon de l'Atlantique provenant du programme de la banque de gènes vivants, du stade œillé (février), aussi appelé choc, à avant le rejet (environ mai). Les relevés de mortalité pour cette période ont été déterminés à partir des groupes familiaux égalisés (EQU), où le nombre initial d'œufs pour chaque famille a été recueilli au moment du choc (indiqué par les cercles) et élevé séparément jusqu'à l'éclosion. Juste avant le rejet au printemps, le nombre restant d'alevins vésiculés pour chaque famille a été déterminé par imagerie. Les groupes EQU ont d'abord été élevés dans une coupelle placée au hasard dans une unité Heath (cercles noirs pleins). En 2011, le nombre était trop grand pour une seule coupelle, et nous avons alors placé des récipients séparés dans une cuvette (cercle rouge plein). Lorsque nous sommes revenus à la méthode de la coupelle les années suivantes, nous avons utilisé deux coupelles (200 œufs/coupelle) placées au hasard dans les unités Heath (cercles ouverts). La ligne pointillée indique 100 % de survie et les barres d'erreur représentent un écart-type.

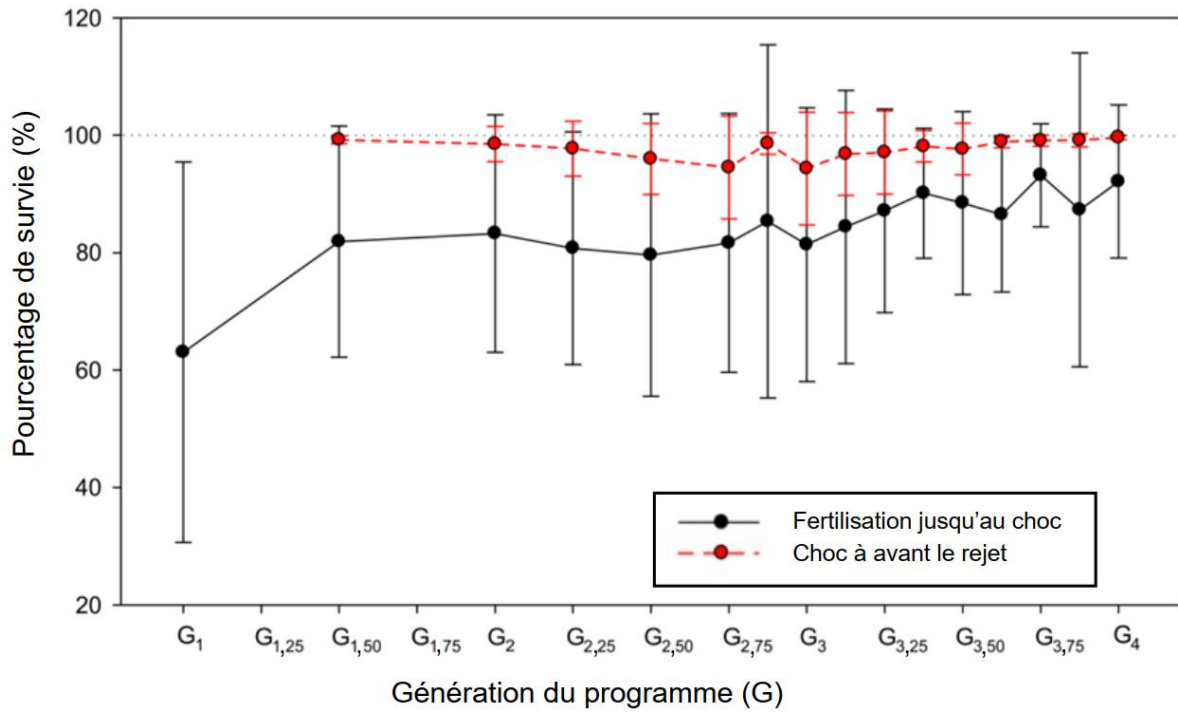


Figure 22. Taux de survie familial moyen (%) des œufs et des alevins de saumon de l'Atlantique pendant deux périodes, « de la fertilisation au stade œillé (c.-à-d. choc) » et « du choc à avant le rejet », représenté sur les générations du programme de la banque de gènes vivants. La ligne pointillée indique 100 % de survie et les barres d'erreur représentent un écart-type.

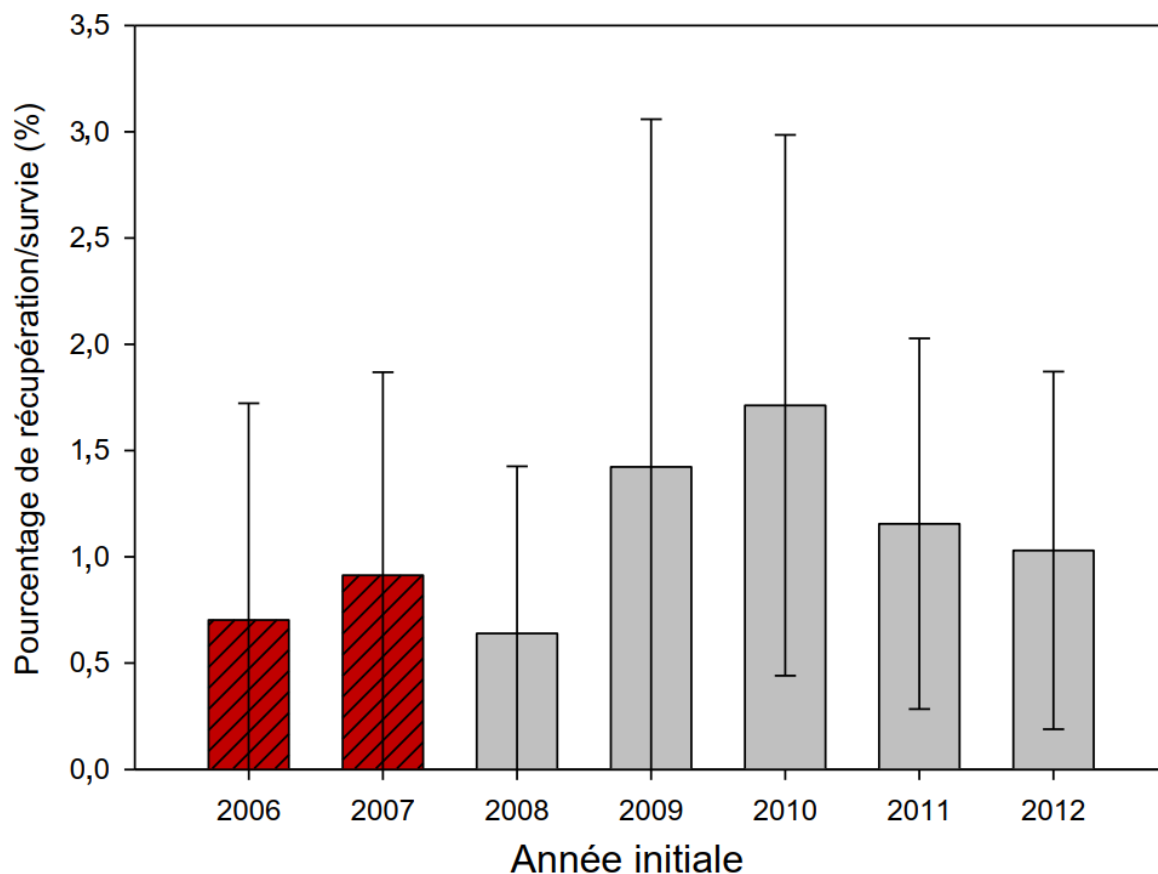


Figure 23. Survie familiale moyenne ( $\pm$  écart-type) des alevins de saumon de l'Atlantique du programme de la banque de gènes vivants depuis leur rejet dans la nature jusqu'à leur recapture en tant que tacons d'âge 1 exposés au milieu naturel, 2006–2012 (barres rouges et grises). Juste avant le rejet au printemps, le nombre des alevins vésiculés restants pour chaque famille a été déterminé par imagerie et, au besoin, égalisé une deuxième fois avant leur rejet dans un tronçon isolé de la rivière Pembroke. Lorsque les chiffres exacts rejetés pour chaque famille n'étaient pas connus (2006–2008), le nombre initial du panier égalisé (EQU) a été corrigé par la survie moyenne « du choc à avant le rejet » (barres hachurées rouges). Le nombre recapturé a été utilisé comme approximation de la survie dans la nature.

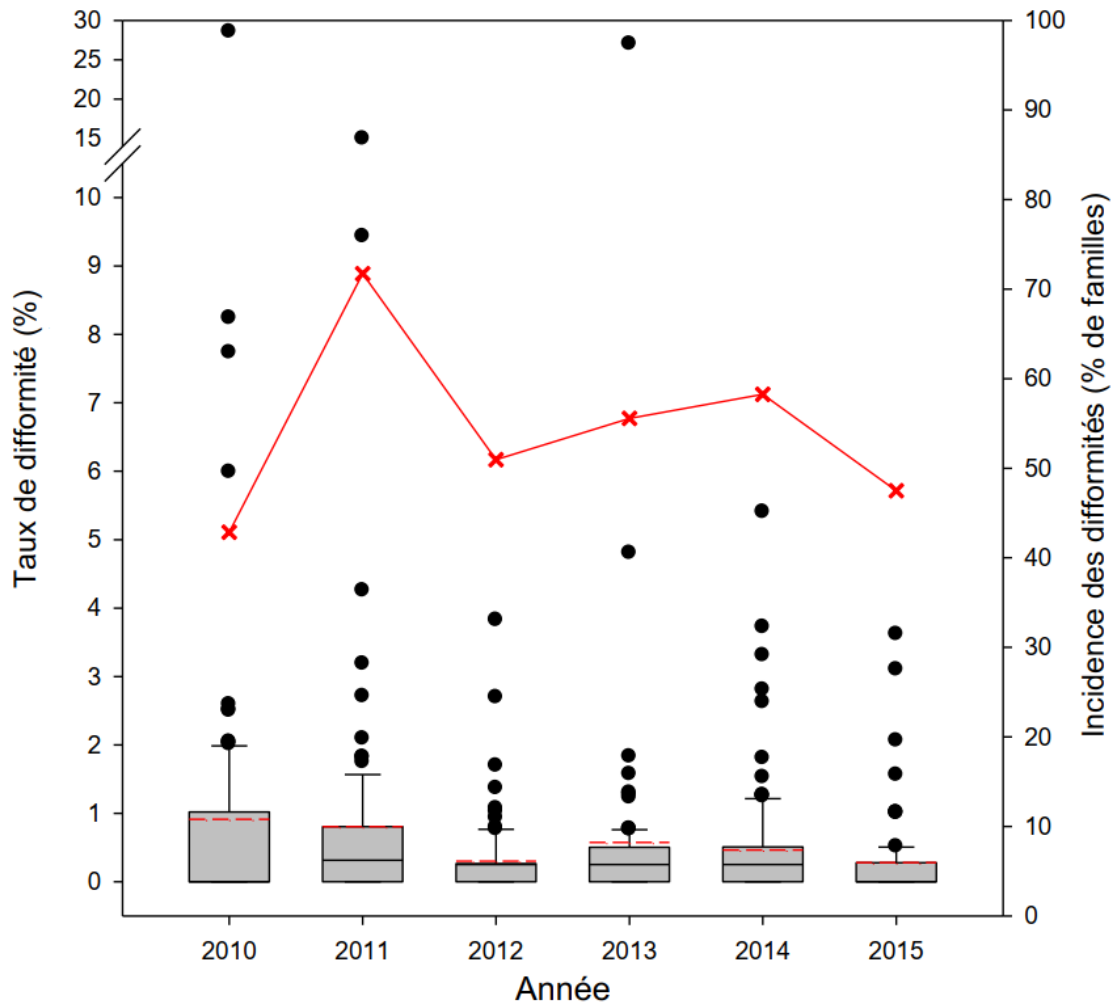


Figure 24. Taux de difformités des descendants de saumon de l'Atlantique de la banque de gènes vivants dans chaque famille (c.-à-d. siamois, malformations squelettiques, aveugles ou sous-développés), à partir d'images de groupes égalisés avant leur rejet. L'incidence des difformités familiales est superposée (croix rouges connectées). Les boîtes à moustaches représentent la médiane (ligne noire pleine), la moyenne (ligne rouge pointillée) et les centiles 10, 25, 75 et 90.

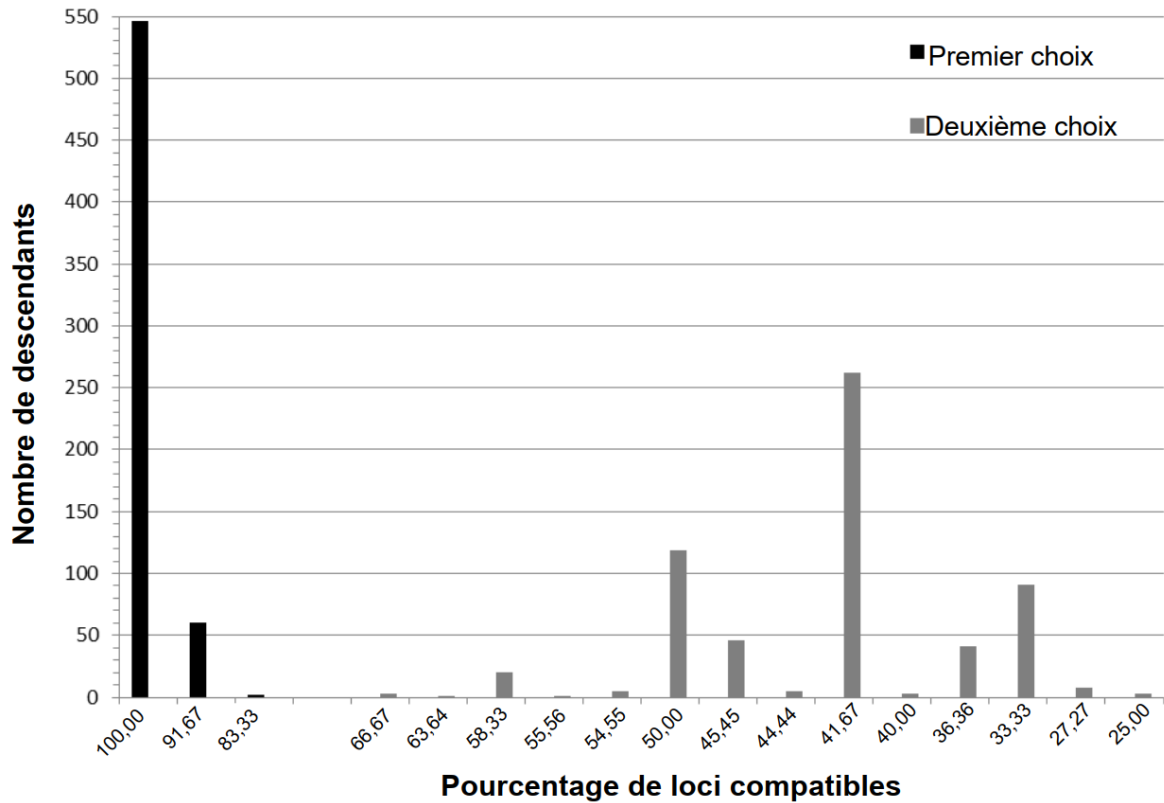


Figure 25. Résultats de l'attribution de la parenté par exclusion pour 608 descendants exposés au milieu naturel et élevés en captivité produits en 2010, testés par rapport à tous les ensembles biologiquement possibles de croisements connus de la BGV. Le descendant possible et le meilleur couple parental ou le couple parental correspondant de premier choix testés étaient presque toujours (606 fois sur 608) compatibles à 100 ou 91,67 % des 10–12 loci communs aux trois individus (barres noires). Le descendant possible était compatible avec le deuxième couple parental correspond à un pourcentage nettement plus bas des loci analysés, généralement 50 % ou moins (barres grises).



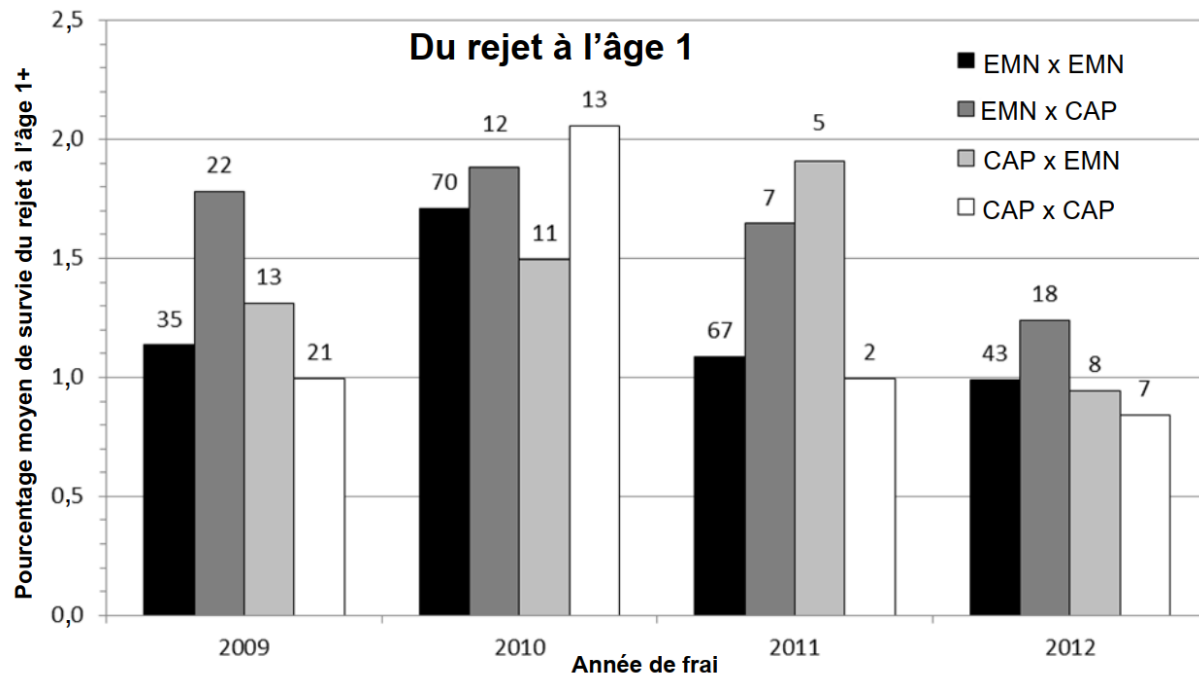


Figure 26. Moyenne familiale du pourcentage de survie du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à la capture en tant que tacons d'âge 1+, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2009–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

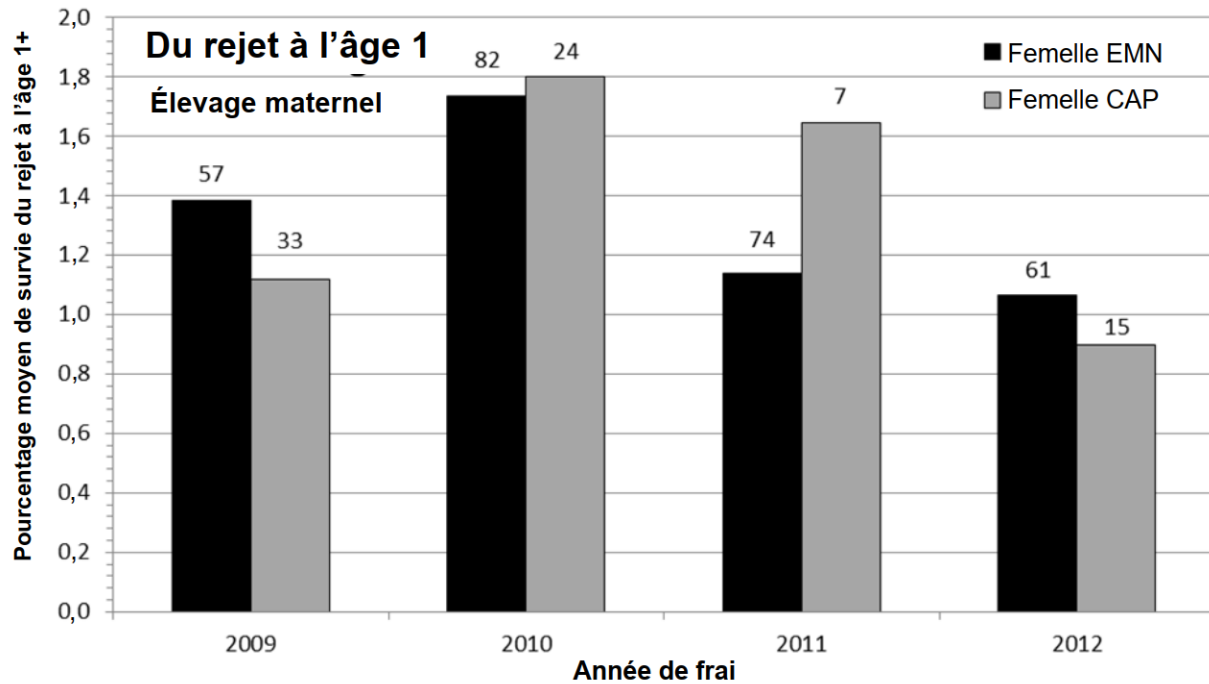


Figure 27. Moyenne familiale du pourcentage de survie du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à la capture en tant que tacons d'âge 1+, pour deux types de milieux d'élevage du parent maternel : femelle exposée au milieu naturel (EMN) et femelle élevée en captivité (CAP), pour les années de frai 2009–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

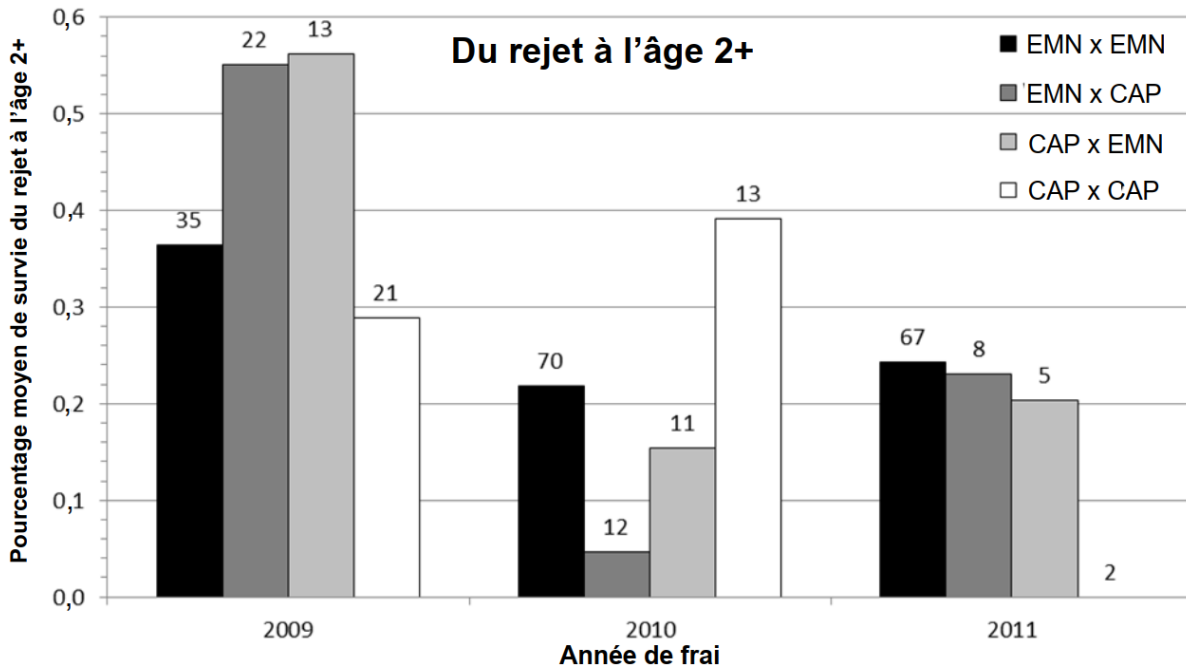


Figure 28. Moyenne familiale du pourcentage de survie du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à la capture en tant que tacons d'âge 2+, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2009–2011. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

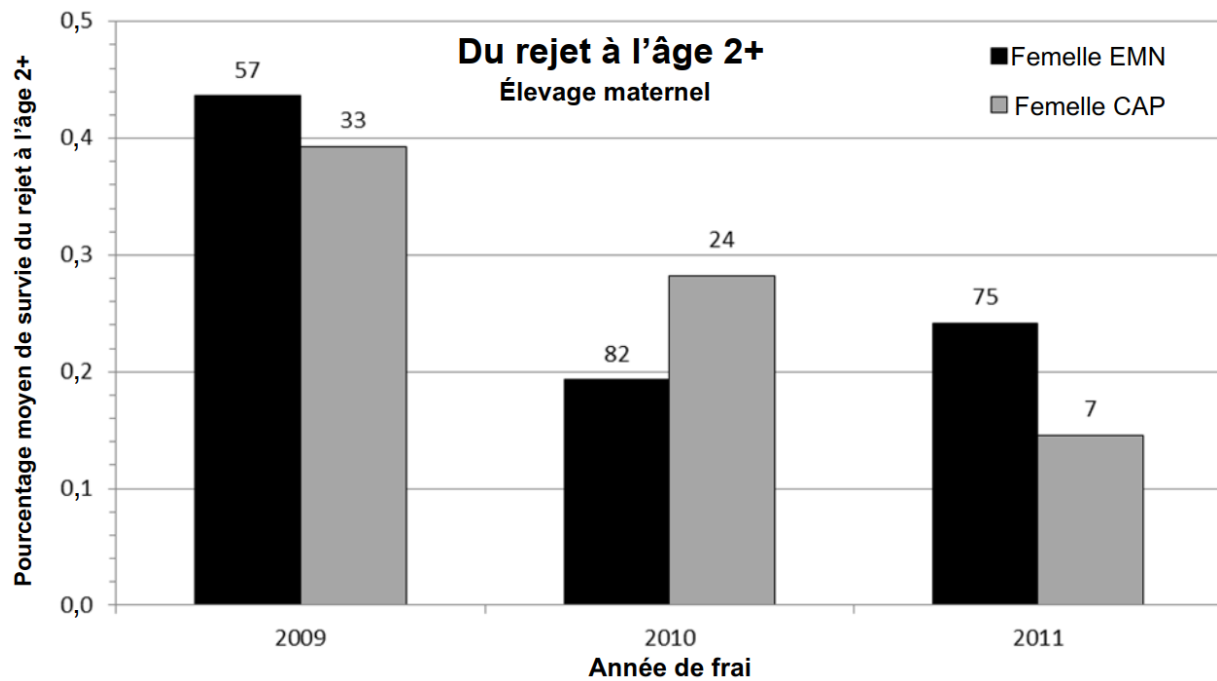


Figure 29. Moyenne familiale du pourcentage de survie du rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ à la capture en tant que tacons d'âge 2+, pour deux types de milieux d'élevage du parent maternel : femelle exposée au milieu naturel (EMN) et femelle élevée en captivité (CAP), pour les années de frai 2009–2011. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

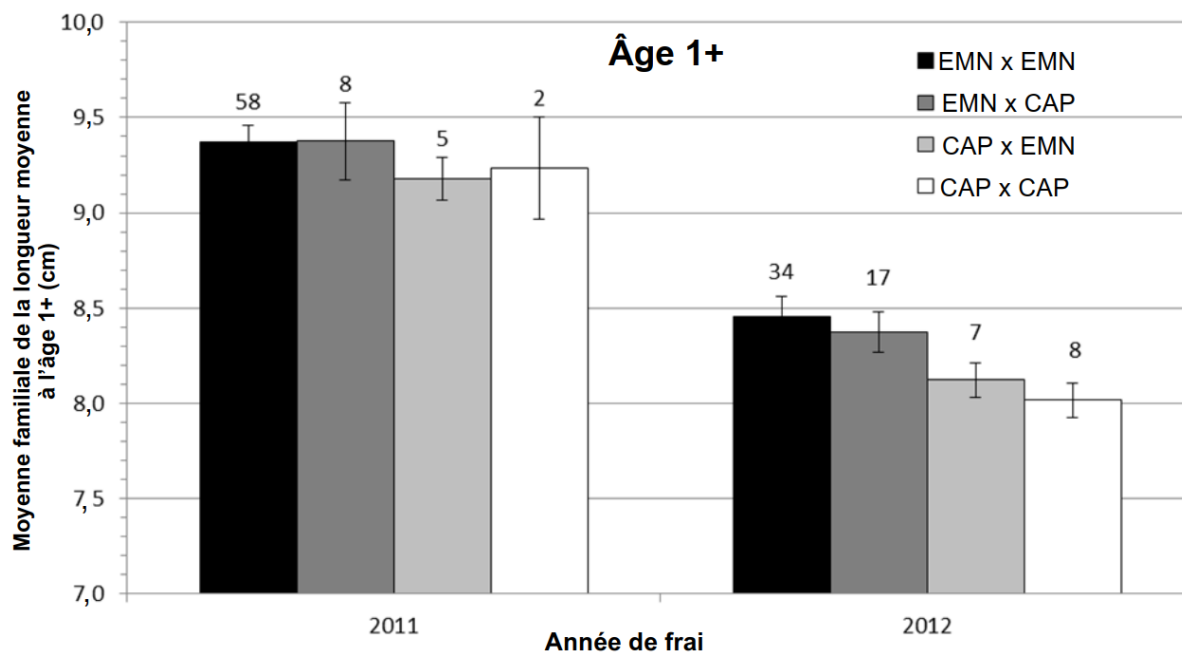


Figure 30. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) en tant que tacons capturés à l'âge 1+, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2011 et 2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type.

