



RISQUES GÉNÉTIQUES ASSOCIÉS À LA PISCICULTURE DE LA MORUE CHARBONNIÈRE EN COLOMBIE-BRITANNIQUE, AU CANADA

CONTEXTE

La pisciculture de la morue charbonnière (*Anoplopoma fimbria*) est actuellement limitée à trois installations marines en Colombie-Britannique (C.-B.) qui ont chacune reçu un permis de six ans délivré le 1^{er} juillet 2024. Comme pour toutes les espèces d'élevage, le prélèvement de morues charbonnières sauvages dans une population pour constituer un stock de géniteurs et le rejet par inadvertance d'individus issus de l'élevage dans une population peuvent présenter des risques génétiques pour la viabilité à long terme de l'espèce. Par exemple, les poissons en captivité et sauvages peuvent être génétiquement ou épigénétiquement différents, de sorte que le flux génétique des populations reproduites ou élevées en captivité vers les populations naturelles peut avoir un effet négatif sur la valeur adaptative dans la nature. L'ampleur de ces risques génétiques potentiels dépend souvent du contexte et de l'espèce, et les risques génétiques n'ont pas encore été officiellement évalués pour la pisciculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique. La compréhension des risques génétiques associés à la pisciculture marine de la morue charbonnière est un facteur important de la poursuite de cette pratique d'une manière défendable sur le plan scientifique dans la province.

Actuellement, les activités de pisciculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique consistent à prélever des individus d'origine sauvage pour le stock de géniteurs et à produire des descendants de première ou de deuxième génération élevés en captivité, sans relâcher intentionnellement des individus en captivité dans la nature. La sélection naturelle qui s'exerce généralement dans la nature est réduite en captivité, et la sélection artificielle ou de domestication peut entraîner une évolution des caractères qui serait sous-optimale dans le milieu naturel. De ce fait, ces différences peuvent être néfastes pour les populations sauvages si des individus évadés par inadvertance introduisent des variations génétiques désavantageuses dans les habitats naturels. L'ampleur des risques génétiques associés au prélèvement de stocks de géniteurs et à la domestication dépend à la fois des pratiques piscicoles particulières et de la biologie de l'espèce d'élevage. De nombreuses études ont démontré que le flux génétique des populations en captivité vers les populations sauvages se fait souvent au détriment de la valeur adaptative dans la nature. Toutefois, la majorité de ces travaux sur les poissons se sont concentrés sur les salmonidés, en particulier le saumon atlantique (*Salmo salar*), dont les populations sont fortement structurées sur le plan génétique. Contrairement aux salmonidés, les populations de morues charbonnières sont bien répandues et relativement peu structurées, ce qui laisse supposer que les risques génétiques associés à la pisciculture de cette espèce pourraient être relativement faibles. En 2022, l'état du stock de morue charbonnière en Colombie-