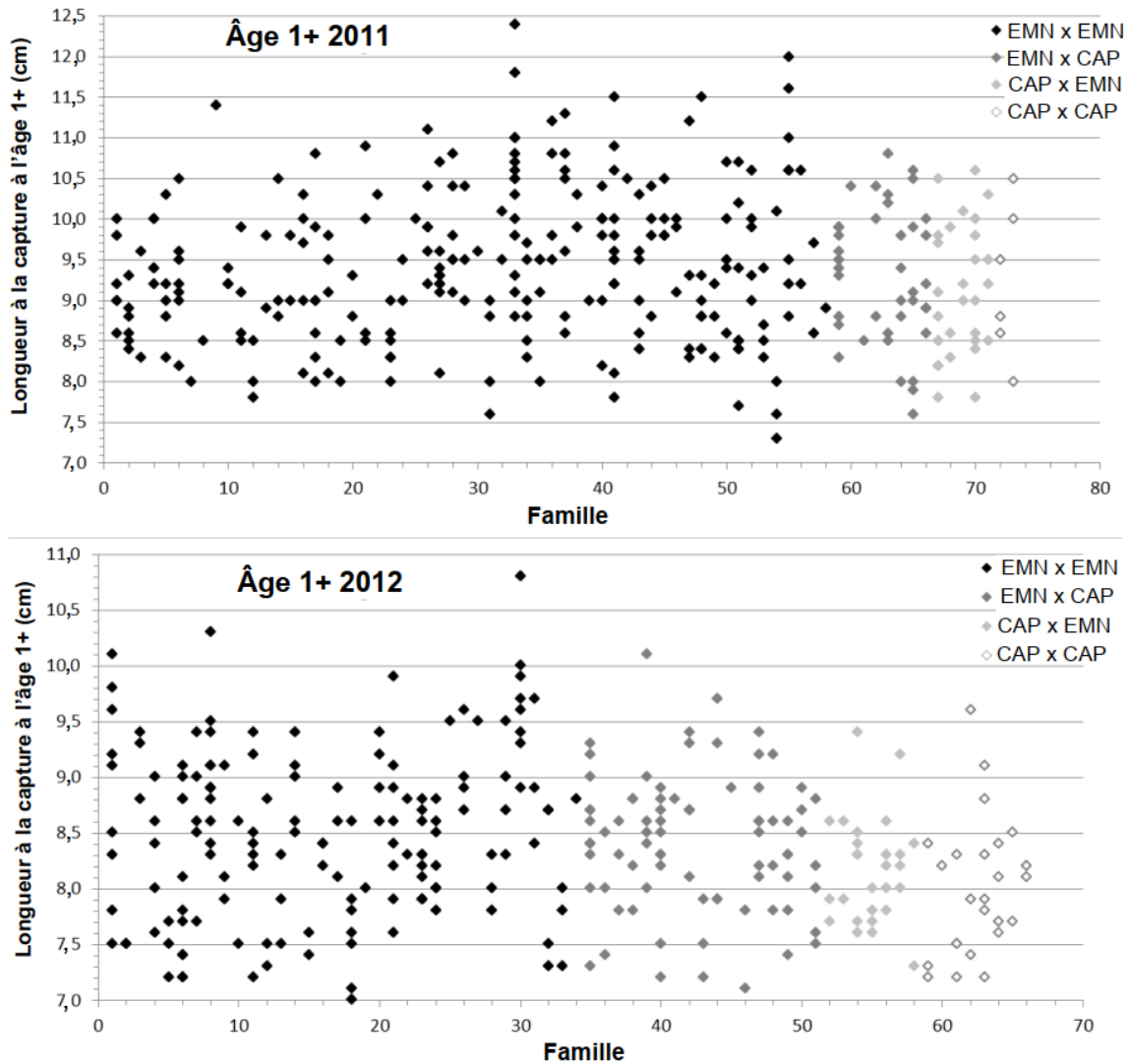


Figure 31. Longueur moyenne (cm) des tacons individuels capturés à l'âge 1+, par famille, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2011 et 2012.

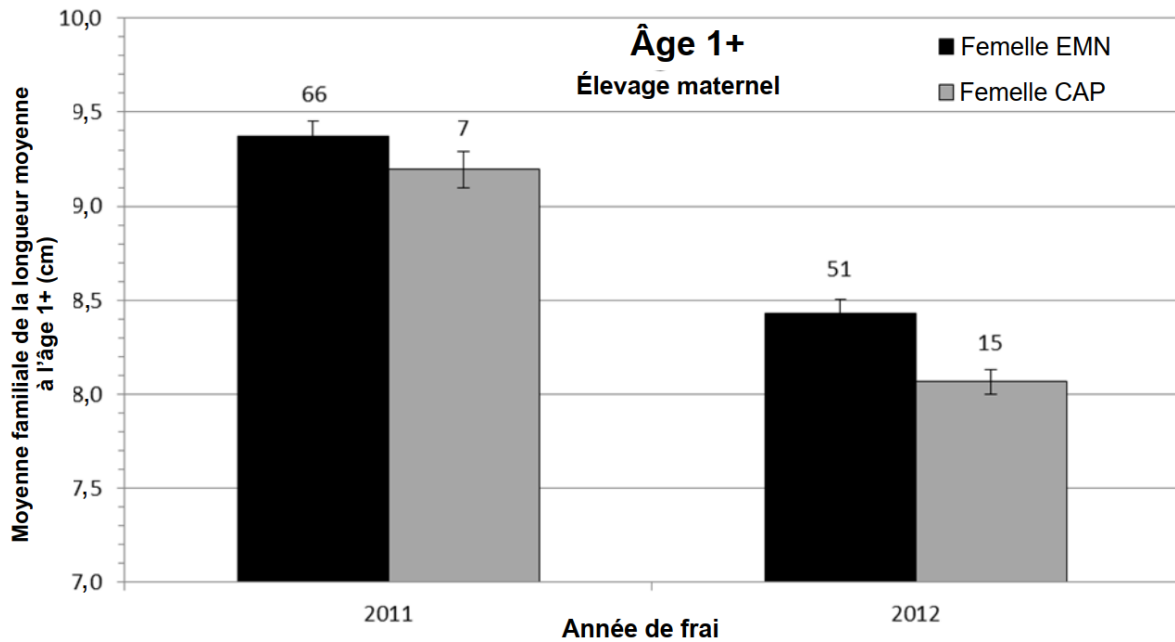


Figure 32. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) en tant que tacons capturés à l'âge 1+, pour deux types de milieux d'élevage du parent maternel : femelle exposée au milieu naturel (EMN) et femelle élevée en captivité (CAP), pour les années de frai 2011 et 2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type.

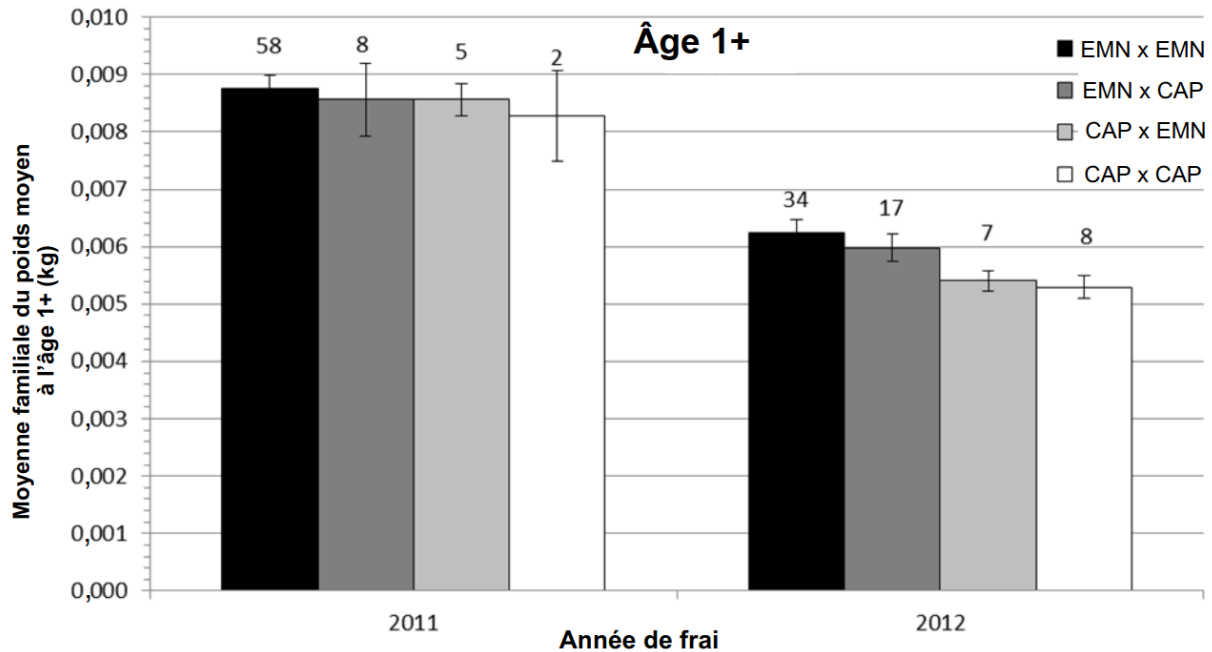


Figure 33. Moyenne familiale du poids moyen (kg) en tant que tacons capturés à l'âge 1+, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2011 et 2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type.



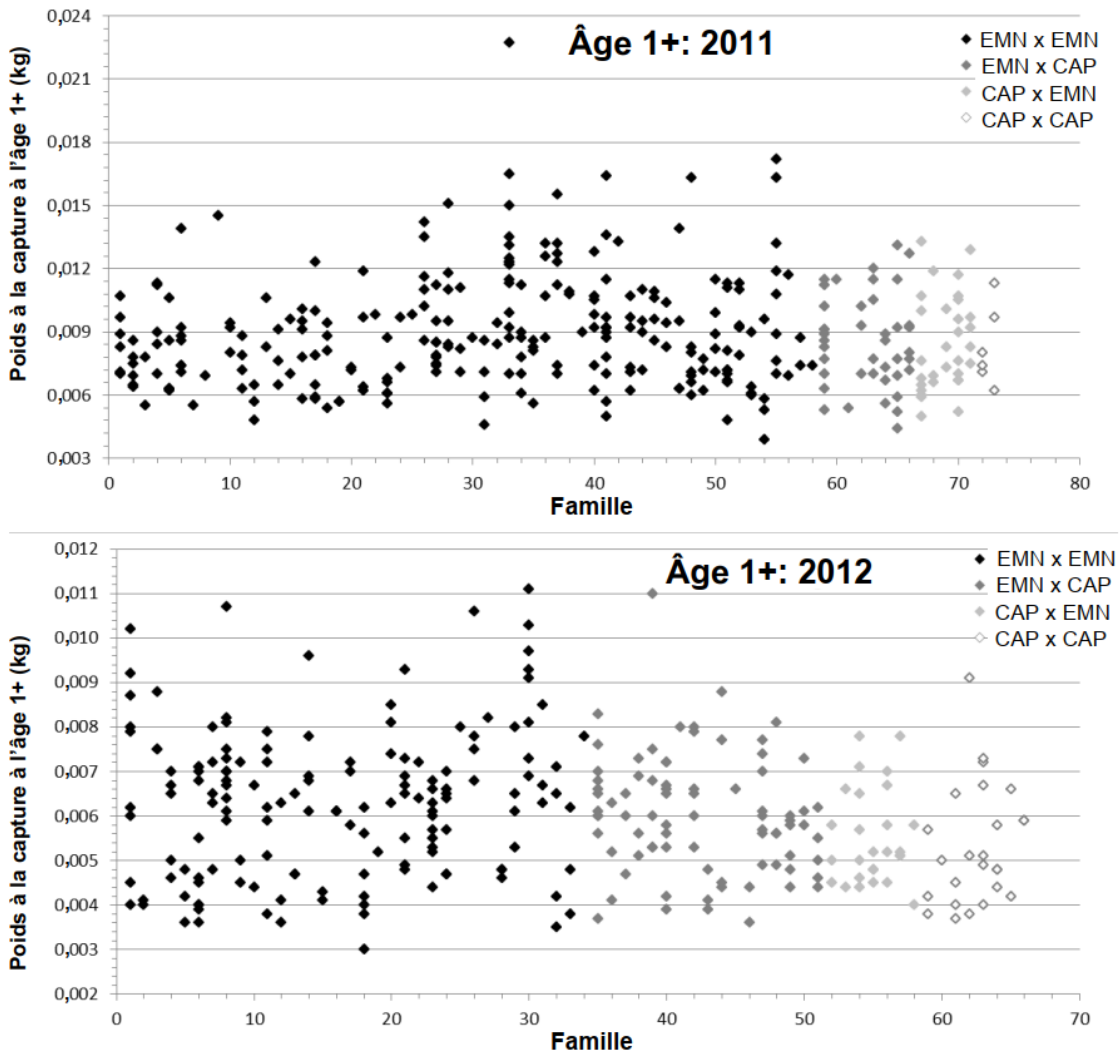


Figure 34. Poids moyen (kg) des tacons individuels capturés à l'âge 1+, par famille, pour quatre types de milieux d'élevage des parents, lorsque l'un des parents ou les deux ont été exposés au milieu naturel (EMN) ou élevés en captivité (CAP); le parent femelle est indiqué en premier, suivi par le parent mâle, dans les quatre désignations du type. Les résultats sont donnés pour les années de frai 2011 et 2012.

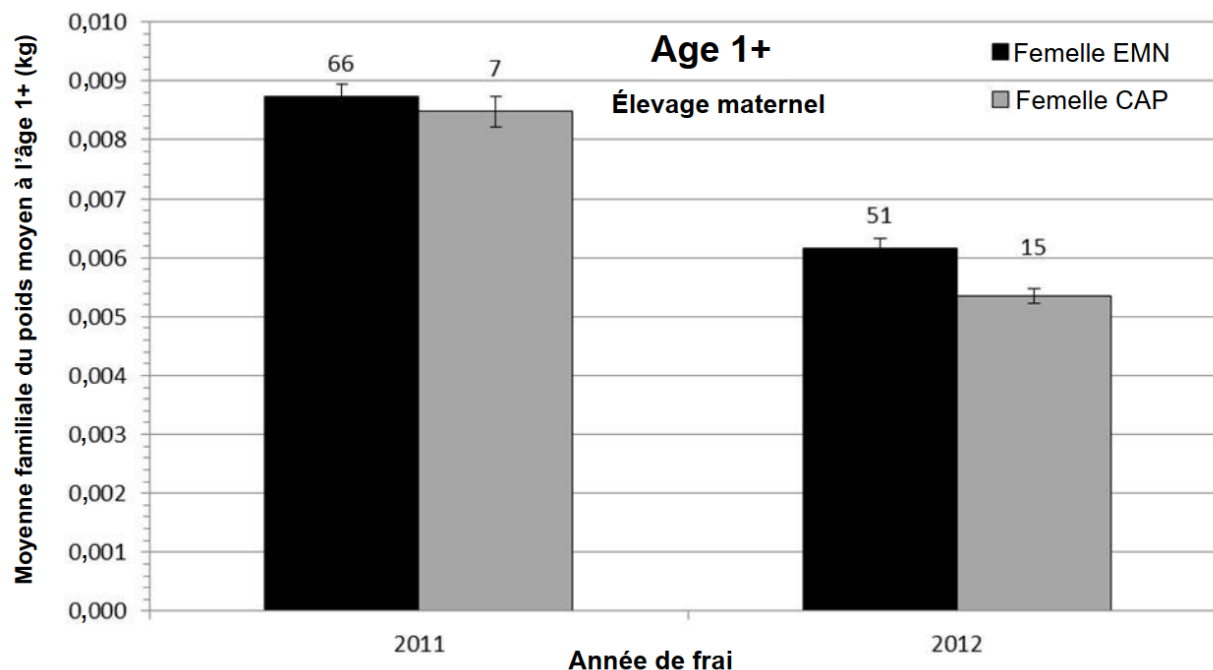


Figure 35. Moyenne familiale du poids moyen (kg) en tant que tacons capturés à l'âge 1+, pour deux types de milieux d'élevage du parent maternel : femelle exposée au milieu naturel (EMN) et femelle élevée en captivité (CAP), pour les années de frai 2011 et 2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type.

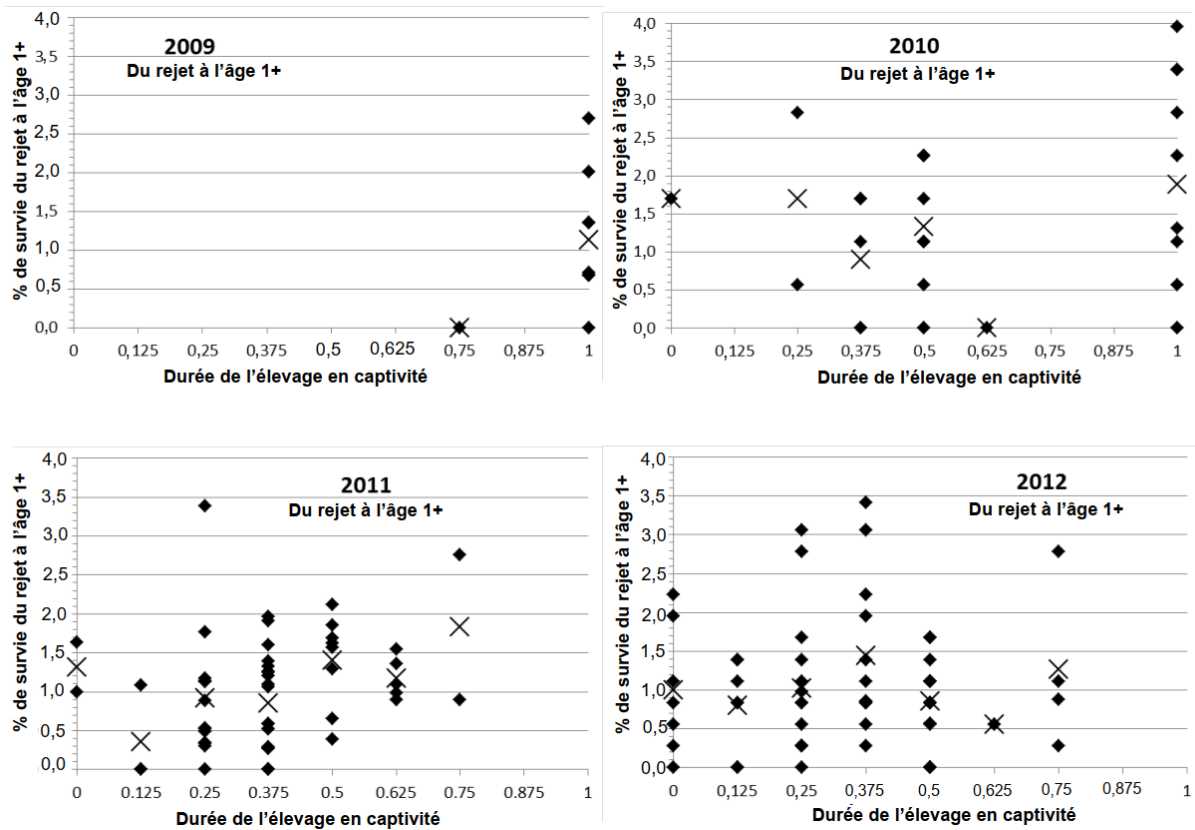


Figure 36. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ pour différents niveaux cumulatifs d'élevage en captivité aux stades précoces (juvéniles) (parents et grands-parents). Les résultats sont donnés pour les années de frai 2009–2012. Le pourcentage moyen de récupération à chaque niveau d'élevage en captivité est indiqué par un grand X.

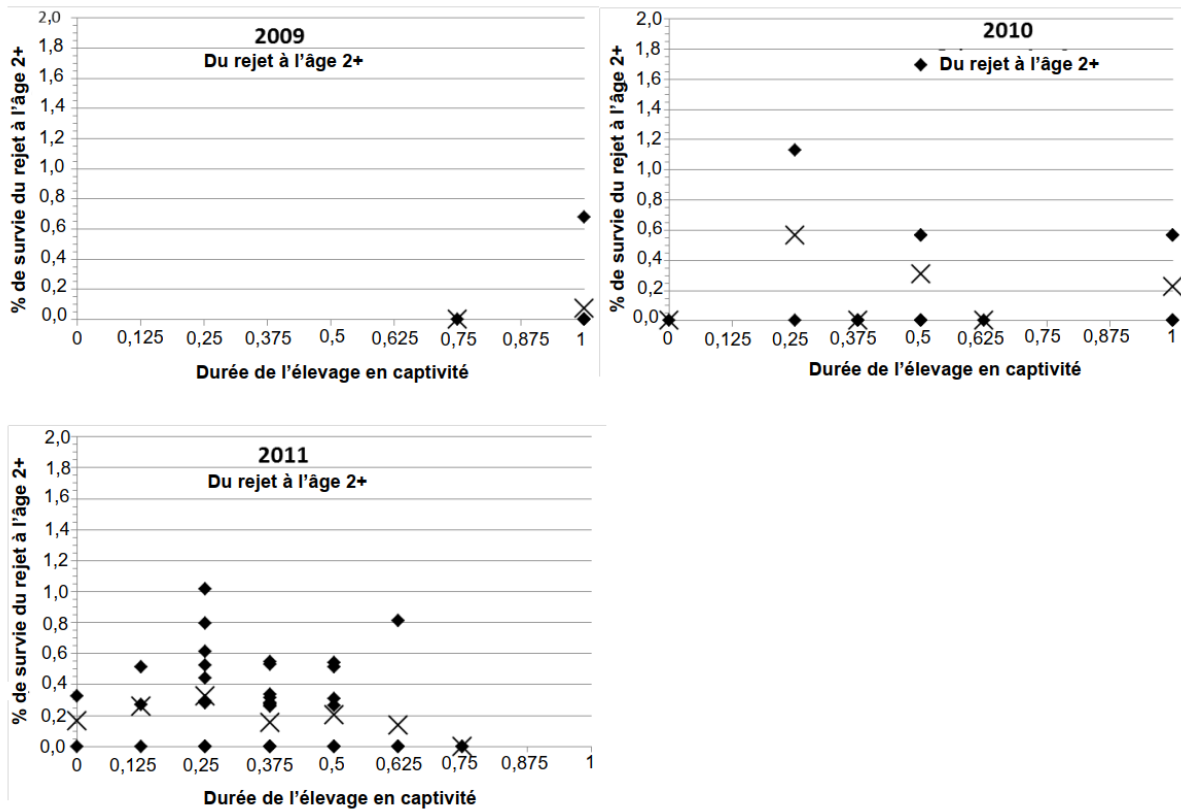


Figure 37. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 2+ pour différents niveaux cumulatifs d'élevage en captivité aux stades précoces (juvéniles) (parents et grands-parents). Les résultats sont donnés pour les années de frai 2009–2011. Le pourcentage moyen de récupération à chaque niveau d'élevage en captivité aux stades juvéniles précoces est indiqué par un grand X.

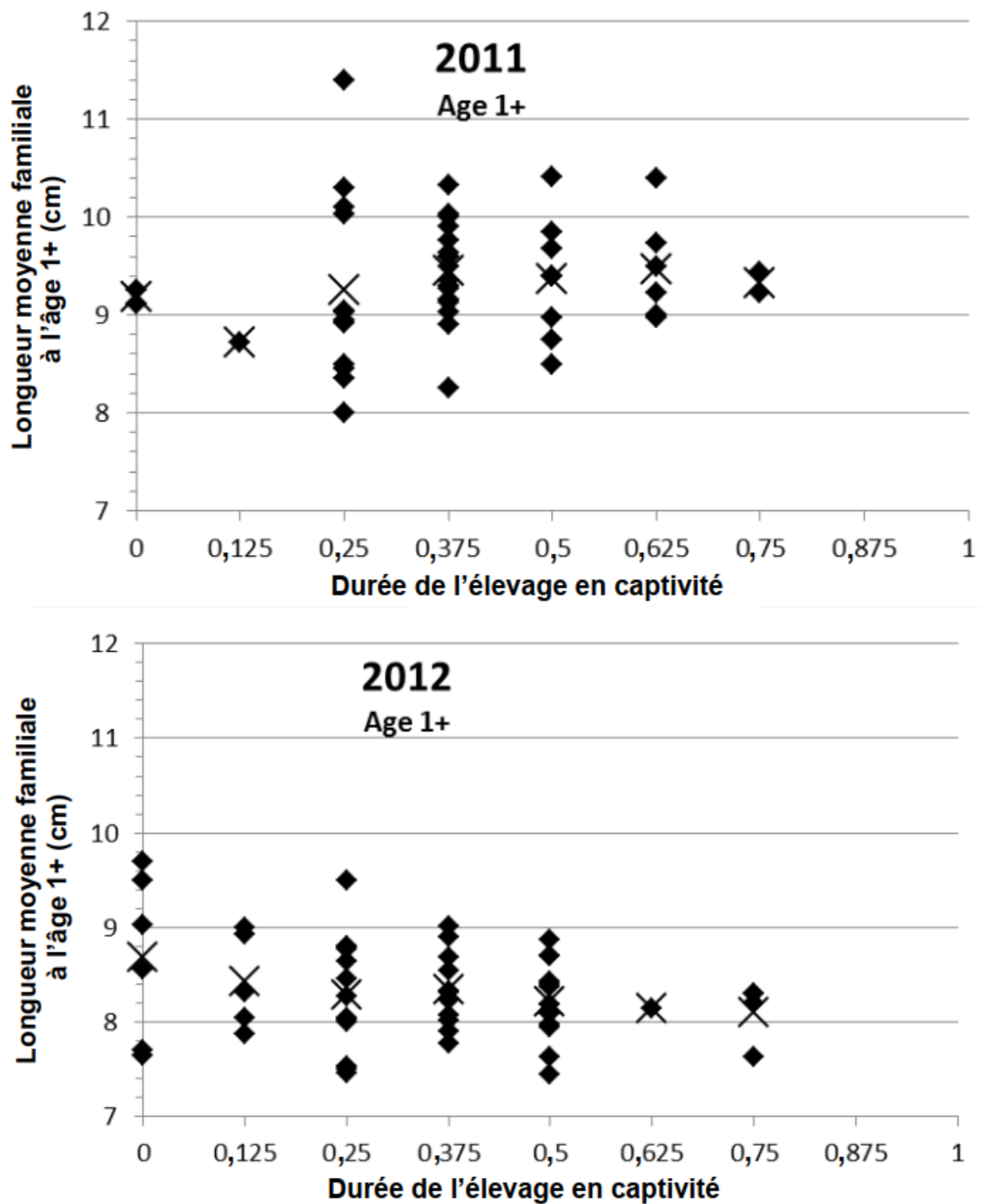


Figure 38. Longueur moyenne (cm) de la famille en tant que tacons d'âge 1+ capturés pour différents niveaux d'élevage en captivité précoce (juvéniles) (parents et grands-parents) pour les années de frai 2011–2012. La moyenne familiale de la longueur moyenne à chaque niveau d'élevage en captivité est indiquée par un grand X.

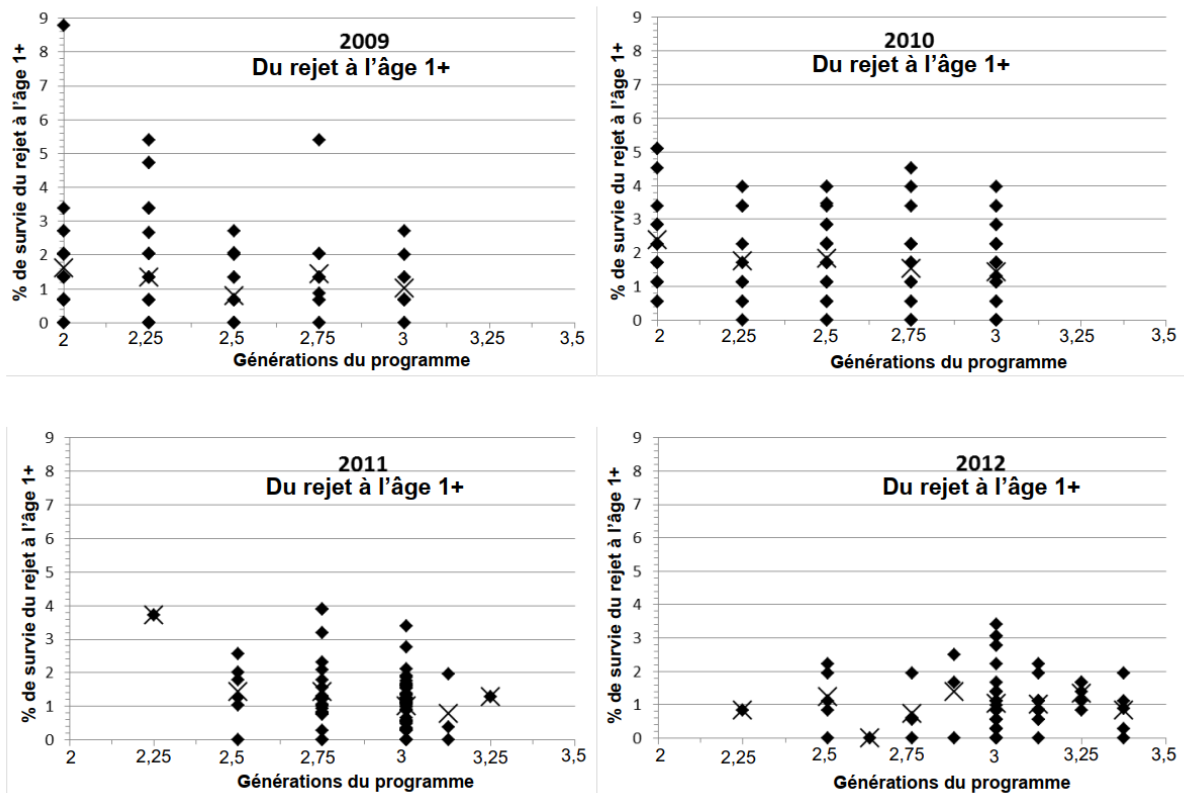


Figure 39. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ pour des familles affichant différents nombres de générations du programme, pour les années de frai 2009–2012. Le pourcentage moyen de récupération pour différentes générations de programmes est indiqué par un grand X.

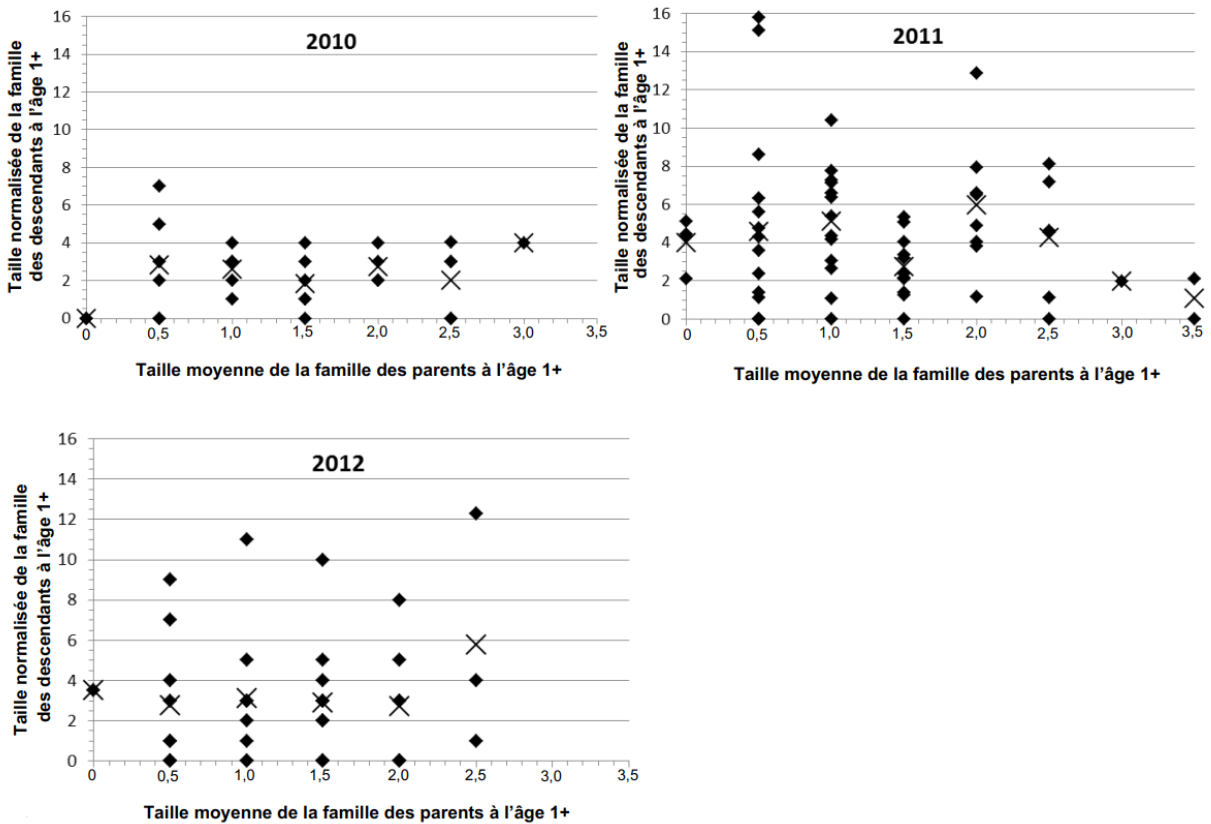


Figure 40. Taille normalisée de la famille des descendants dans la nature au moment de la capture à l'âge 1+ par rapport à la taille moyenne de la famille des parents dans la nature au moment de la capture à l'âge 1+ pour les années de frai 2010–2012. La taille moyenne de la famille des descendants à chaque niveau de la taille de la famille des parents est indiquée par un grand X. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de parents exposés au milieu naturel.

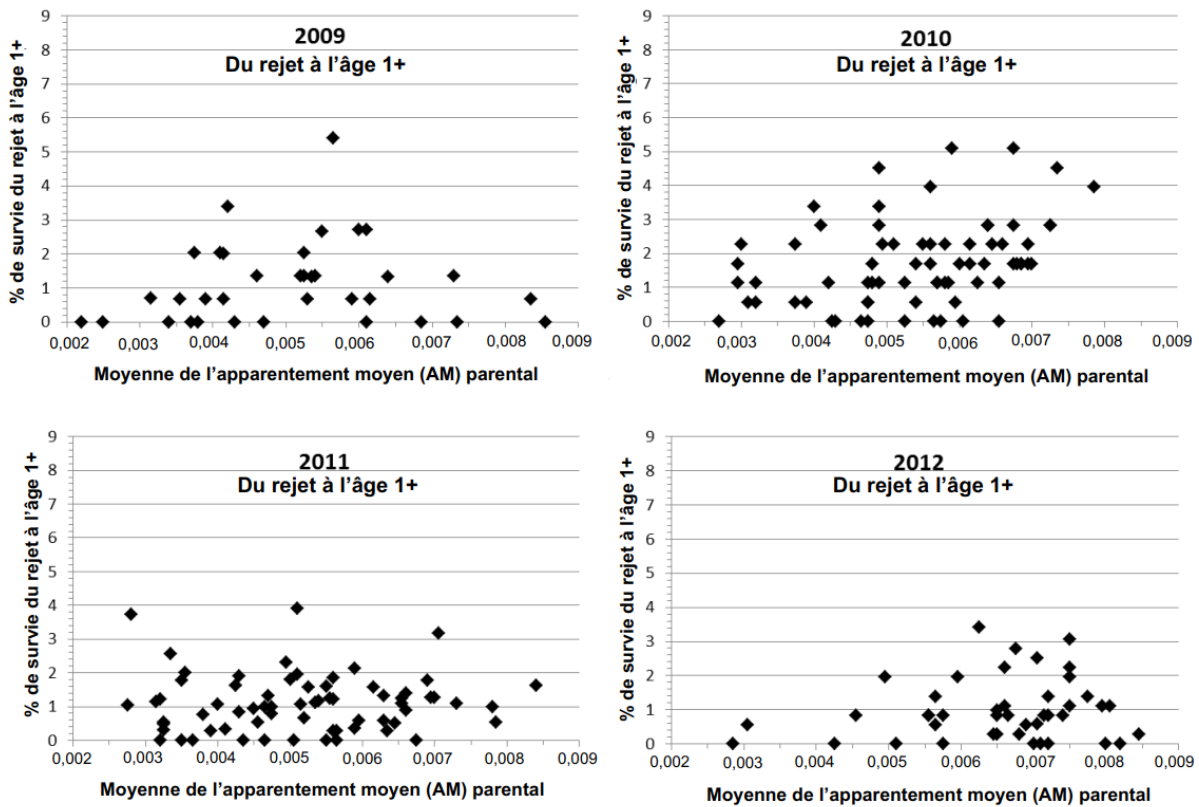


Figure 41. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à la moyenne de l'apparement moyen (AM) parental de la famille, pour les années de frai 2009–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.



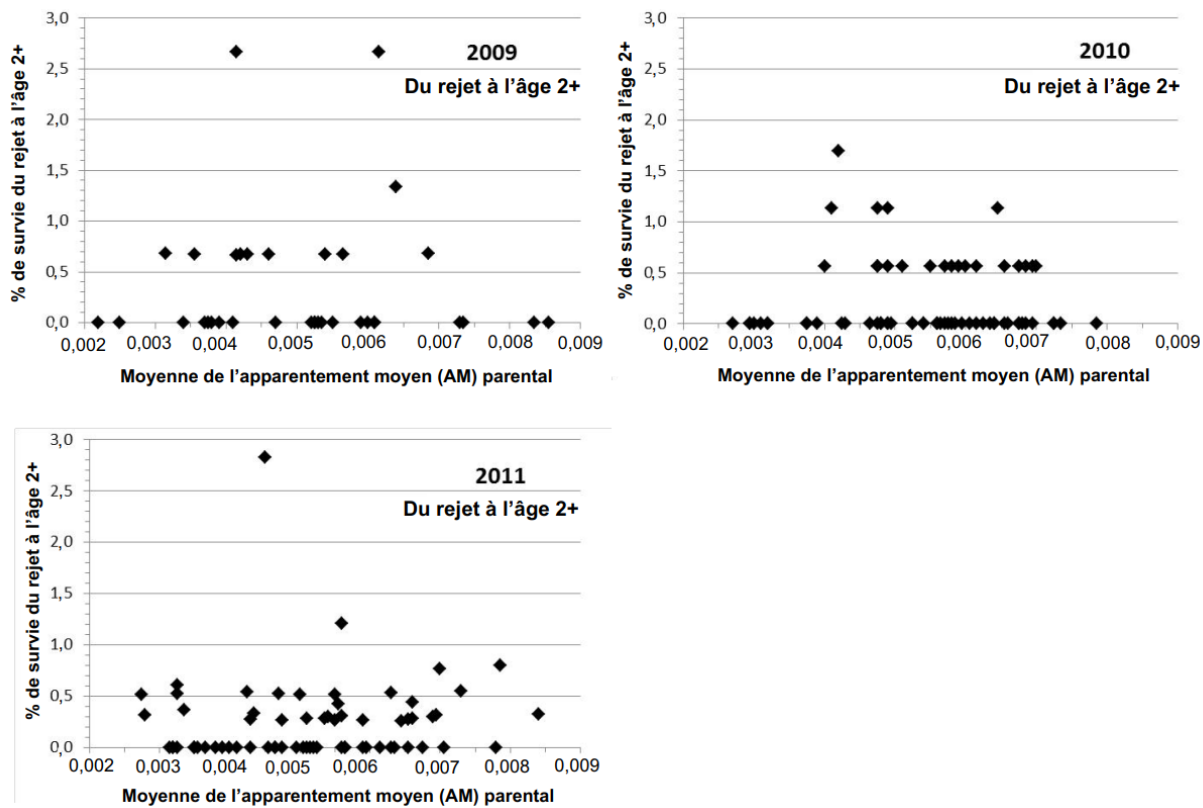


Figure 42. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 2+ par rapport à la moyenne de l'apparement moyen (AM) parental de la famille, pour les années de frai 2009–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.

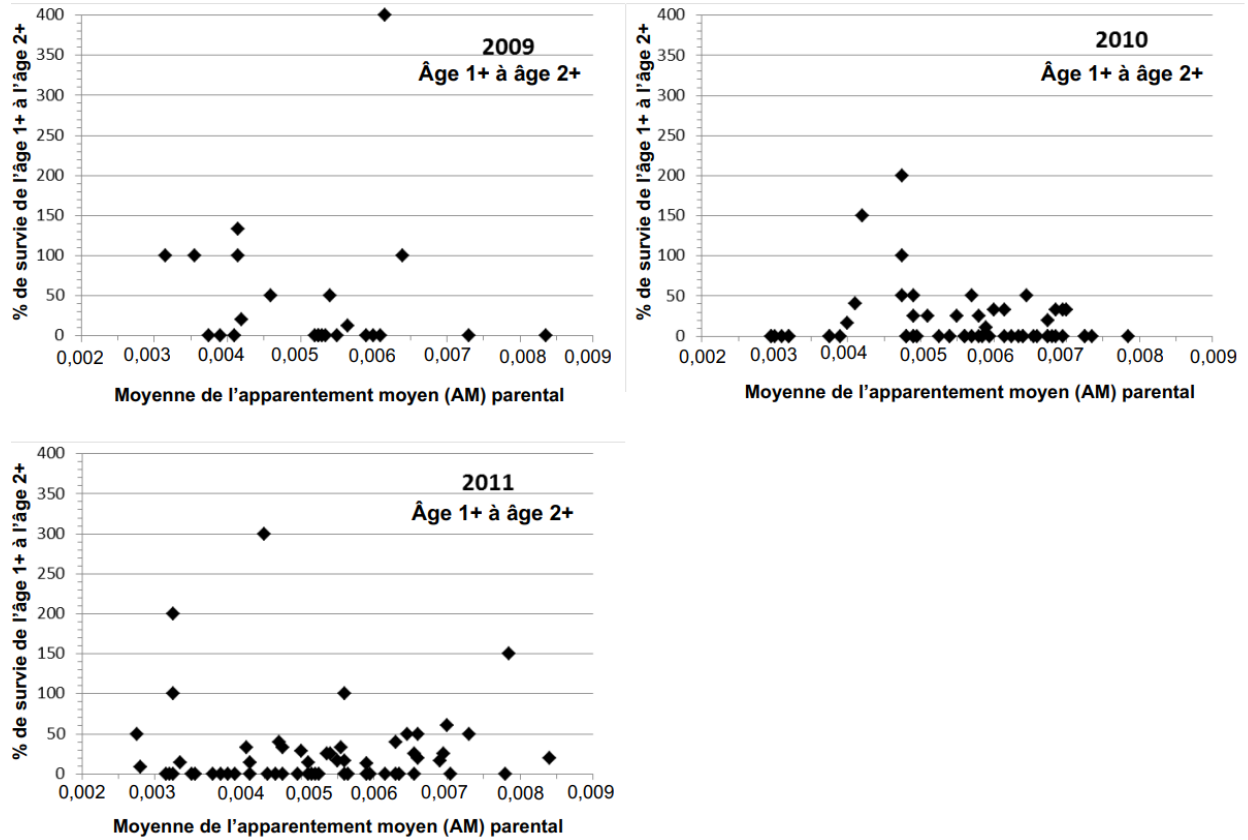


Figure 43. Pourcentage de survie de la famille depuis la capture en tant que tacons d'âge 1+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 2+ par rapport à la moyenne de l'apparement moyen (AM) parental de la famille, pour les années de frai 2009–2011. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.

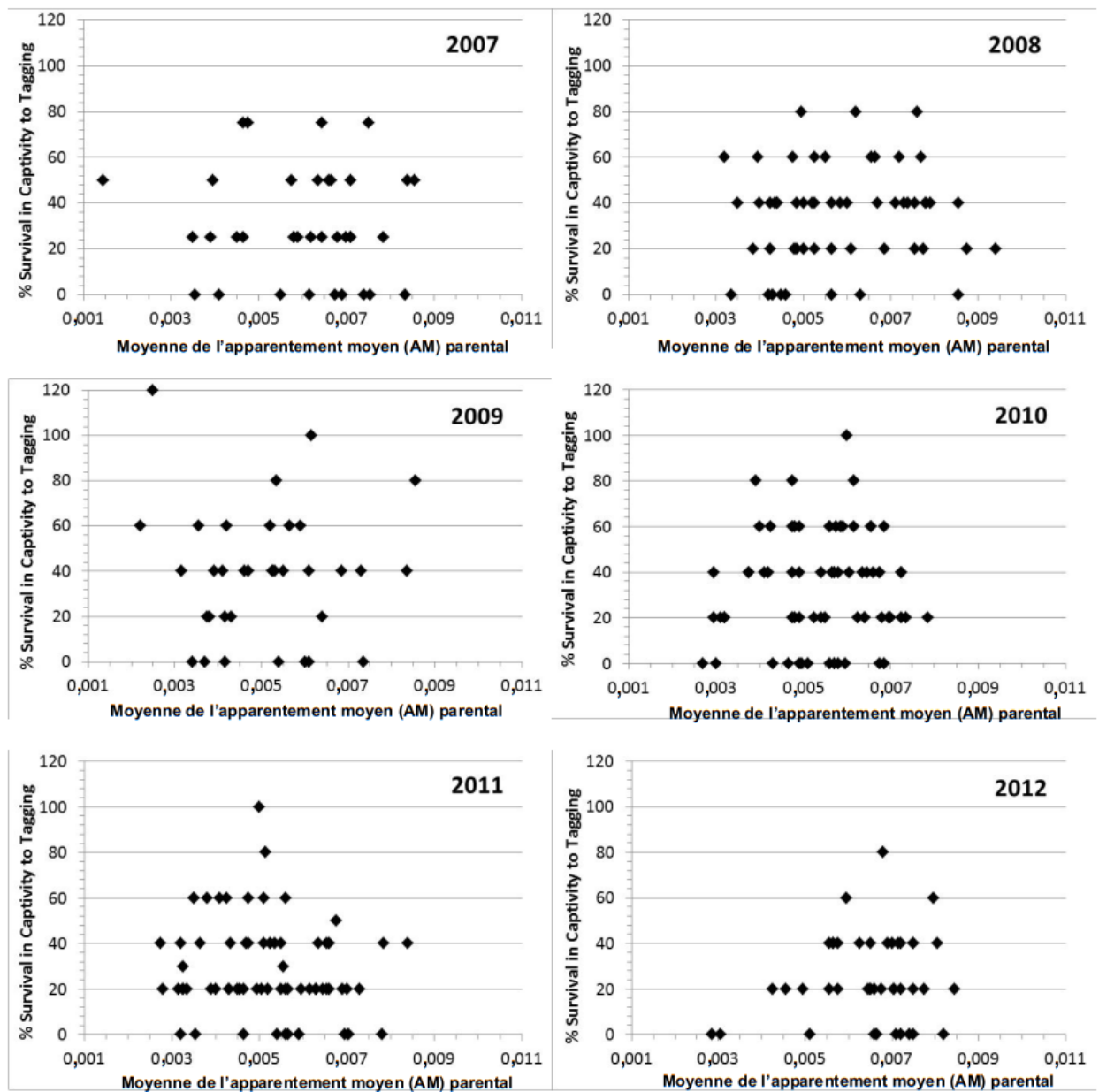


Figure 44. Pourcentage de survie de la famille en captivité depuis le choc (au stade de l'œuf, au milieu du développement) jusqu'au marquage (vers l'âge 4) par rapport à la moyenne de l'apparement moyen (AM) parental de la famille pour les années de frai 2007–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.

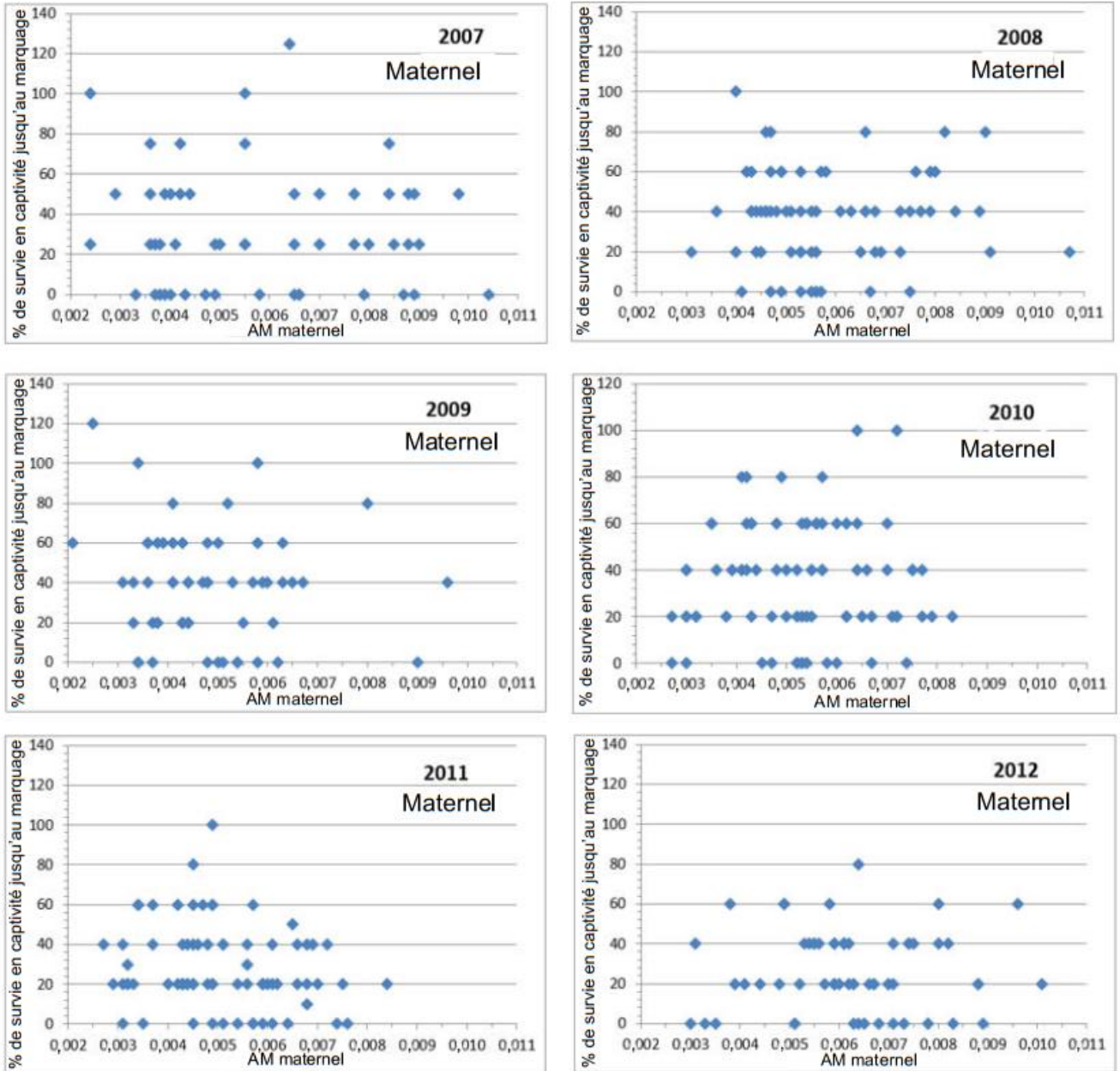


Figure 45. Pourcentage de survie de la famille en captivité depuis le choc (au stade de l'œuf, au milieu du développement) jusqu'au marquage (vers l'âge 4) par rapport à la moyenne de l'apparentement moyen (AM) maternel de la famille pour les années de frai 2007–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.

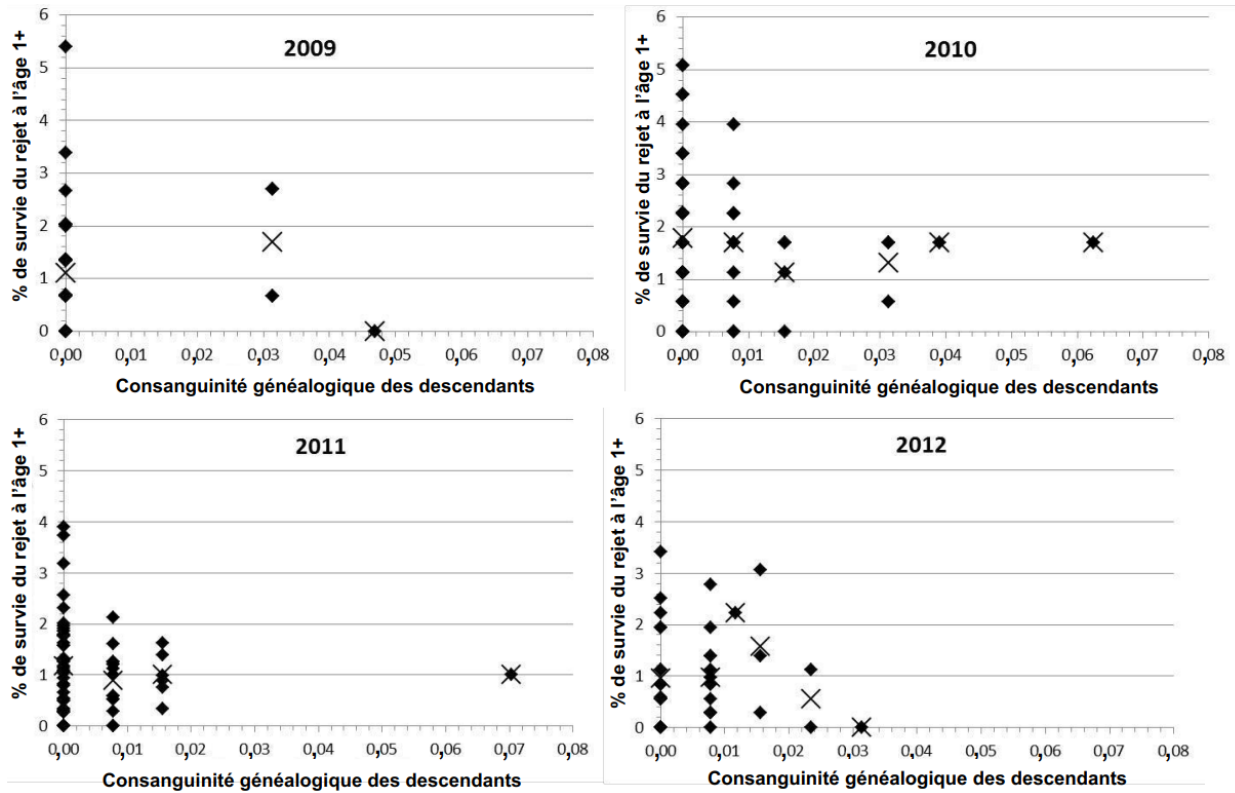


Figure 46. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport au niveau de consanguinité généalogique des descendants, pour les années de frai 2009–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel. Le pourcentage moyen de récupération dans les familles pour un niveau donné de consanguinité est indiqué par un grand X.

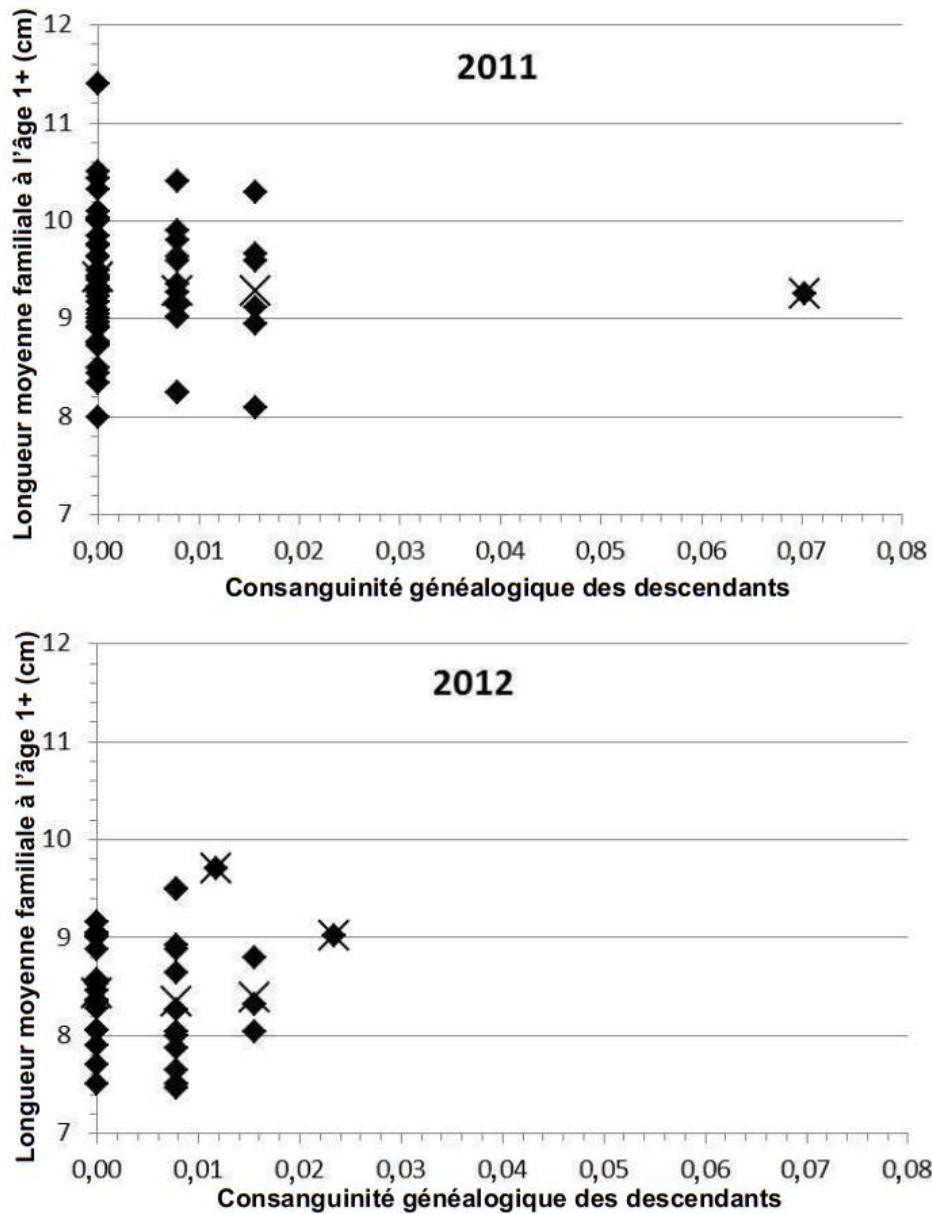


Figure 47. Longueur moyenne (cm) de la famille à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à la consanguinité généalogique des descendants, pour les années de frai 2011–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel. La moyenne familiale de la longueur moyenne à chaque niveau de consanguinité généalogique des descendants est indiquée par un grand X.

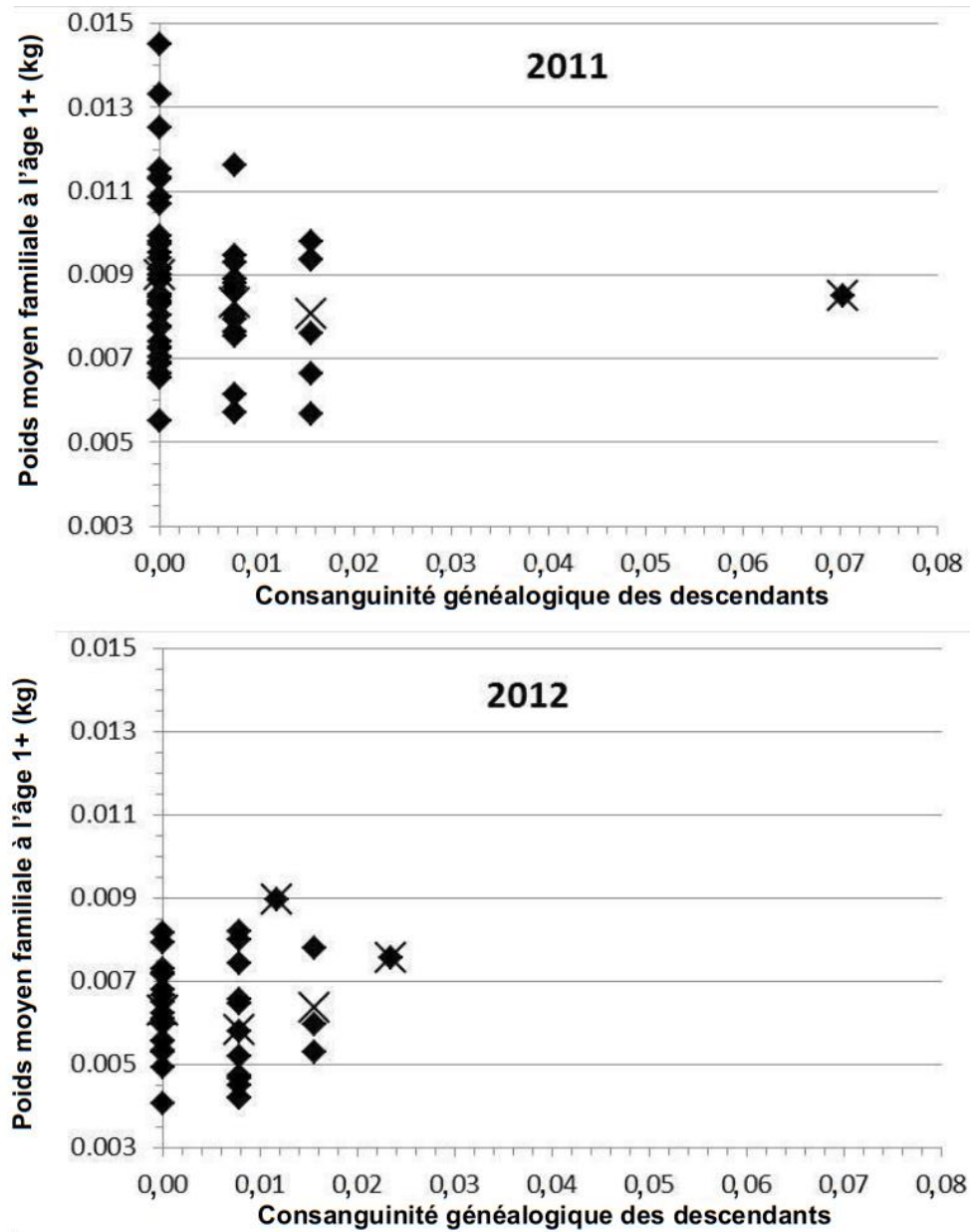


Figure 48. Poids moyen (kg) de la famille à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à la consanguinité généalogique des descendants, pour les années de frai 2011–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel. La moyenne familiale du poids moyen à chaque niveau de consanguinité généalogique des descendants est indiquée par un grand X.

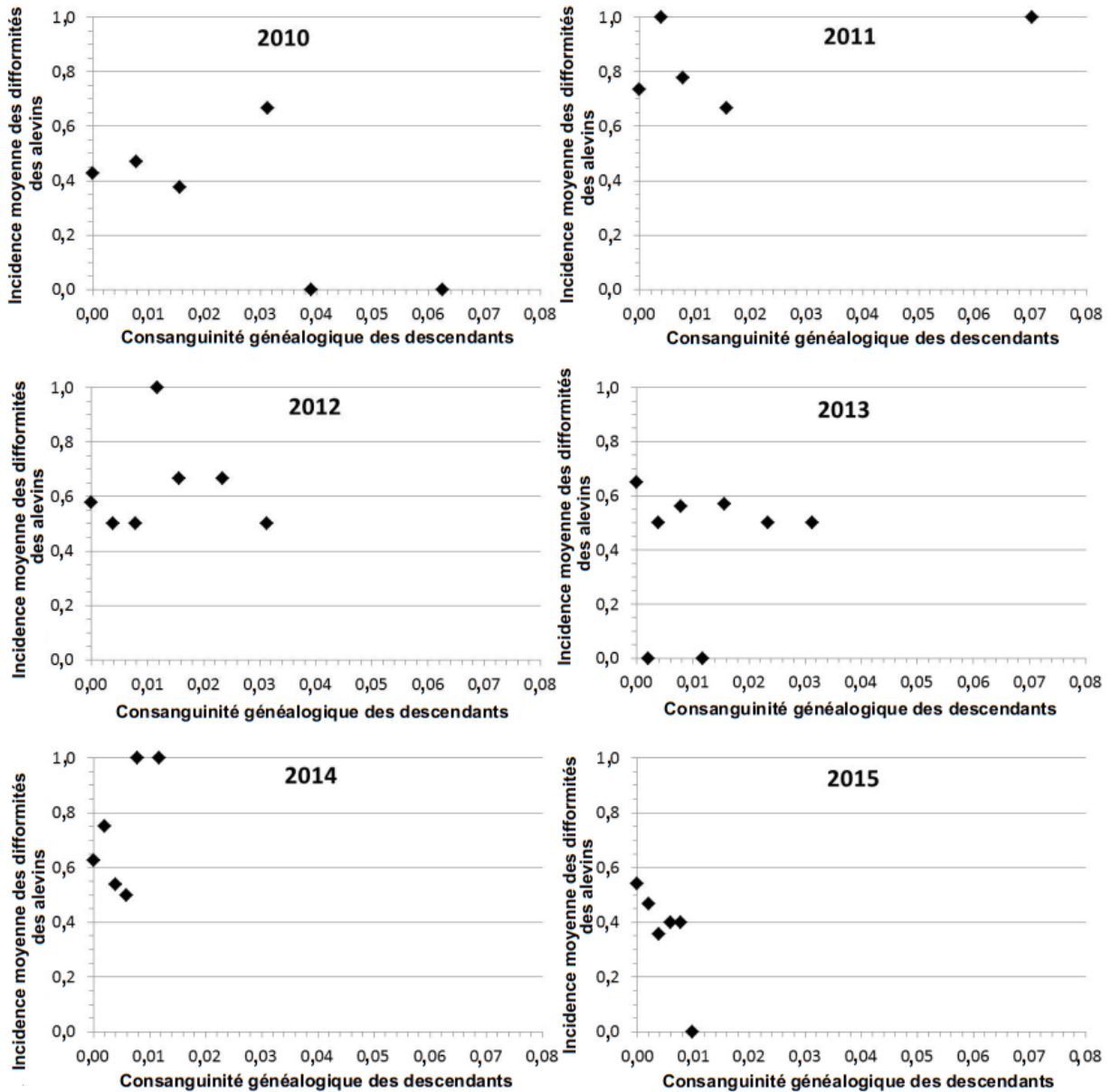


Figure 49. Incidence familiale moyenne des difformités au stade des alevins d'âge 0+ par rapport à la consanguinité généalogique des descendants, pour les années de frai 2010–2015. Les résultats comprennent les données sur les descendants de parents élevés en captivité et de parents exposés au milieu naturel.



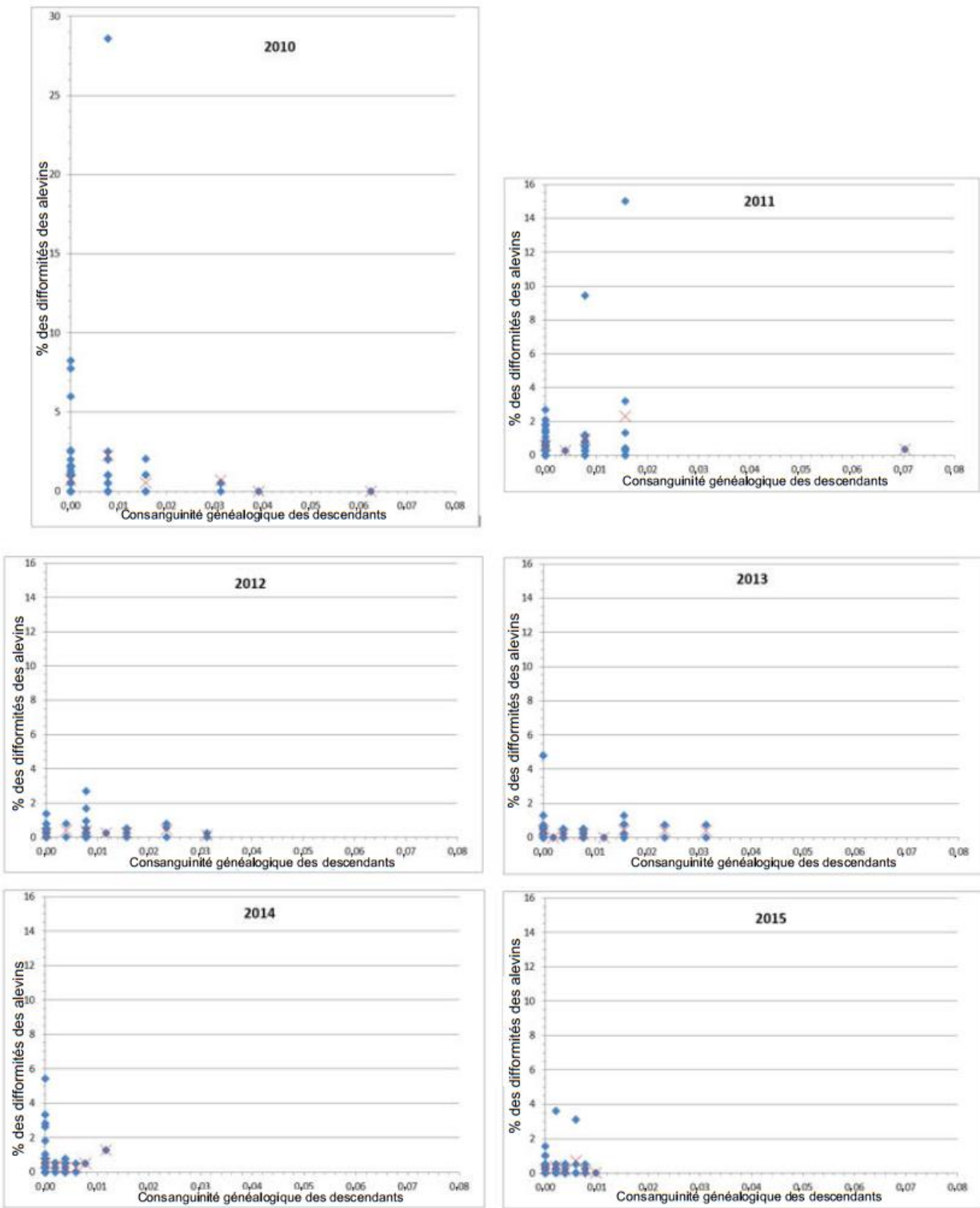


Figure 50. Pourcentage familial des difformités au stade d'alevins d'âge 0 par rapport à la consanguinité généalogique des descendants pour les années de frai 2010–2015. Les résultats comprennent les données sur les descendants de parents exposés au milieu naturel et de parents élevés en captivité. Le pourcentage moyen de difformités entre les familles à chaque niveau de consanguinité est indiqué par un X.

---

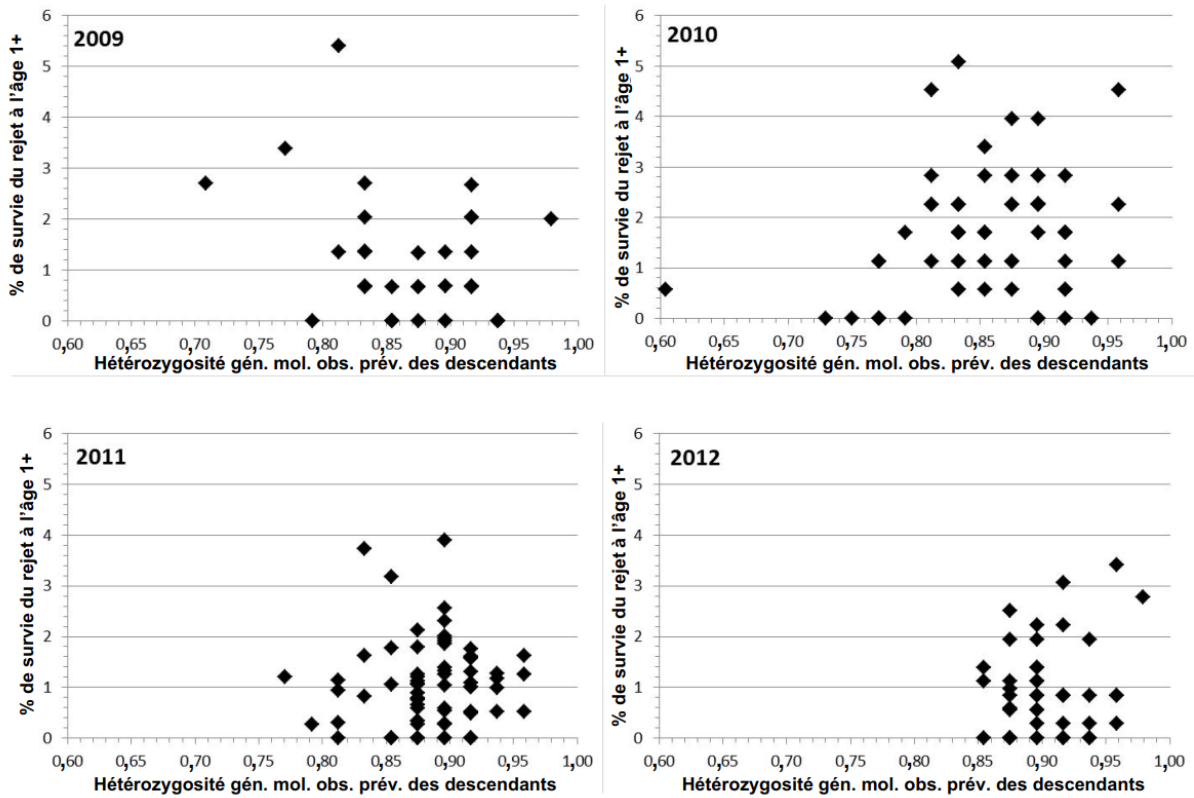


Figure 51. Pourcentage de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'hétérozygotie observée prévue chez les descendants, pour les années de frai 2009–2012. Les résultats ne comprennent que les données sur les descendants de deux parents exposés au milieu naturel.

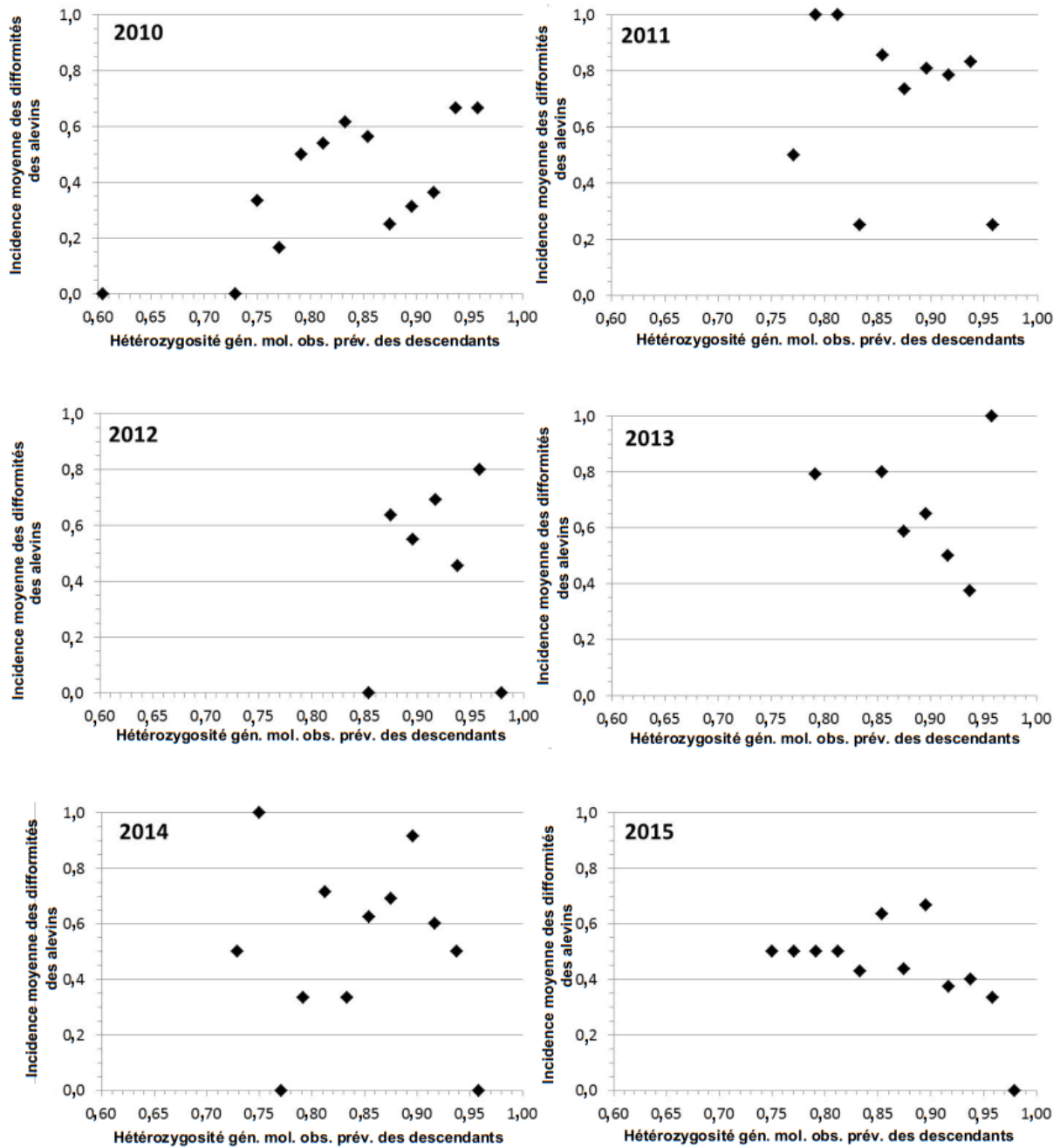


Figure 52. Incidence familiale moyenne des difformités chez les alevins d'âge 0+ par rapport à l'hétérozygotie observée prévue chez les descendants, pour les années de frai 2010–2015. Les résultats comprennent les données sur les descendants de parents élevés en captivité et de parents exposés au milieu naturel.

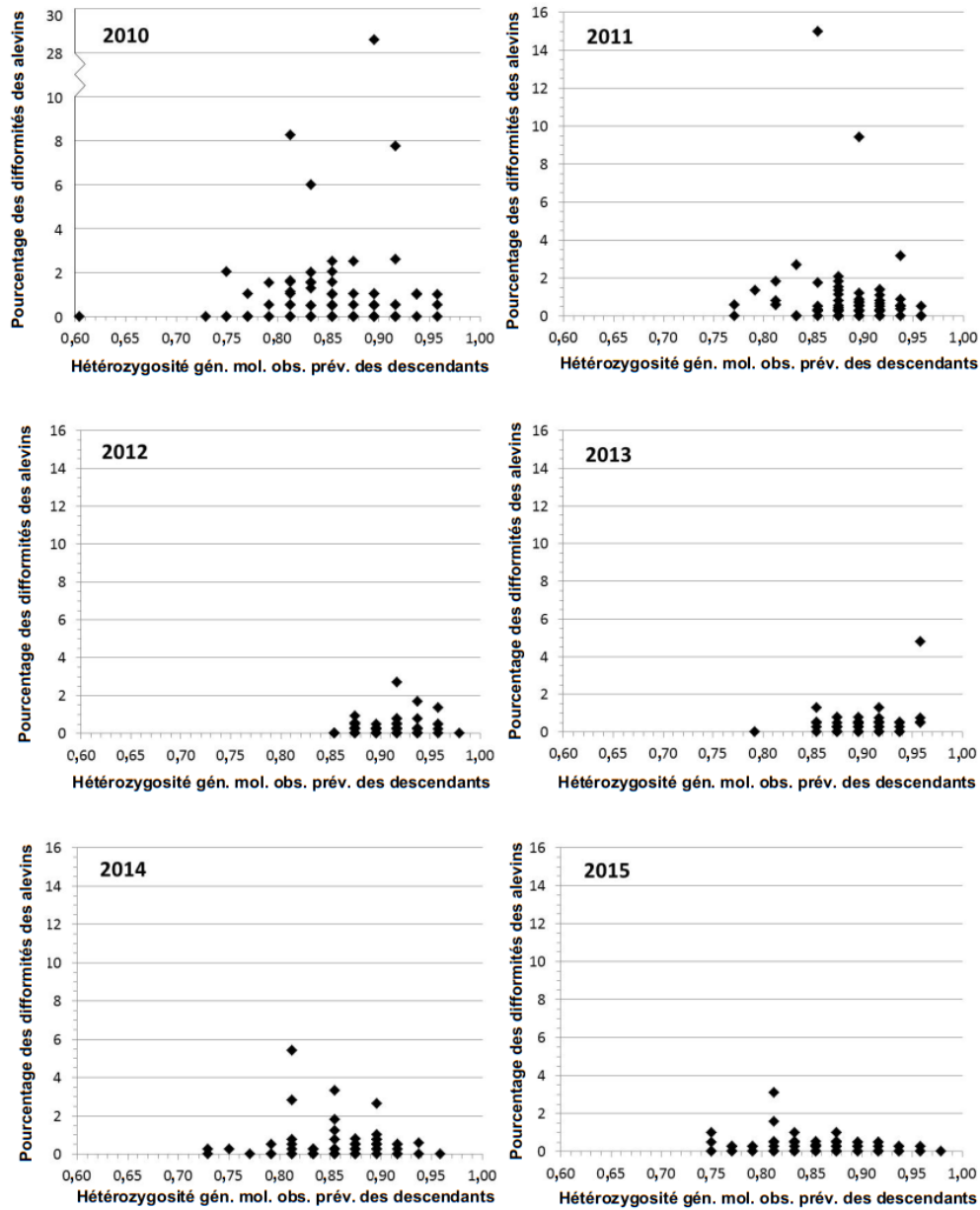


Figure 53. Pourcentage familial des difformités chez les alevins d'âge 0+ par rapport à l'hétérozygotie observée chez la progéniture prévue, pour les années de frai 2010–2015. Les résultats comprennent les données sur les descendants de parents exposés au milieu naturel et de parents élevés en captivité.

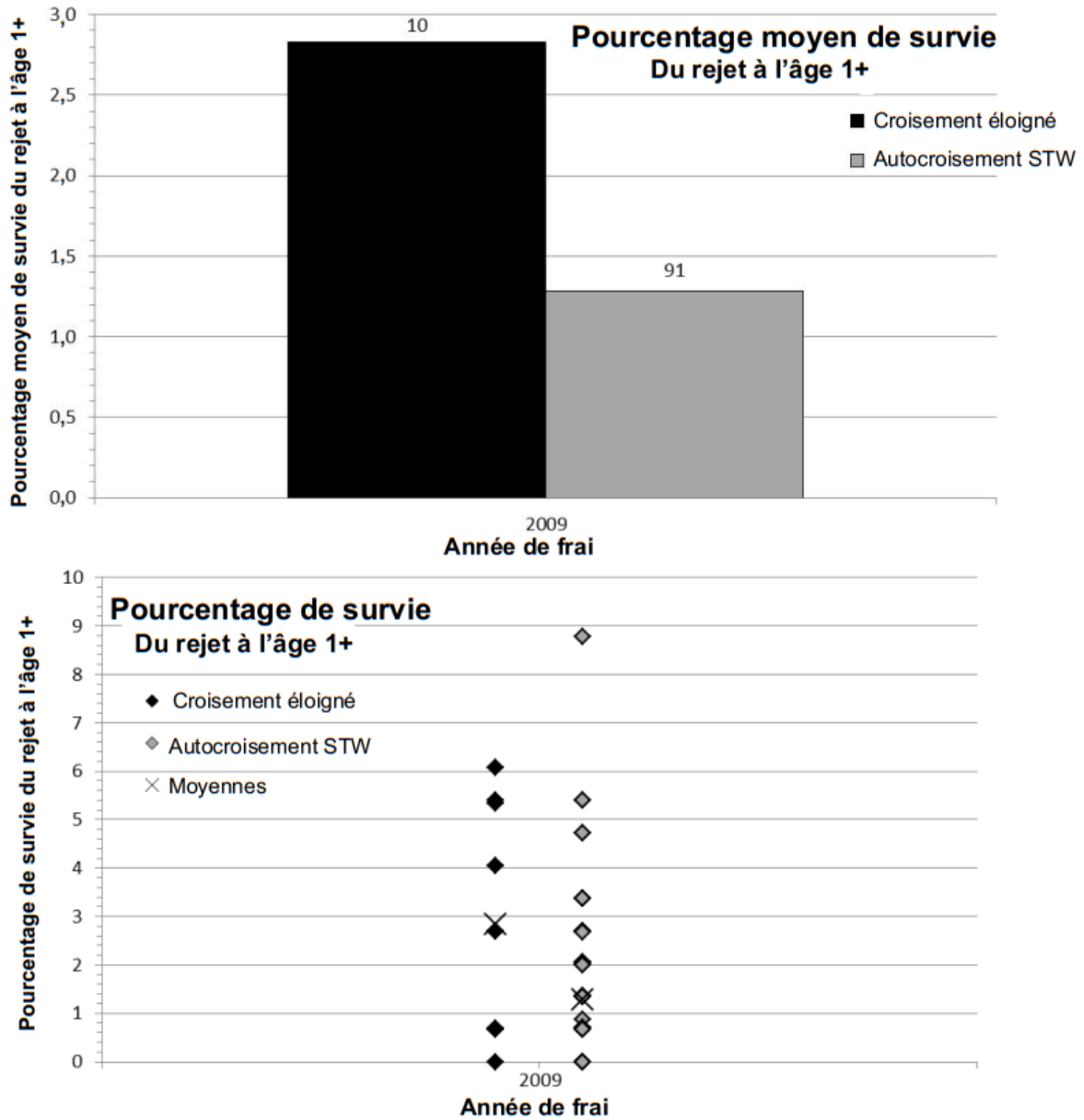


Figure 54. Pourcentage moyen (panneau supérieur) et individuel (panneau inférieur) de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ pour deux types de croisements parentaux, le croisement éloigné du nord du bassin Minas X Stewiacke (croisement éloigné) et l'autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour l'année de frai 2009. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

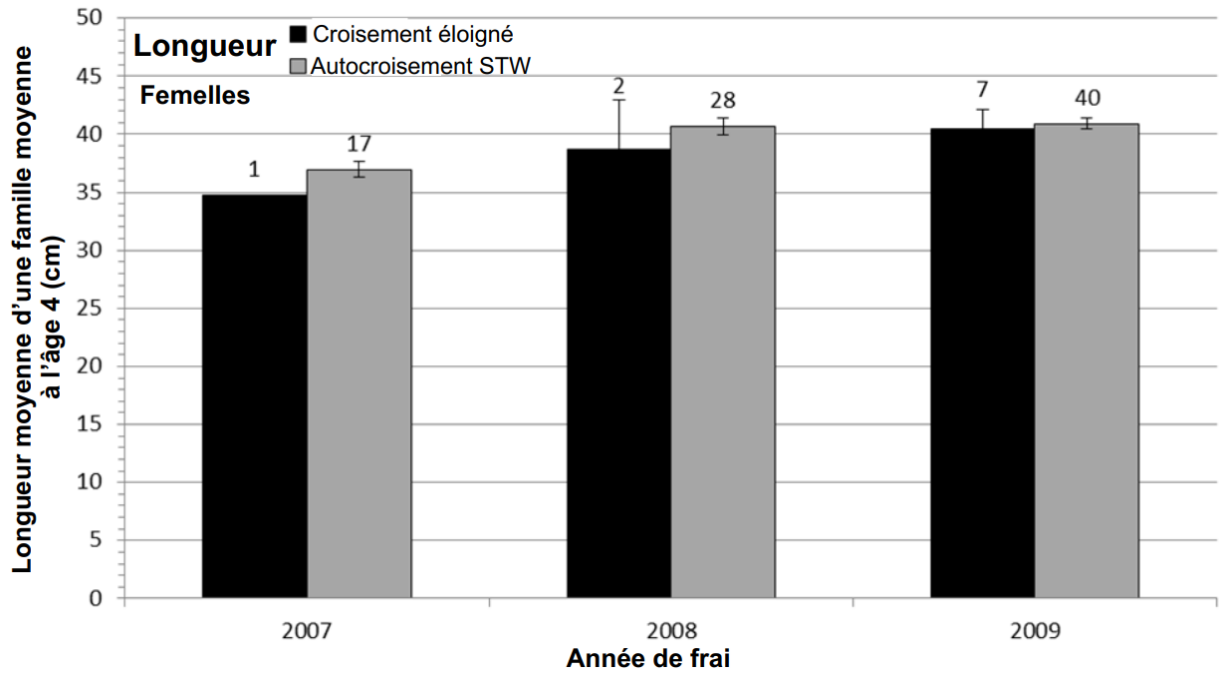


Figure 55. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) à l'âge 4+, femelles seulement, pour deux types de croisements parentaux, pour les deux types de croisements parentaux, le croisement éloigné du nord du bassin Minas X Stewiacke (croisement éloigné) et l'autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour les années de frai 2007–2009. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

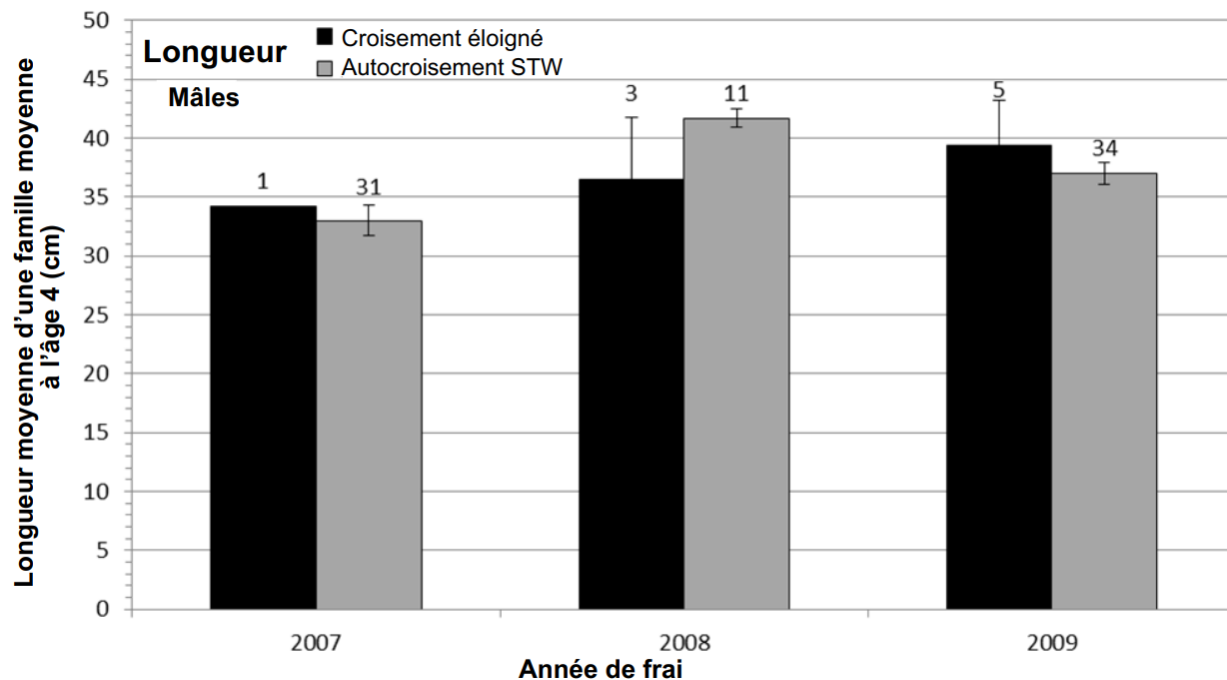


Figure 56. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) à l'âge 4+, mâles seulement, pour deux types de croisements parentaux, pour les deux types de croisements parentaux, le croisement éloigné du nord du bassin Minas X Stewiacke (croisement éloigné) et l'autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour les années de frai 2007–2009. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.



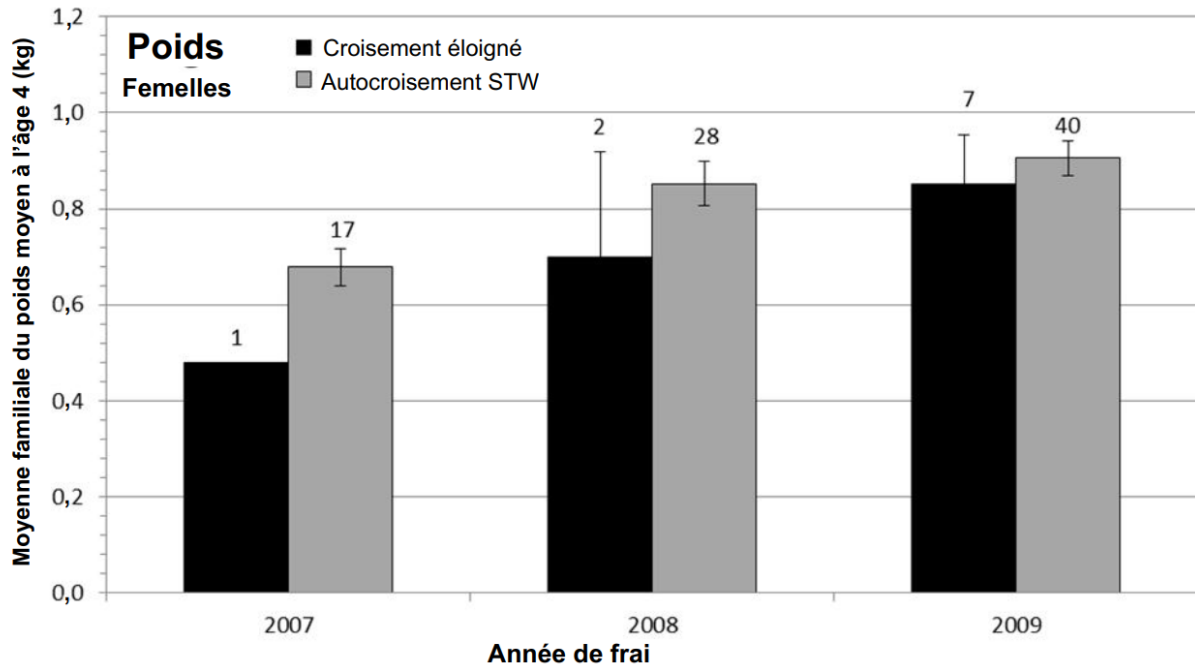


Figure 57. Moyenne familiale du poids moyen (kg) à l'âge 4+, femelles seulement, pour deux types de croisements parentaux, pour les deux types de croisements parentaux, le croisement éloigné du nord du bassin Minas X Stewiacke (croisement éloigné) et l'autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour les années de frai 2007–2009. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

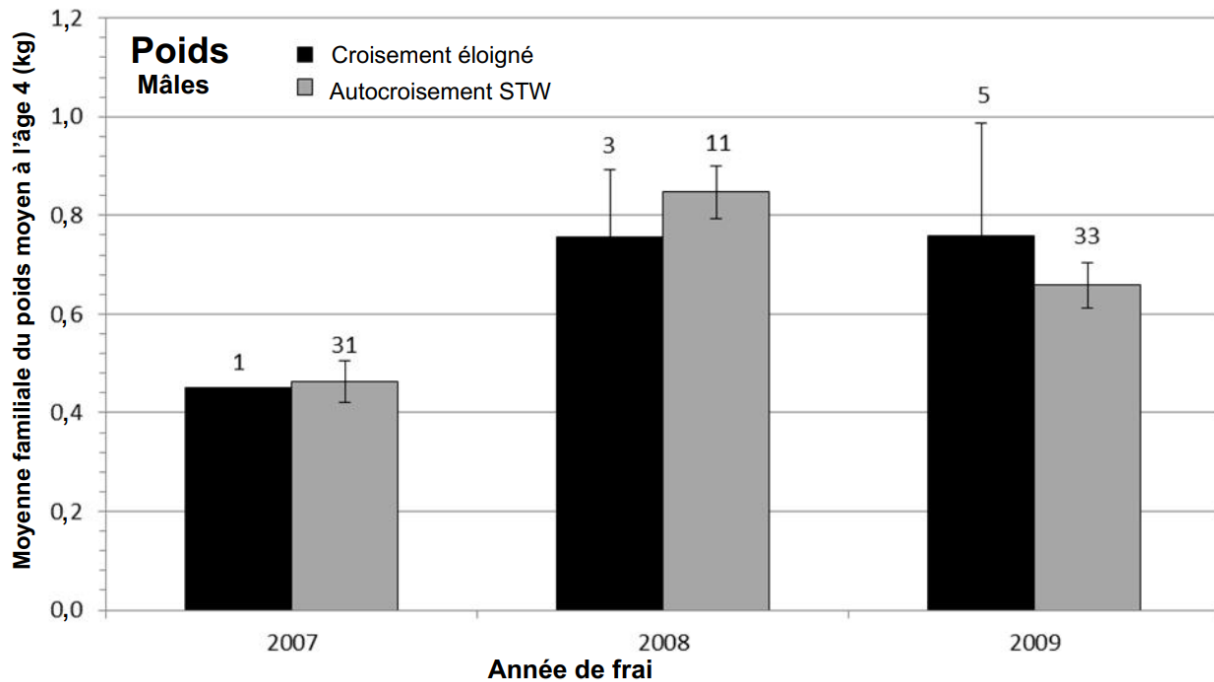


Figure 58. Moyenne familiale du poids moyen (kg) à l'âge 4+, mâles seulement, pour deux types de croisements parentaux, pour les deux types de croisements parentaux, le croisement éloigné du nord du bassin Minas X Stewiacke (croisement éloigné) et l'autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour les années de frai 2007–2009. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des adultes utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

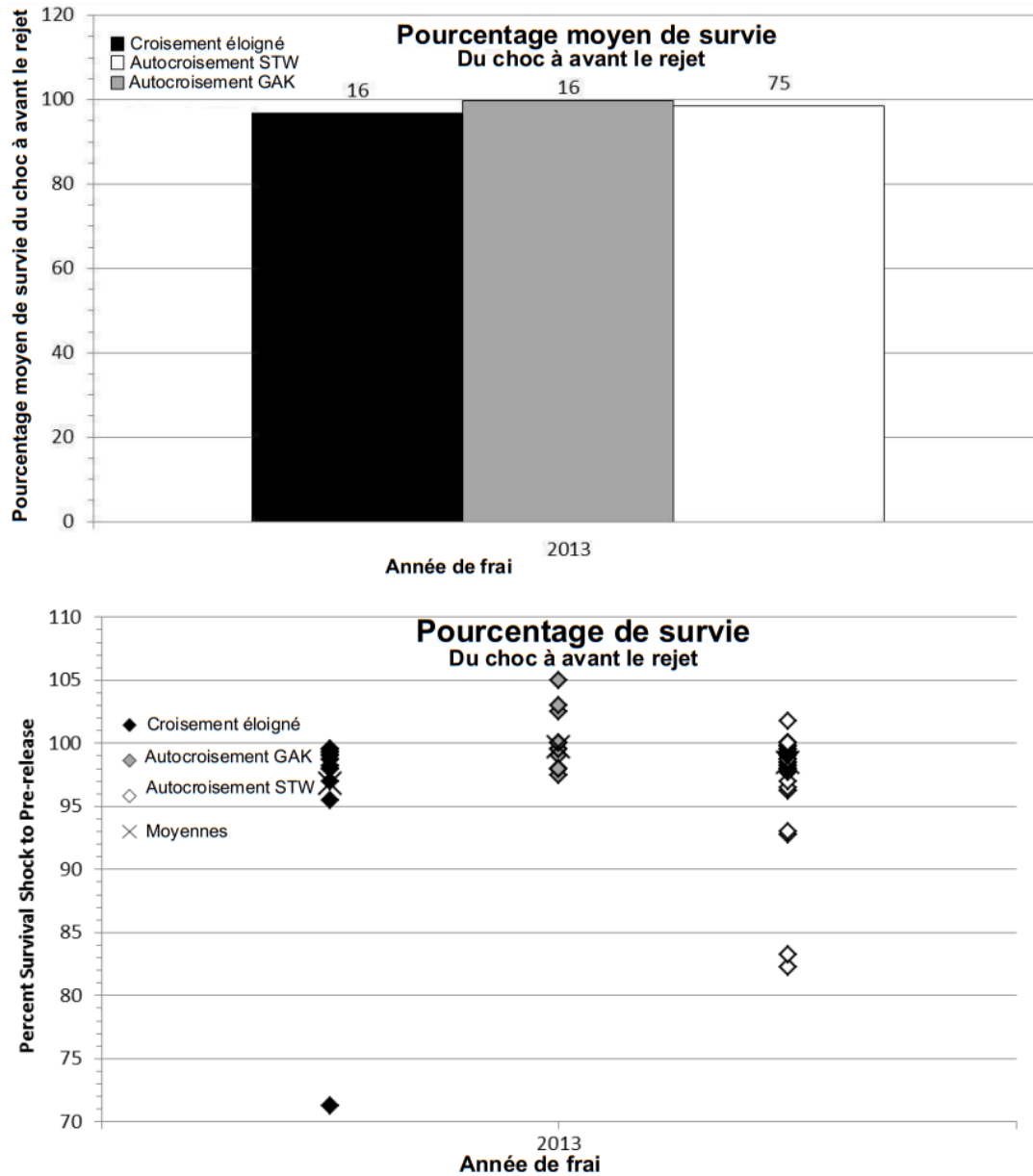


Figure 59. Pourcentage moyen (panneau supérieur) et individuel (panneau inférieur) de survie de la famille, depuis le choc (au stade de l'œuf, au milieu du développement) jusqu'au rejet en tant qu'alevins d'âge 0+, pour trois types de croisements parentaux, croisement éloigné Gaspereau X Stewiacke (croisement éloigné), autocroisement Gaspereau X Gaspereau (autocroisement GAK) et autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour l'année de frai 2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

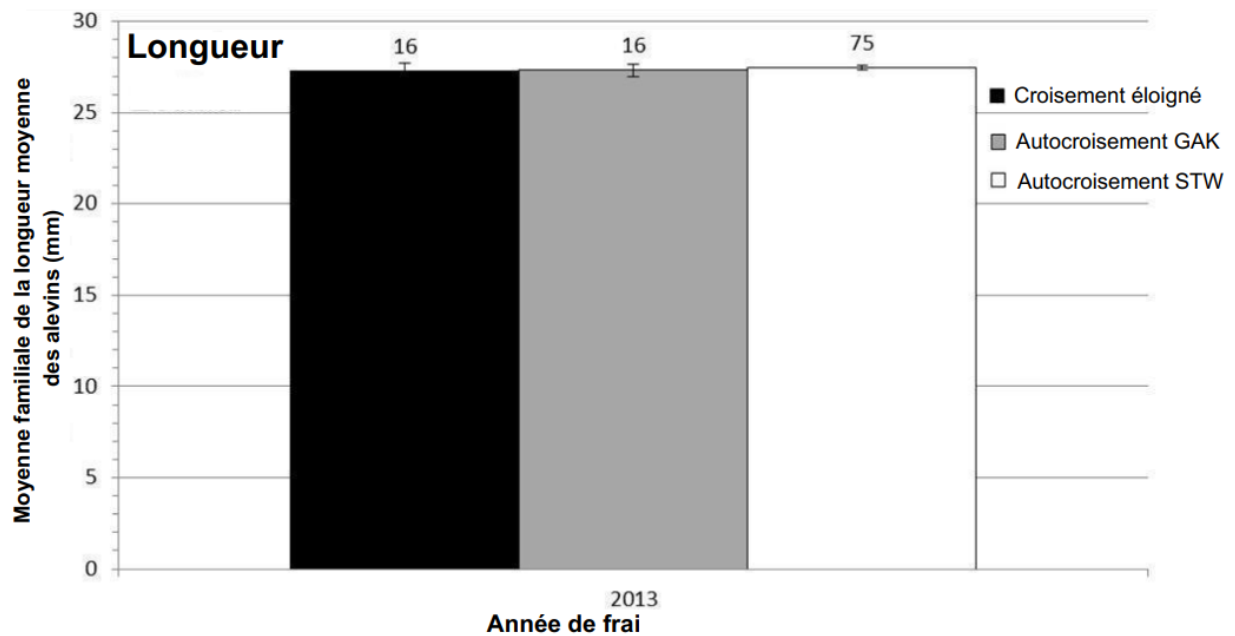


Figure 60. Moyenne familiale de la longueur moyenne (mm) en tant qu'alevins d'âge 0+ pour trois types de croisements parentaux, croisement éloigné Gaspereau X Stewiacke (croisement éloigné), autocroisement Gaspereau X Gaspereau (autocroisement GAK) et autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour l'année de frai 2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

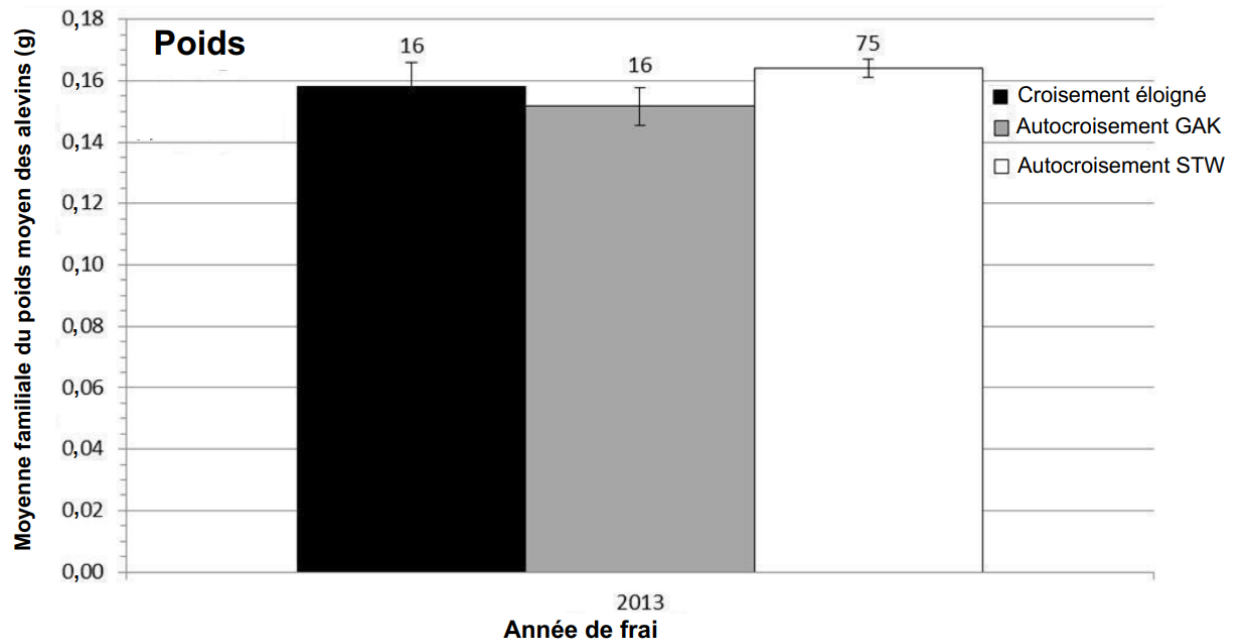


Figure 61. Moyenne familiale du poids moyen (g) en tant qu'alevins d'âge 0+ pour trois types de croisements parentaux, croisement éloigné Gaspereau X Stewiacke (croisement éloigné), autocroisement Gaspereau X Gaspereau (autocroisement GAK) et autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour l'année de frai 2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

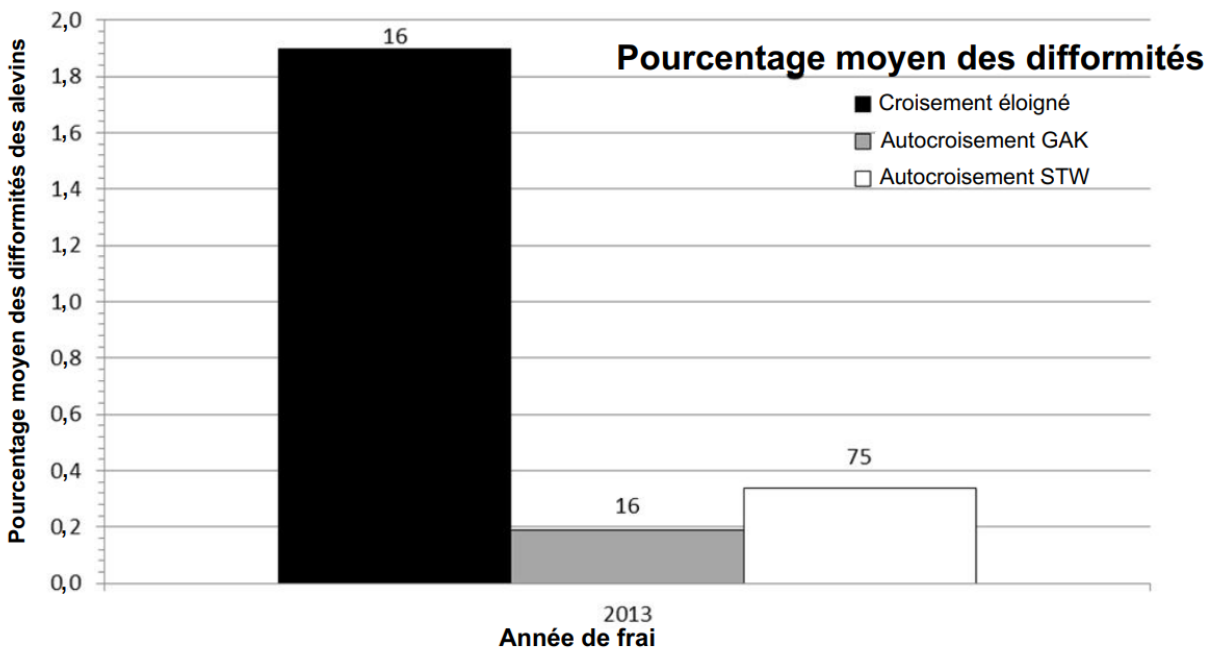


Figure 62. Moyenne familiale du pourcentage des difformités chez les alevins d'âge 0+ pour trois types de croisements parentaux, croisement éloigné Gaspereau X Stewiacke (croisement éloigné), autocroisement Gaspereau X Gaspereau (autocroisement GAK) et autocroisement Stewiacke X Stewiacke (autocroisement STW), pour l'année de frai 2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

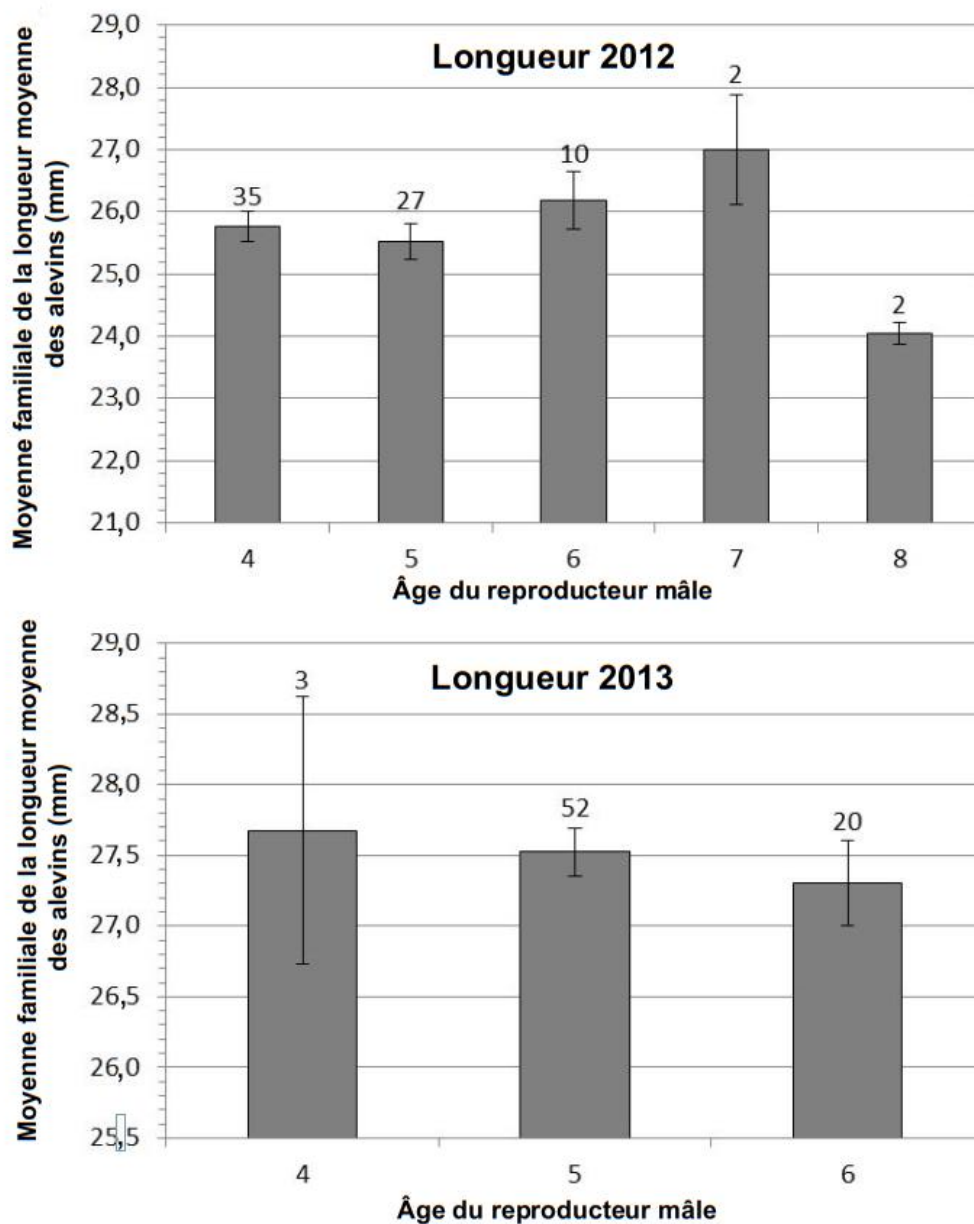


Figure 63. Moyenne familiale de la longueur moyenne (mm) en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années de frai 2012–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

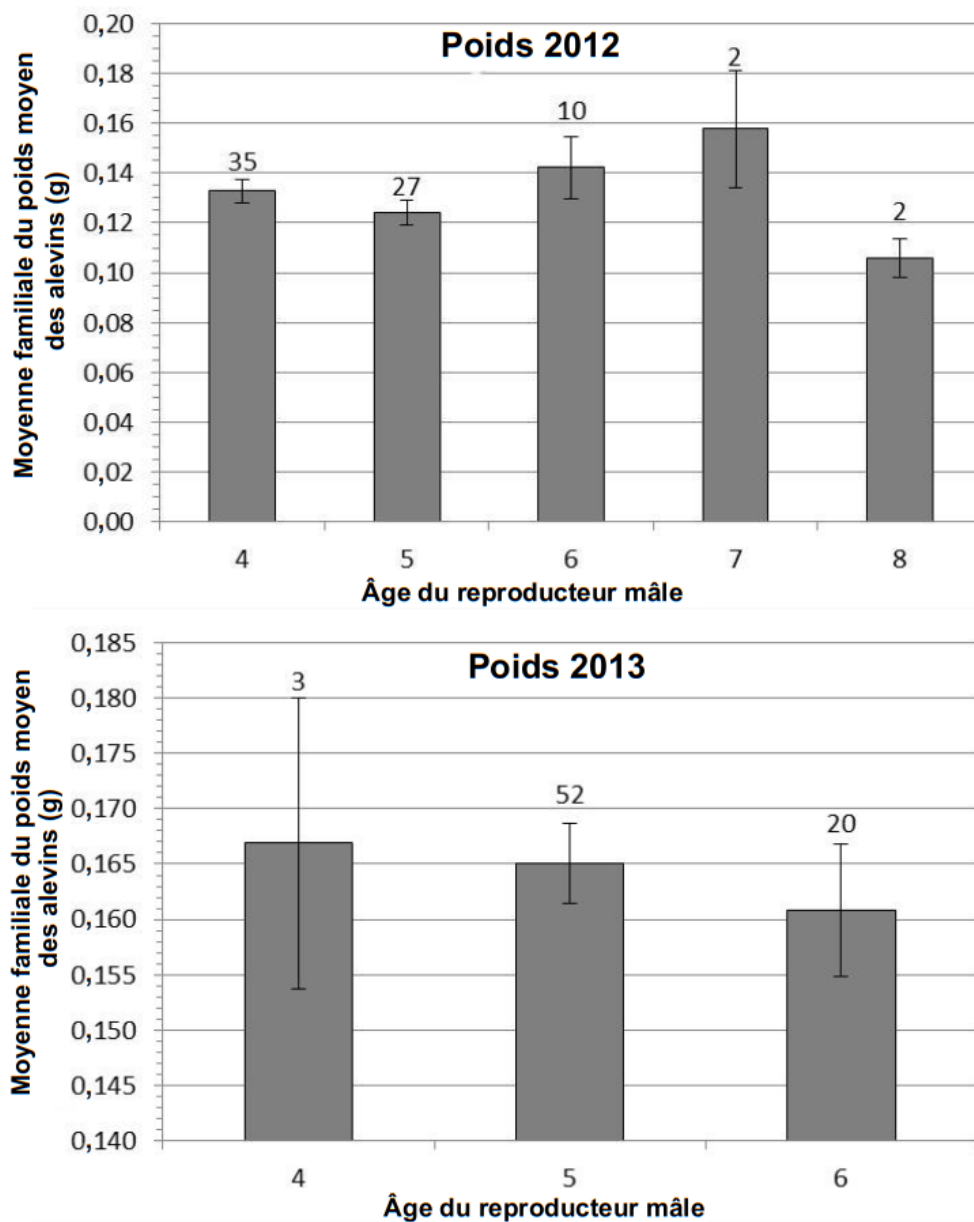


Figure 64. Moyenne familiale du poids moyen (g) en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années de frai 2012–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.



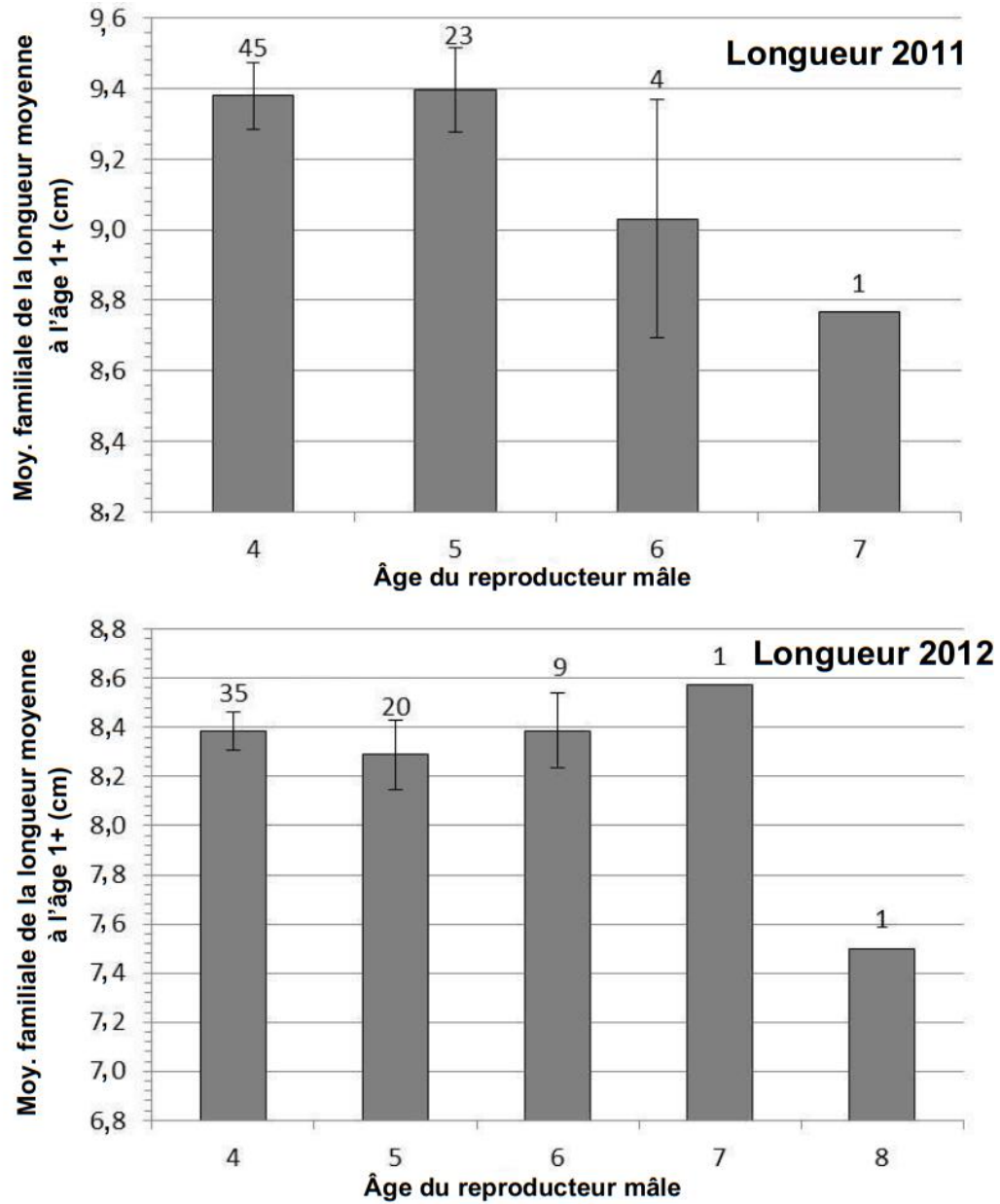


Figure 65. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années de frai 2011–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

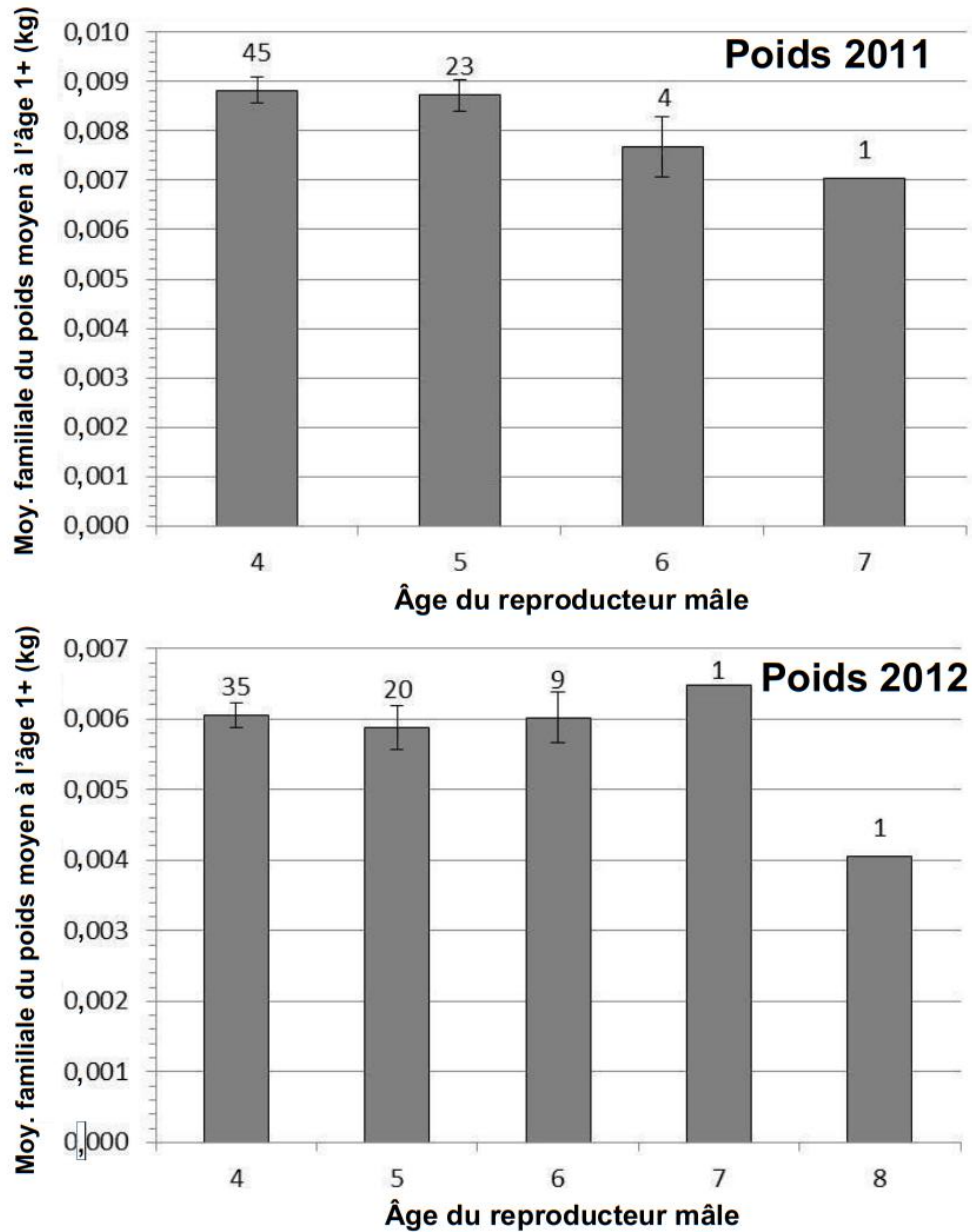


Figure 66. Moyenne familiale du poids moyen (kg) en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années de frai 2011–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

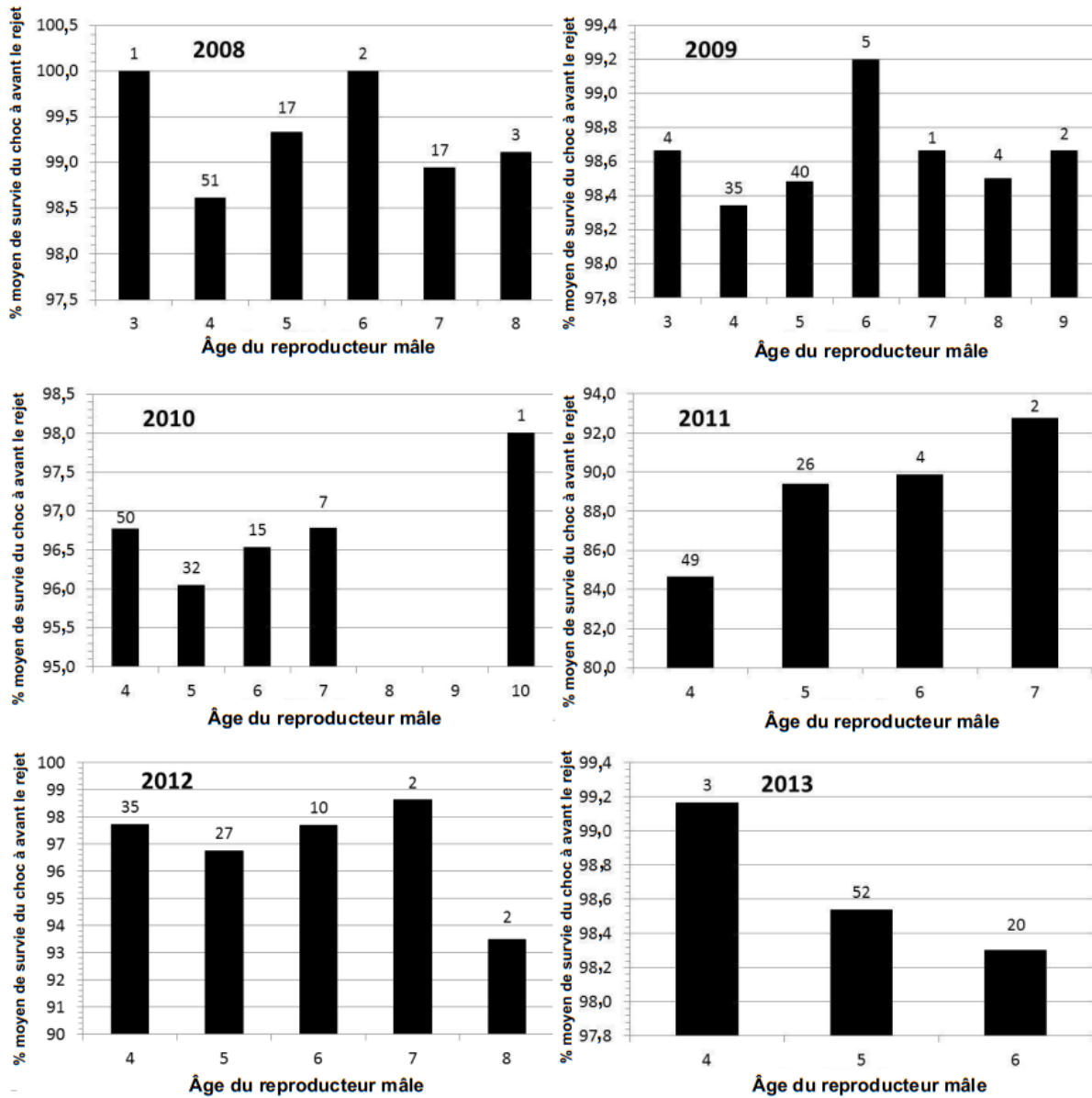


Figure 67. Pourcentage moyen de survie de la famille depuis le choc (au stade de l'œuf, au milieu du développement) jusqu'à avant le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années 2008–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

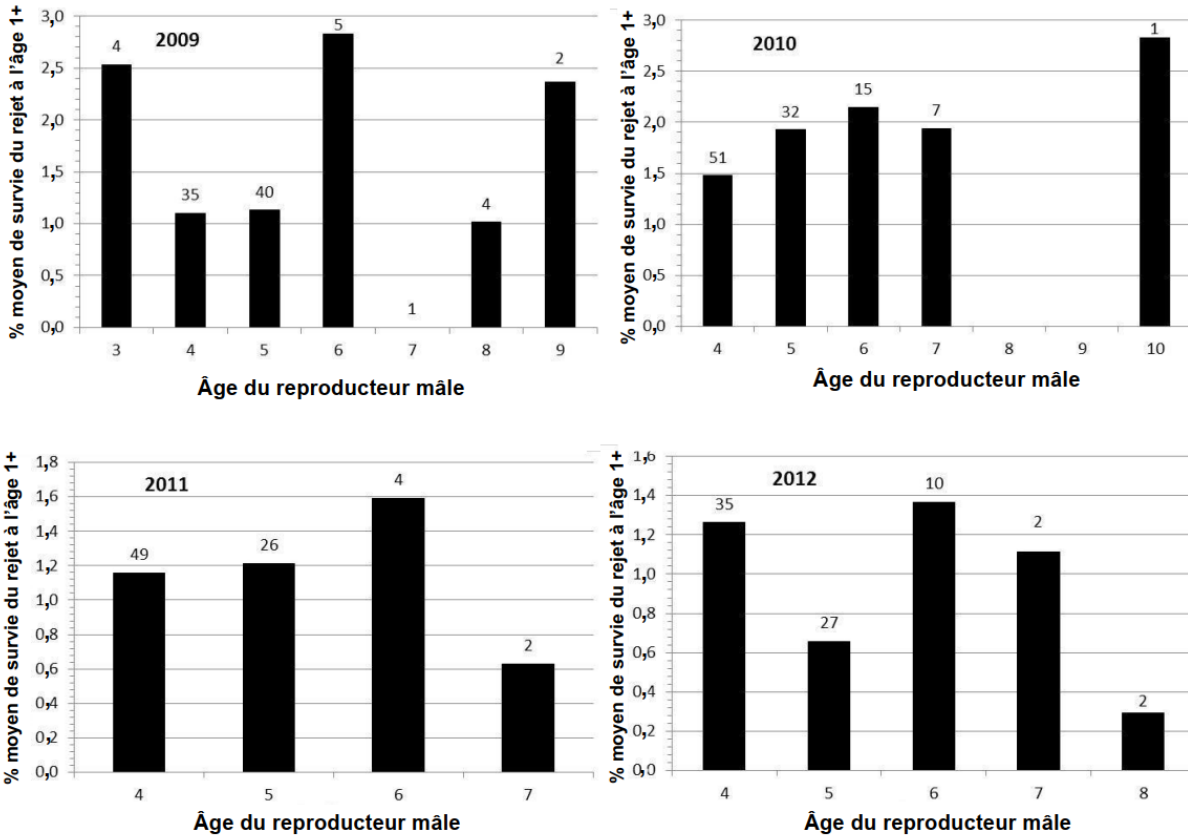


Figure 68. Pourcentage moyen de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent paternel au moment du frai, pour les années 2009–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

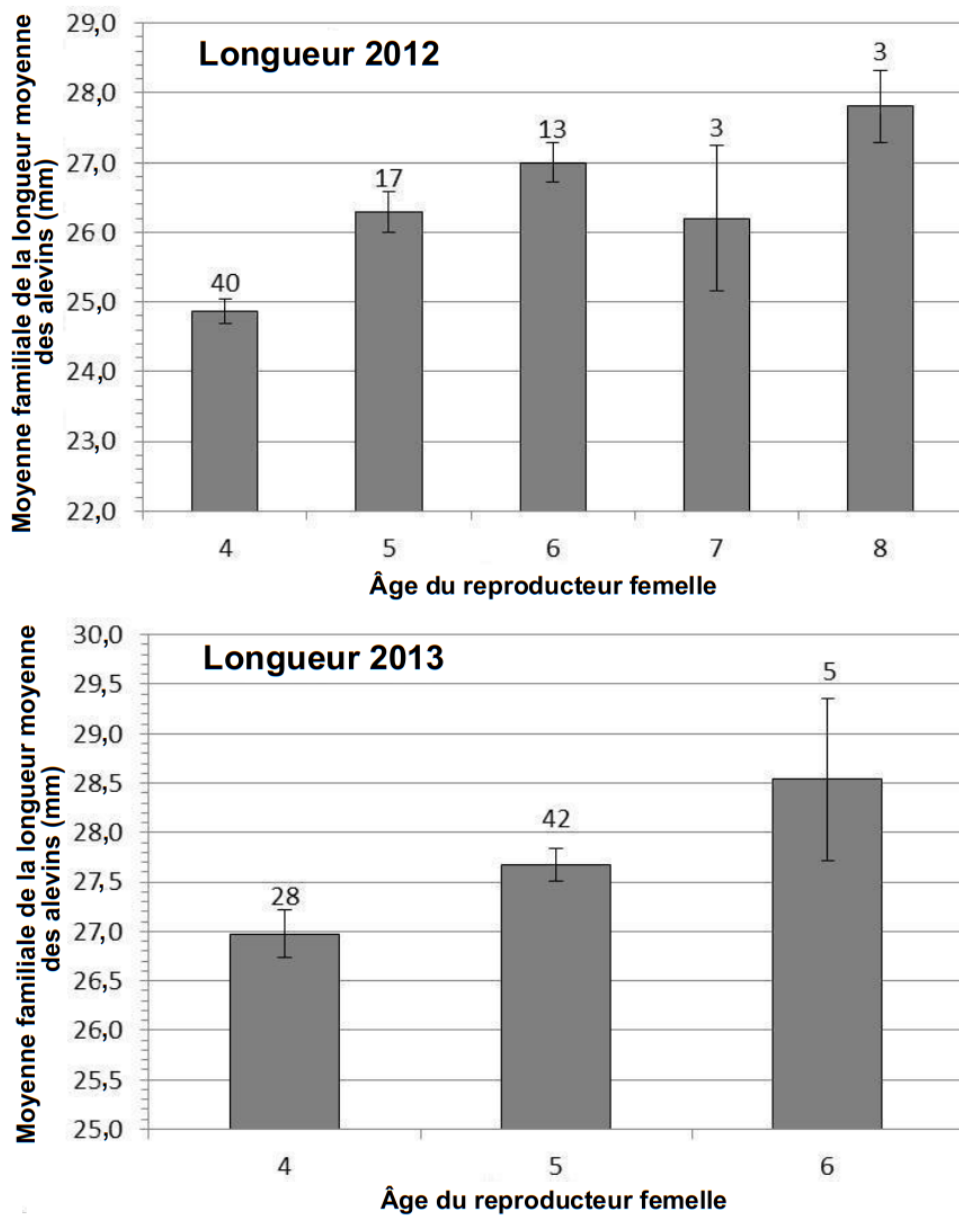


Figure 69. Moyenne familiale de la longueur moyenne (mm) en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années de frai 2012–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

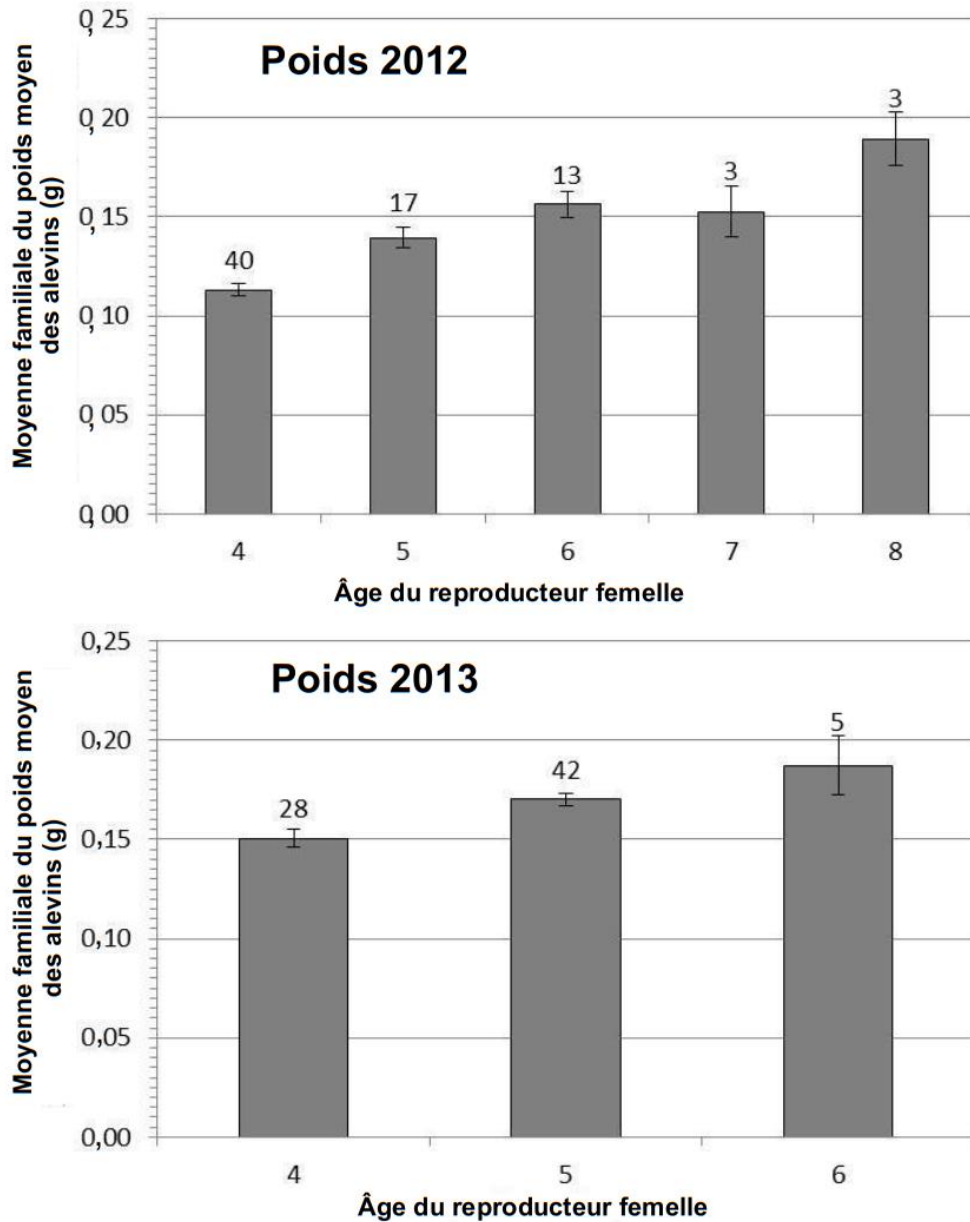


Figure 70. Moyenne familiale du poids moyen (g) en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années de frai 2012–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

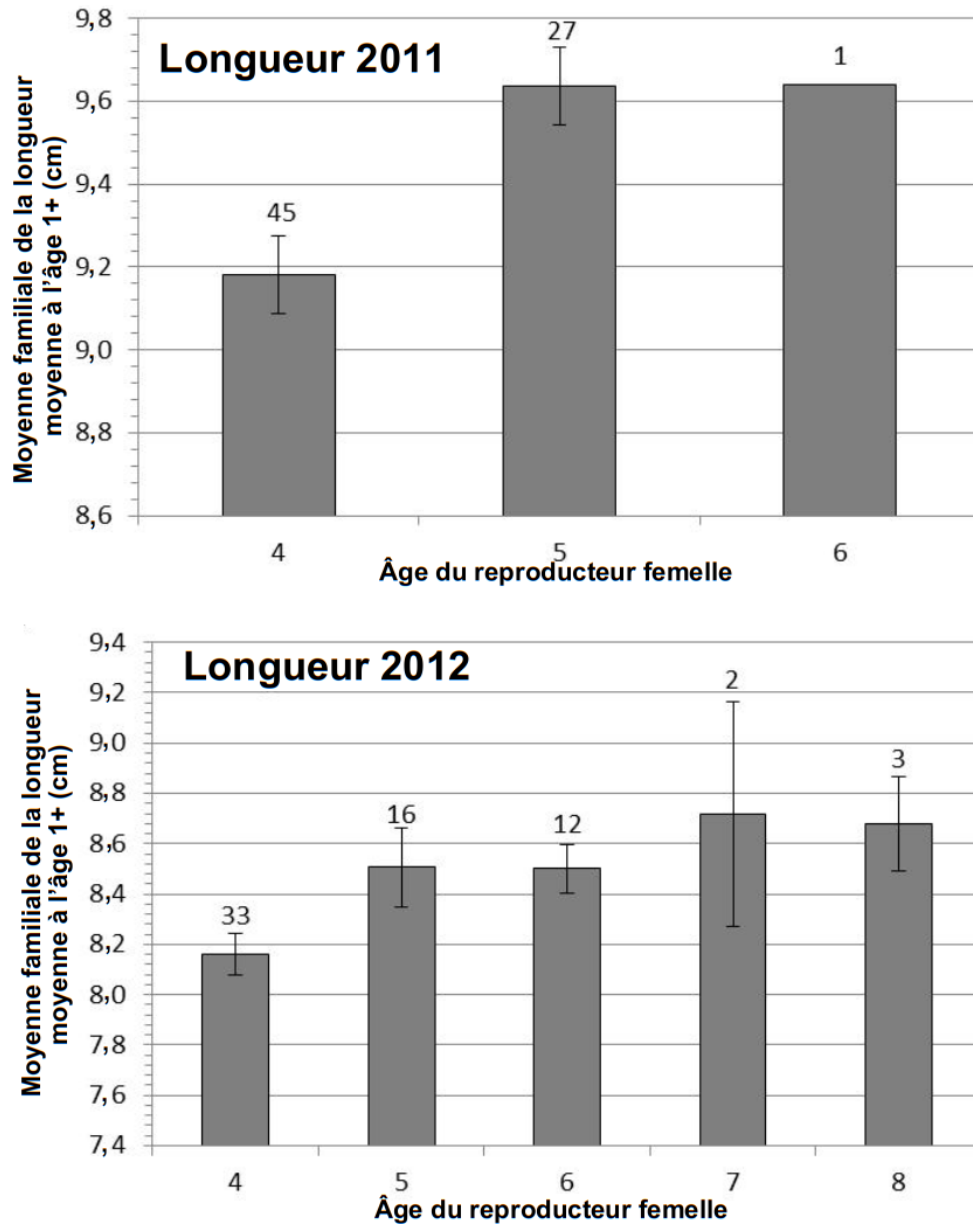


Figure 71. Moyenne familiale de la longueur moyenne (cm) en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années de frai 2011–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

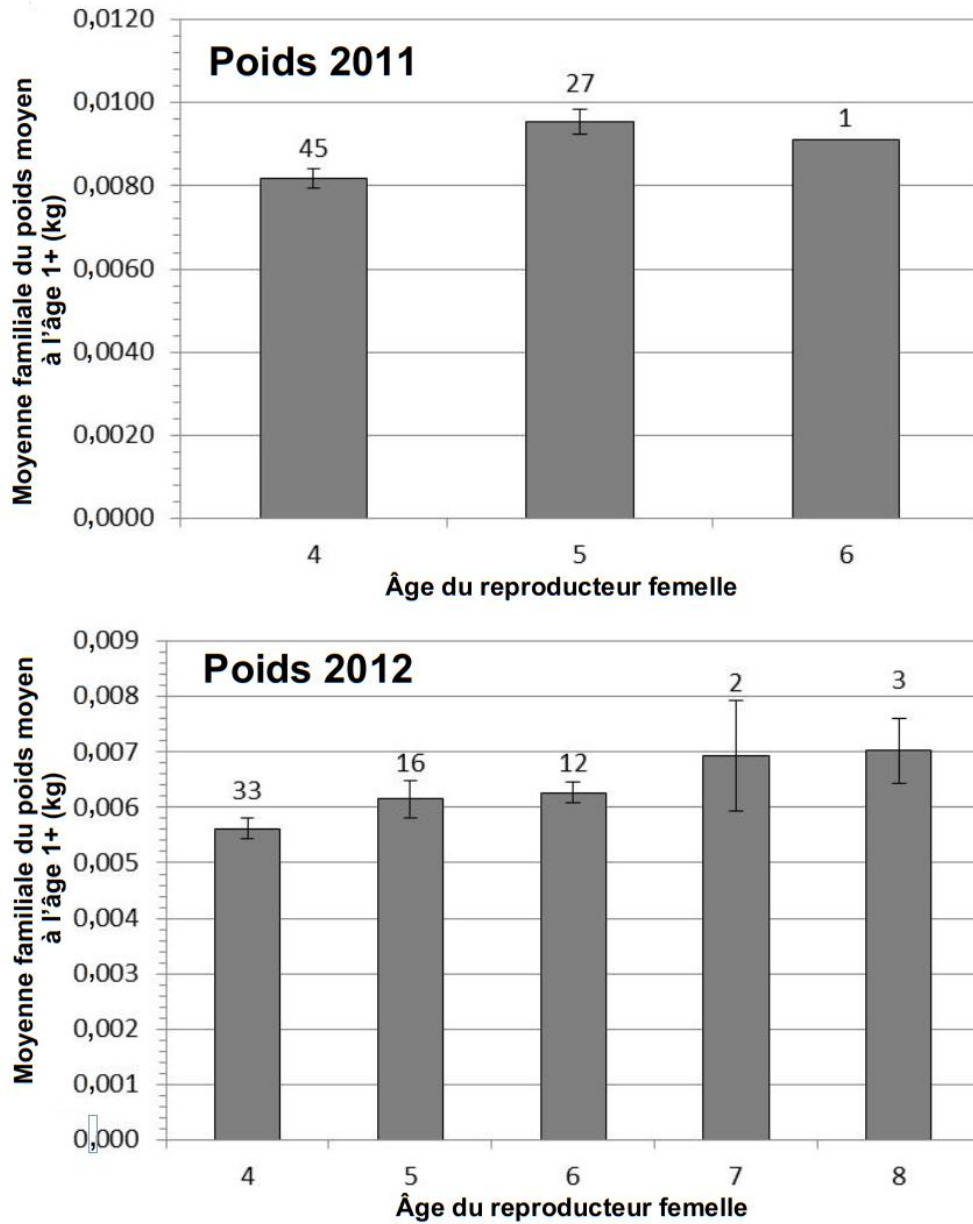


Figure 72. Moyenne familiale du poids moyen (kg) en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années de frai 2011–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. Les barres d'erreur représentent une erreur-type. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.



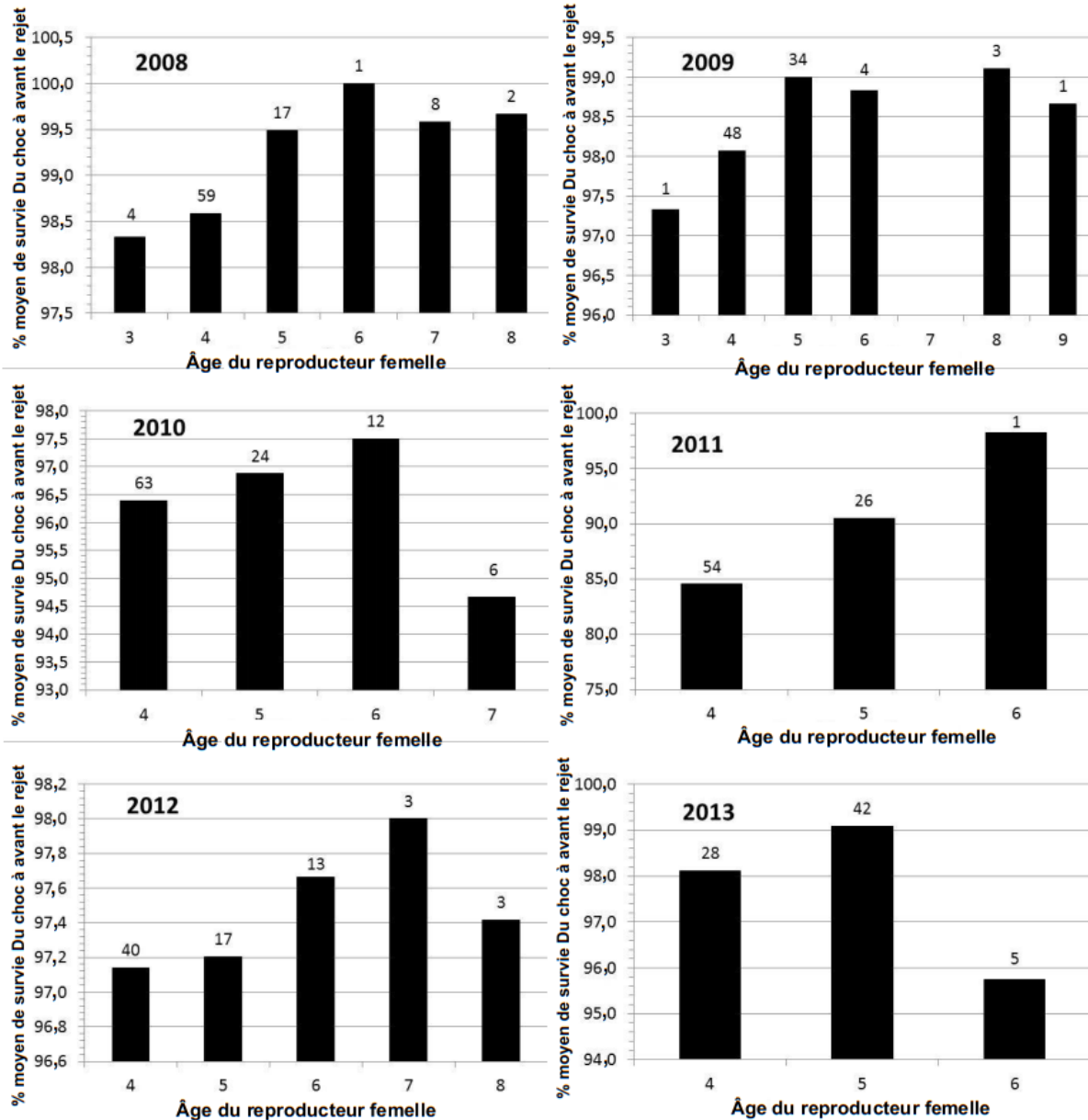


Figure 73. Pourcentage moyen de survie de la famille depuis le choc (au stade de l'œuf, au milieu du développement) jusqu'à avant le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années 2008–2013. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

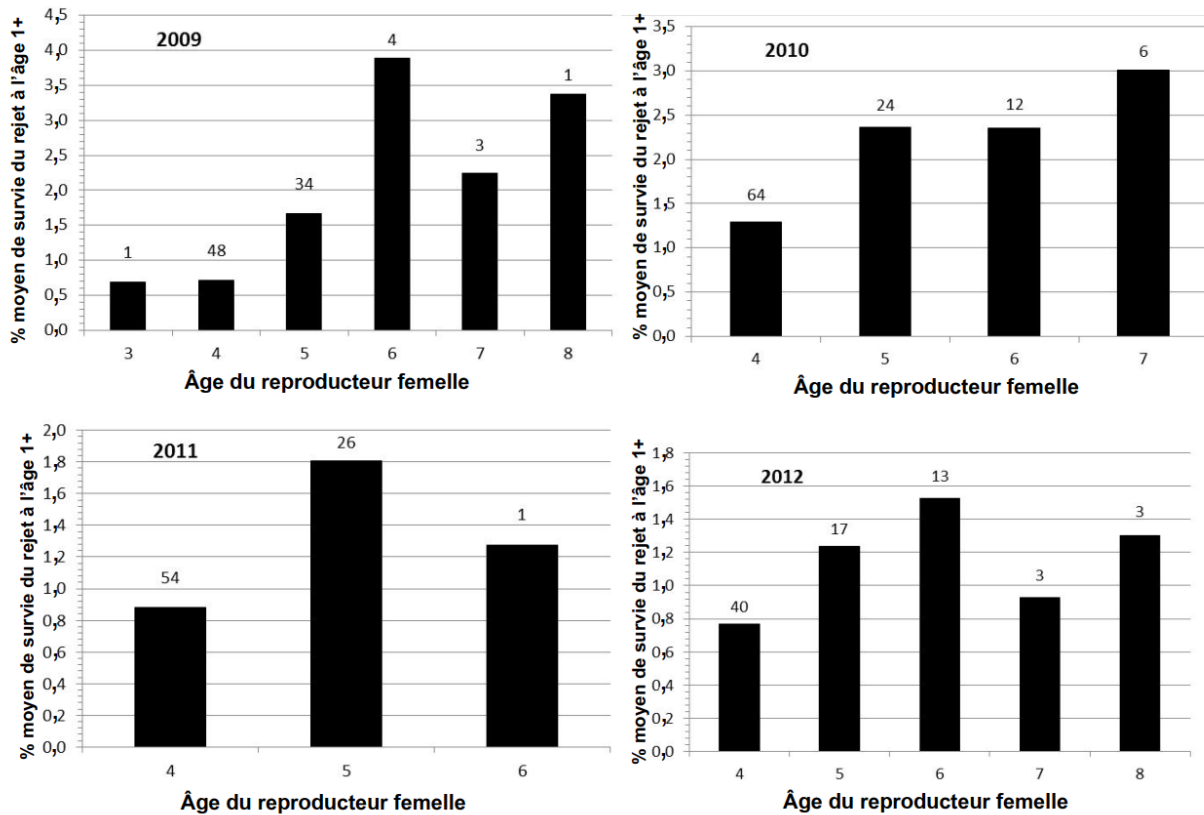


Figure 74. Pourcentage moyen de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à l'âge du parent maternel au moment du frai, pour les années 2009–2012. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective. L'âge des reproducteurs utilisé ici est basé sur l'année initiale ou de fertilisation de l'individu.

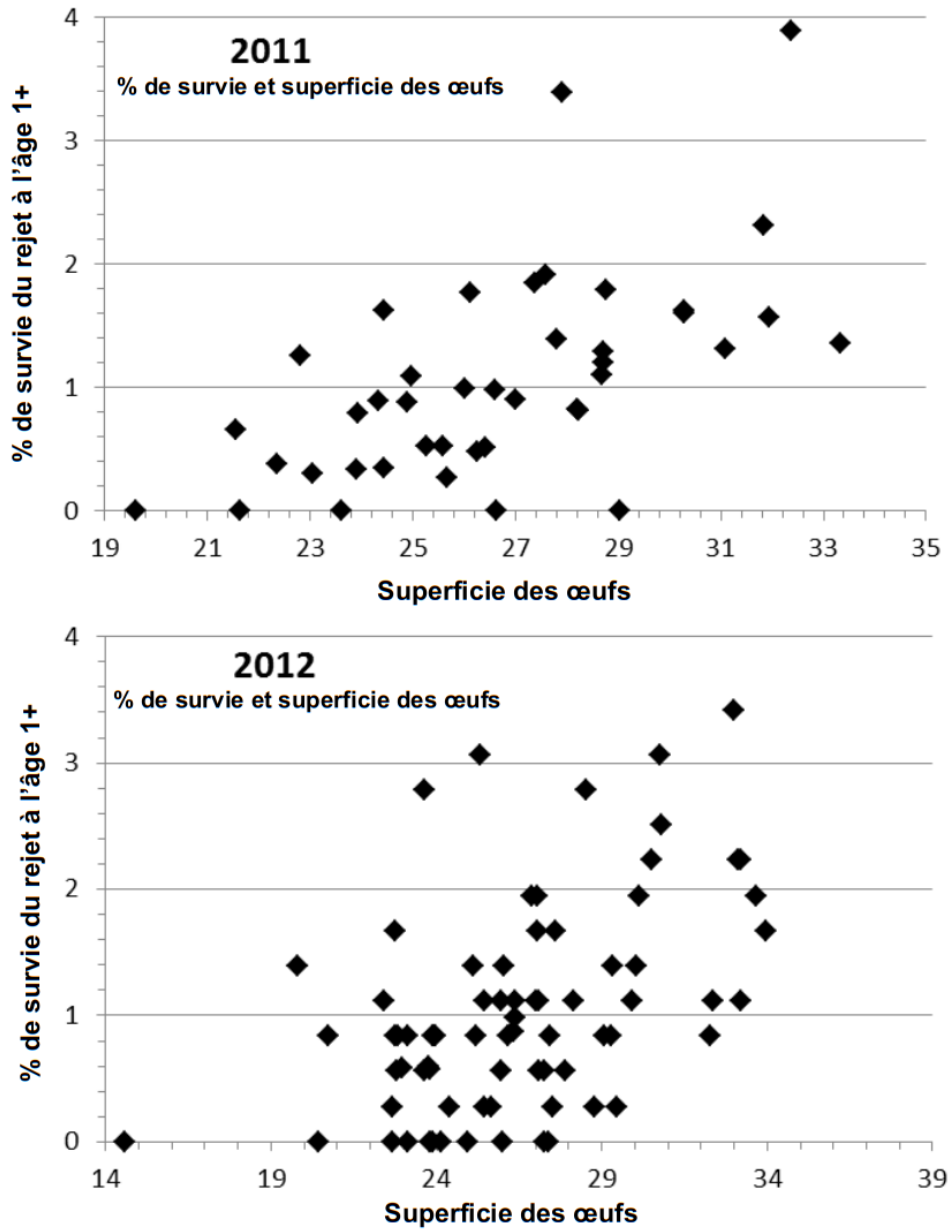


Figure 75. Moyenne familiale du pourcentage de survie depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+ par rapport à la moyenne familiale de la superficie des œufs (mm<sup>2</sup>), pour les années de frai 2011–2012.

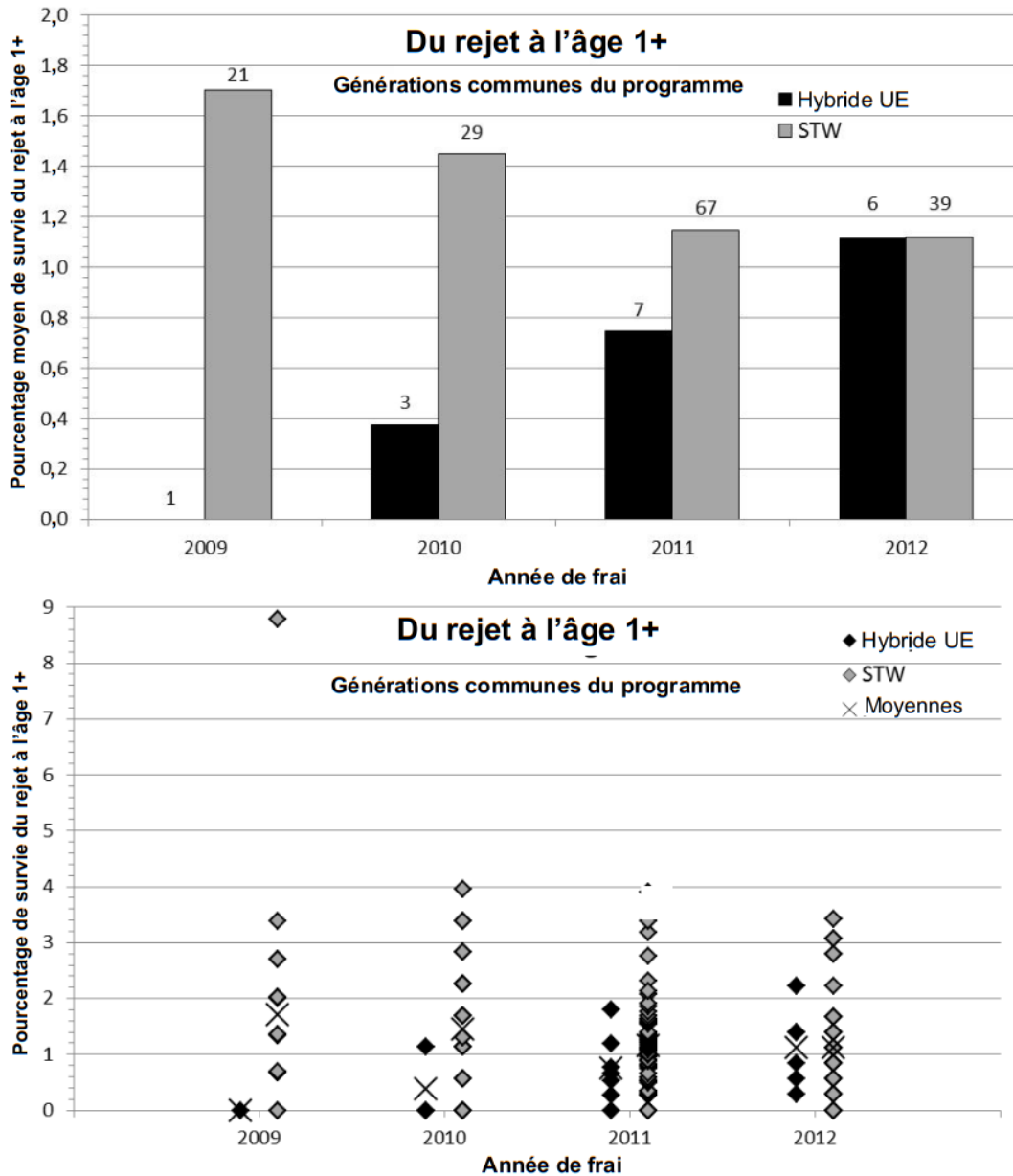


Figure 76. Pourcentage moyen (panneau supérieur) et individuel (panneau inférieur) de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+, pour les saumons hybrides d'élevage européen/Stewiacke (hybride UE) et les saumons de lignée pure Stewiacke (STW), pour les années de frai 2009–2012. Seules les familles Stewiacke présentant un nombre de générations du programme similaire à celui des familles hybrides d'élevage européen/Stewiacke comparées une année donnée ont été incluses. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

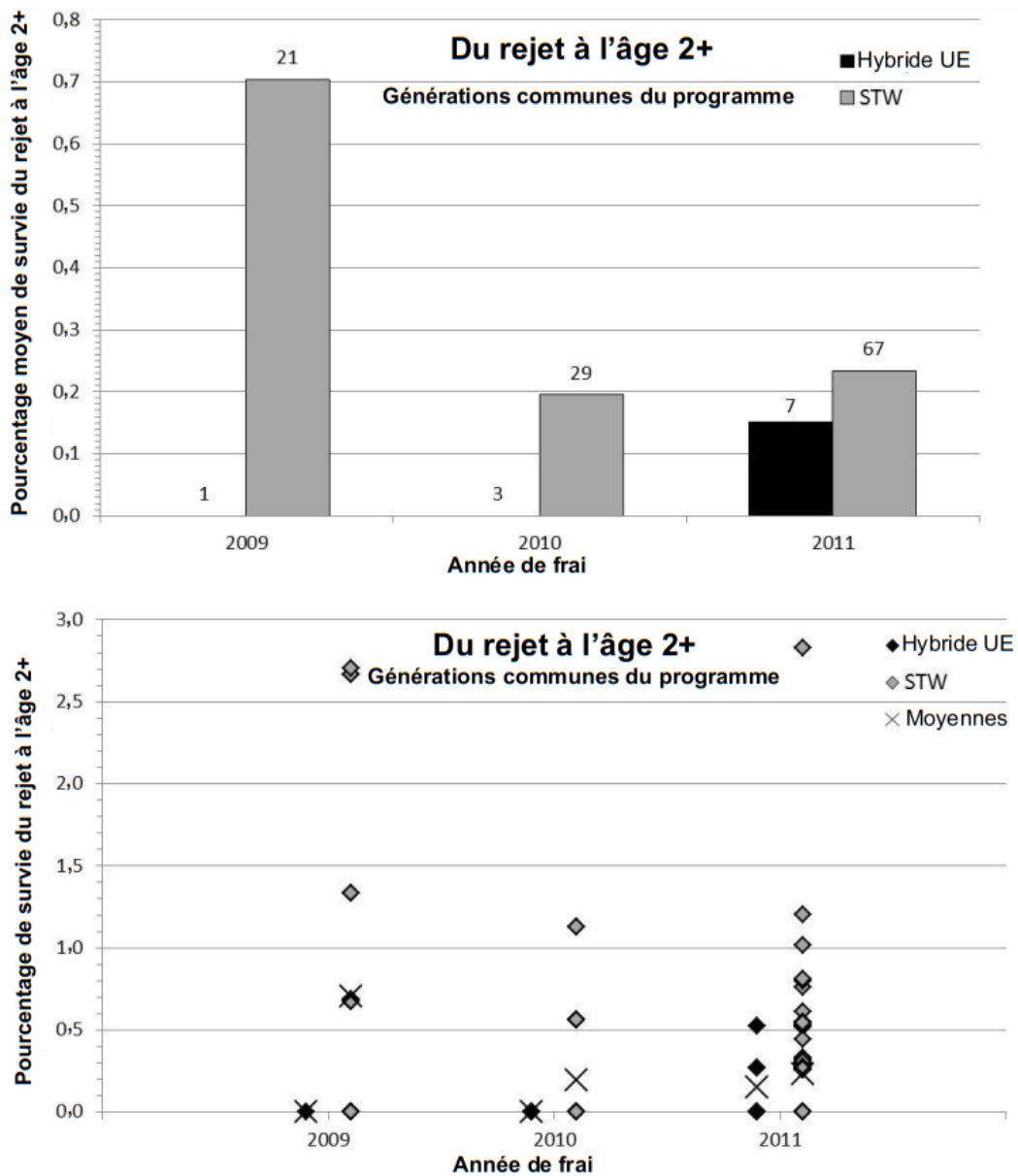


Figure 77. Pourcentage moyen (panneau supérieur) et individuel (panneau inférieur) de survie de la famille depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 2+, pour les saumons hybrides d'élevage européen/Stewiacke (hybride UE) et les saumons de lignée pure Stewiacke (STW), pour les années de frai 2009–2012. Seules les familles Stewiacke présentant un nombre de générations du programme similaire à celui des familles hybrides d'élevage européen/Stewiacke comparées une année donnée ont été incluses. La taille de l'échantillon (nombre de familles) pour chaque groupe est indiquée au-dessus de la barre respective.

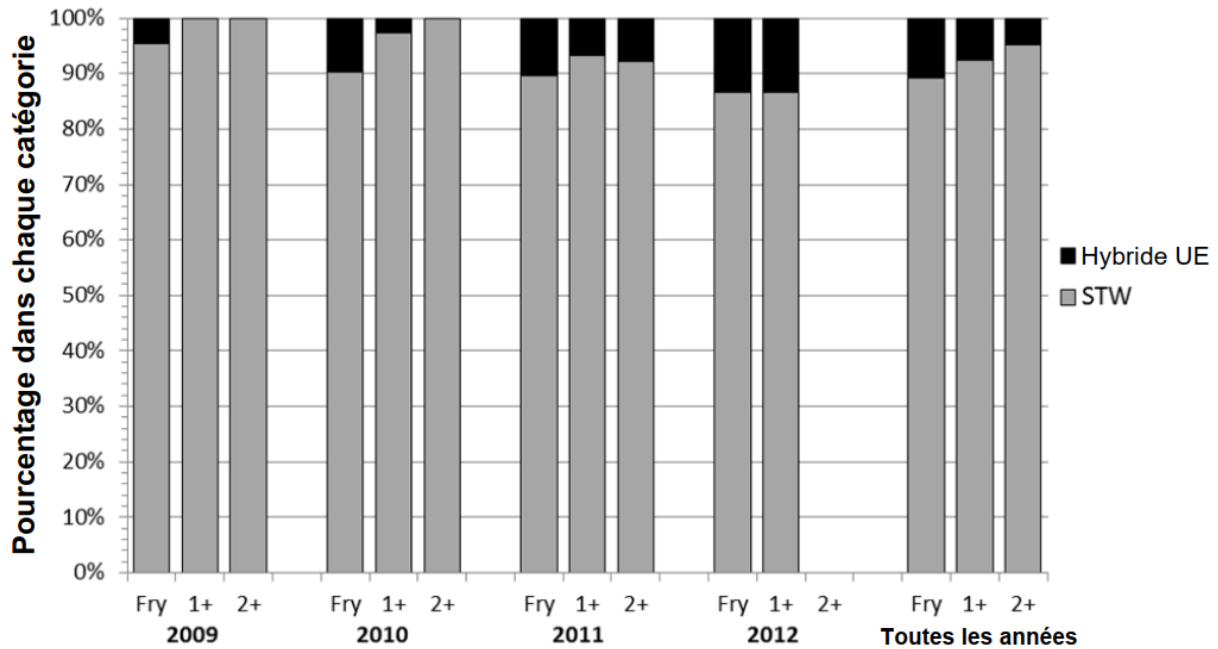


Figure 78. Pourcentage des groupes d'alevins d'âge 0+ relâchés (alevins), de tacons d'âge 1+ capturés (1+) et de tacons d'âge 2+ capturés (2+) composés de saumons hybrides d'élevage européen/Stewiacke (hybrides UE) et de saumons de lignée pure Stewiacke (STW), pour les quatre années de frai 2009–2012 (et pour les quatre années de frai combinées). Seules les familles Stewiacke présentant un nombre de générations du programme similaire à celui des familles hybrides d'élevage européen/Stewiacke comparées une année donnée ont été incluses. Les données sur les tacons d'âge 2+ pour l'année de frai 2012 n'étaient pas encore disponibles lorsque ces analyses ont été effectuées.

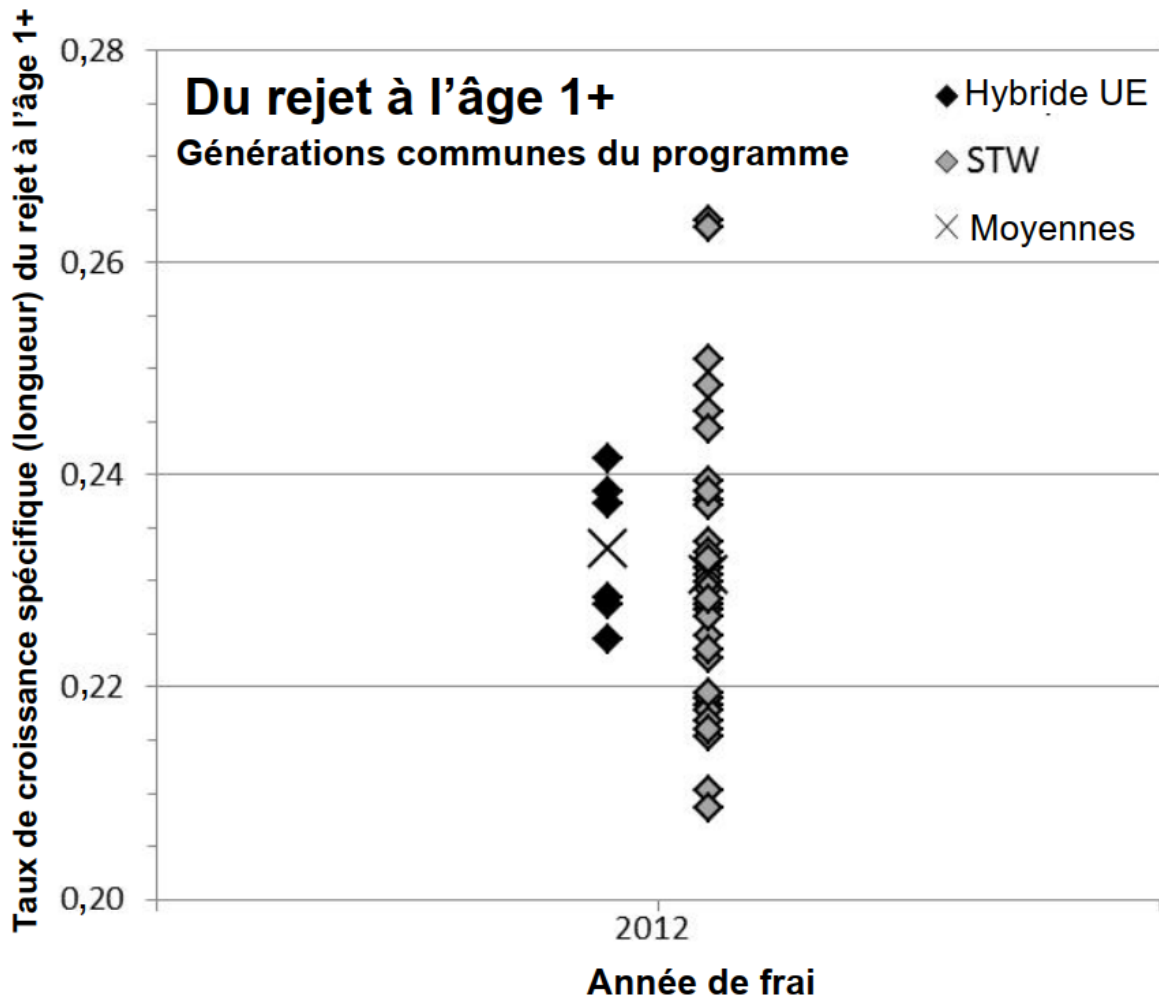


Figure 79. Taux de croissance spécifique à la famille (longueur) depuis le rejet en tant qu'alevins d'âge 0+ jusqu'à la capture en tant que tacons d'âge 1+, pour les saumons hybrides d'élevage européen/Stewiacke (hybride UE) et les saumons de lignée pure Stewiacke (STW), pour l'année de frai 2012. Seules les familles Stewiacke présentant un nombre de générations du programme similaire à celui des familles hybrides élevage européen/Stewiacke (hybrides UE) comparées une année donnée ont été incluses.

## ANNEXE

*Tableau A1. Nombre d'œufs et d'alevins pour les groupes familiaux égalisés élevés au Centre de biodiversité de Coldbrook et relâchés dans un tronçon isolé de la rivière Pembroke, dans le réseau de la rivière Stewiacke, puis recueillis en tant que tacons exposés au milieu naturel pour le programme de la banque de gènes vivants.*

Année de frai	Œufs par famille	Nombre de paniers	Égalisés au stade d'alevins (O/N)	Nombre pour l'égalisation	Alevins EQU relâchés	Année de collecte (tacon d'âge 1+)	Nombre total de tacons collectés (âge 1+ et âge 2+)	Nombre cible	Nombre de jours de pêche à l'électricité	Nombre d'équipes de pêche à l'électricité
2006	110	1	N	S.O.	18 721*	2008	148	150	1	1
2007	120	1	N	S.O.	16 508*	2009	177	150	1	1
2008	150	1	N	S.O.	14 083	2010	158	150	1	1
2009	150	1	N	S.O.	30 150	2011	390	400	1	2
2010	200	1	N	S.O.	19 081	2012	455	400	1	2
2011	400	2	N	S.O.	32 784	2013	460	400	1	2
2012	400	2	O	359	33 822	2014	531	500	1	2
2013	400	2	O	376	39 665	2015	S.O.	S.O.	S.O.	S.O.
2014	400	2	O	356	35 927	2016	S.O.	S.O.	S.O.	S.O.
2015	400	2	N	S.O.	38 496	2017	S.O.	S.O.	S.O.	S.O.

\*Les nombres exacts d'alevins rejetés n'étant pas disponibles, les totaux sont ici le nombre total d'œufs prélevés dans toutes les familles au moment du choc. La survie moyenne pour cette période était de 96,6 %.

\*\*Le nombre total de tacons recueillis peut ne pas correspondre aux données figurant dans d'autres sections, car ce nombre comprend les mortalités avant le marquage, les poissons non marqués, les poissons non génotypés et quelques poissons d'âge 0+ et truites qui ont pu être recueillis par erreur. Les autres sections ne portent que sur les individus génotypés.

« S.O. » signifie « sans objet » (aucune égalisation effectuée).



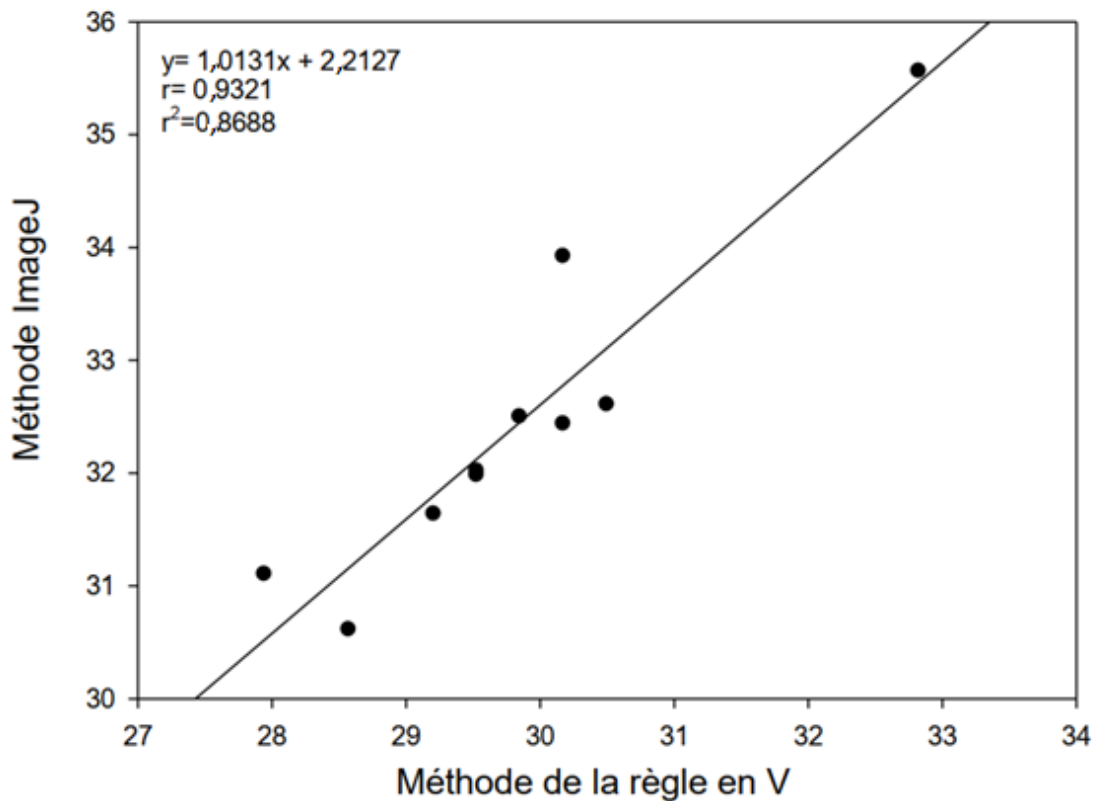


Figure A1. Régression et corrélation propres à la famille de la superficie des œufs de saumon de l'Atlantique déterminée selon les deux méthodologies utilisées dans le cadre du programme de la banque de gènes vivants pour calculer la superficie des œufs (règle en V par rapport aux images). Au stade œillé, aussi appelé choc (environ trois mois après le frai), on a mesuré le diamètre total de trois réplicats de 10 œufs chacun à l'aide d'une règle en V spécialisée. On a ainsi déterminé le rayon moyen d'un œuf, puis calculé la superficie, que l'on a comparée aux superficies des œufs estimées à partir des images de ces mêmes 30 œufs à l'aide du logiciel ImageJ. Cette équation a été utilisée pour corriger les données recueillies en 2002–2009 à partir des œufs mesurés au moment du choc selon la méthode de la règle en V.

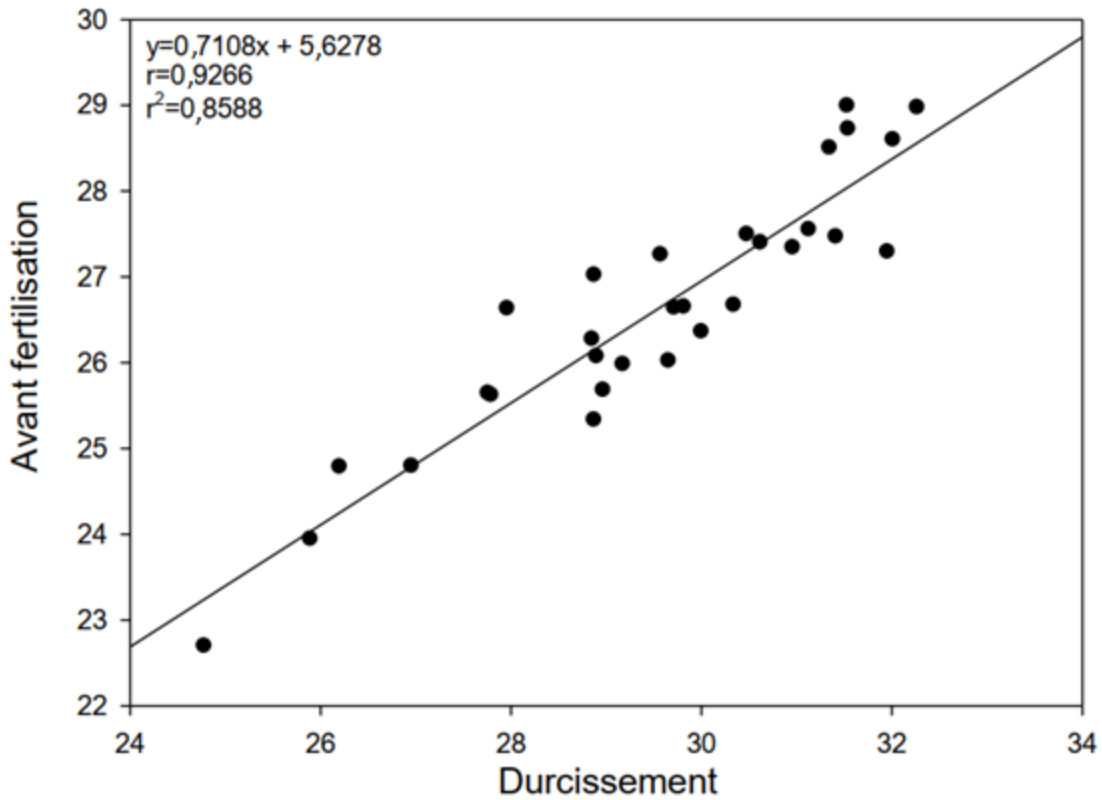


Figure A2. Régression et corrélation propres à la famille de la superficie des œufs de saumon de l'Atlantique de la banque de gènes vivants calculée à partir d'images prises avant la fertilisation et après le durcissement. Cette équation a été utilisée pour corriger les données recueillies en 2011 à partir des images prises après le durcissement et normalisées à un stade avant la fertilisation.

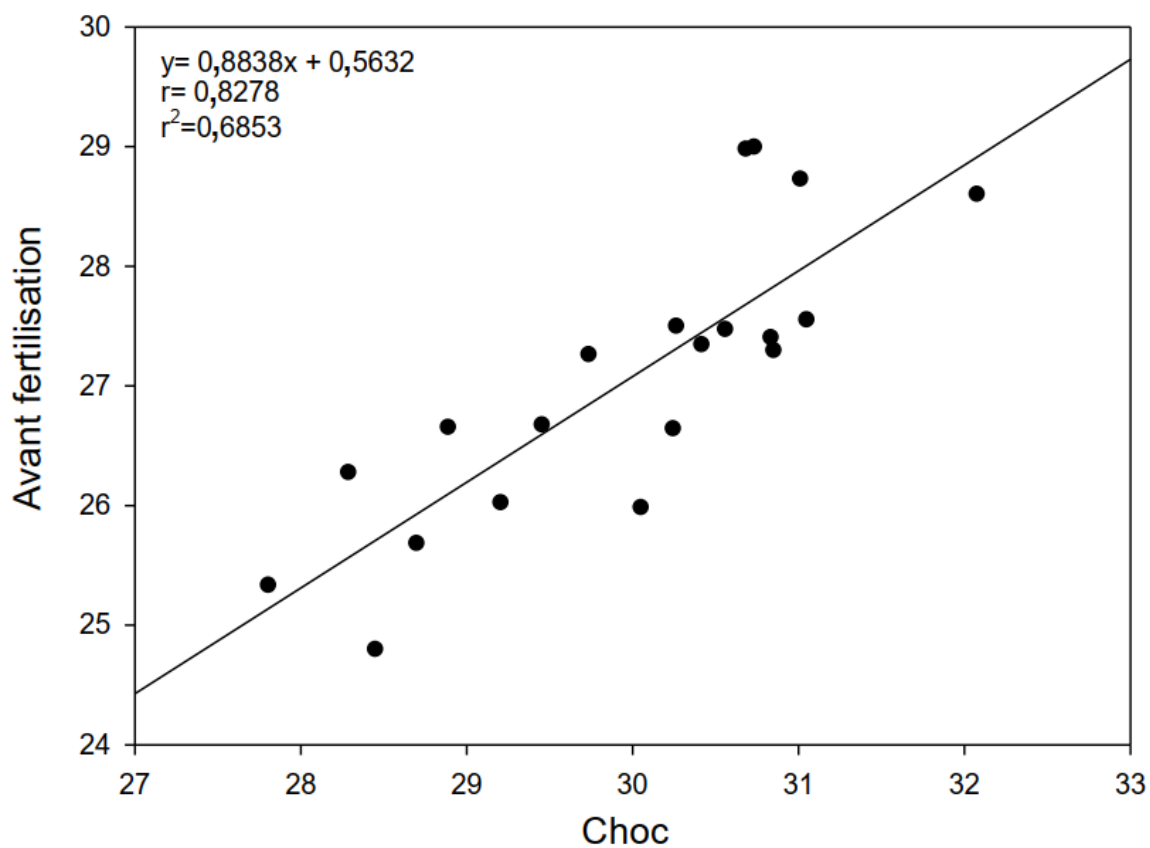


Figure A3. Régression et corrélation propres à la famille de la superficie des œufs de saumon de l'Atlantique de la banque de gènes vivants calculée à partir d'images prises avant la fertilisation et au stade œillé, aussi appelé choc (environ trois mois après le frai). Cette équation a été utilisée pour corriger les données recueillies en 2002–2009 à partir des œufs mesurés au moment du choc et normalisées à un stade avant la fertilisation.

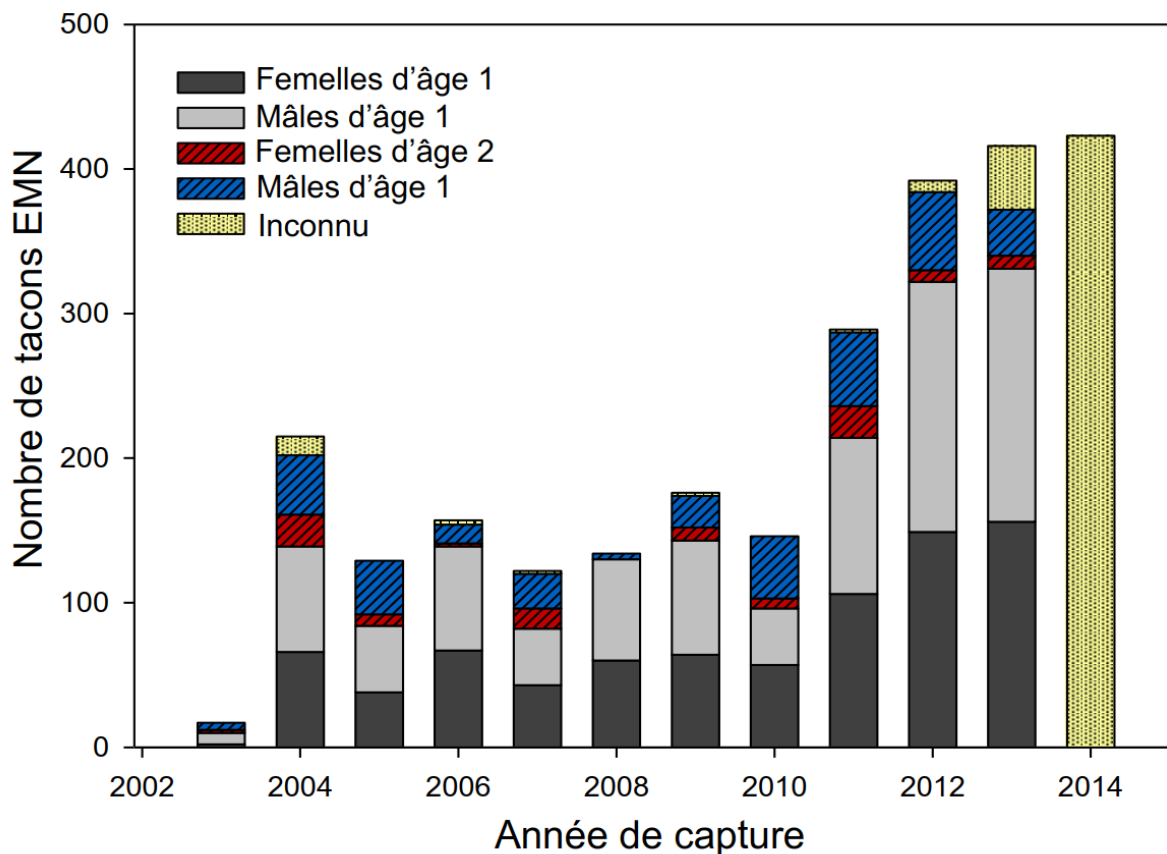


Figure A4. Représentation par année de capture (plutôt que par année initiale) de la ventilation selon le sexe des tacons de saumon de l'Atlantique du programme de la banque de gènes vivants (BGV), exposés au milieu naturel (EMN), d'âge 1 et d'âge 2, recueillis dans la nature. Plus tard, les tacons EMN provenaient du tronçon isolé de la rivière Pembroke (ensemencé à l'aide d'alevins EMN provenant du programme de la BGV); toutefois, avant 2008, les tacons EMN étaient prélevés à divers endroits dans le réseau hydrographique de la rivière Stewiacke.

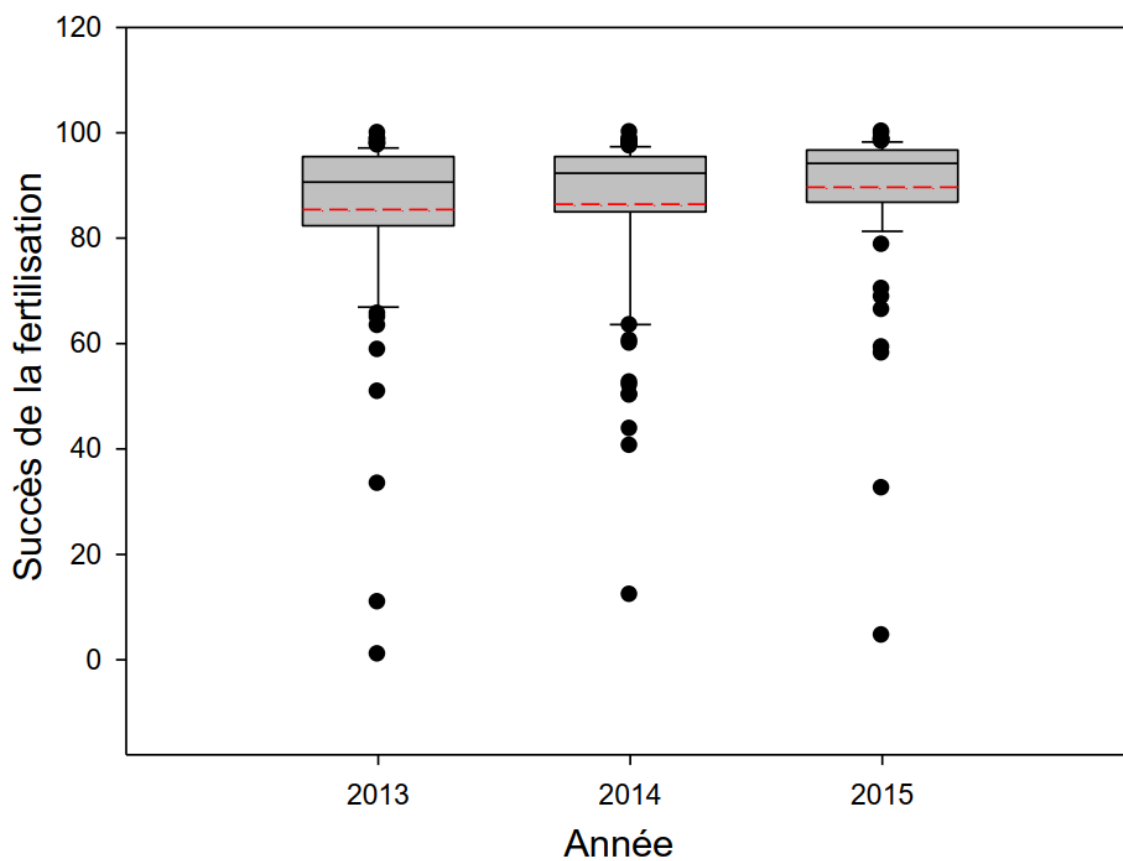


Figure A5. Taux moyen de fertilisation en pourcentage pour les familles du programme de la banque de gènes vivants, à partir de sous-échantillons (20 œufs) de mortalité d'œufs au stade œillé (c.-à-d. choc) et nettoyés avec la solution de Stockard. Les boîtes à moustaches représentent les centiles 10, 25, 75 et 90, la ligne noire indique la médiane et la ligne rouge pointillée, la moyenne.

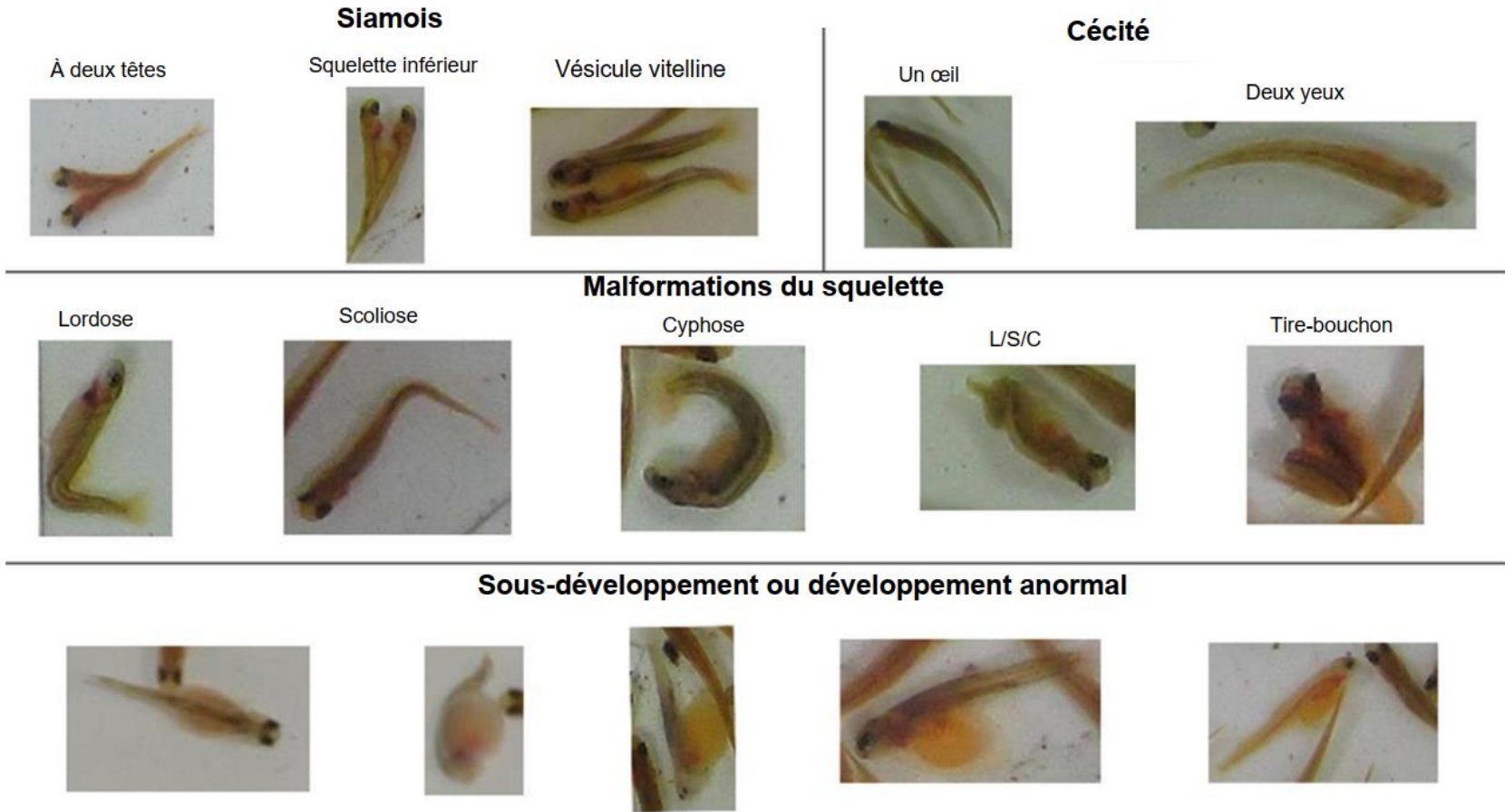


Figure A6. Légende de divers types de difformités observées chez les alevins de saumon de l'Atlantique de la banque de gènes vivants avant leur rejet au printemps.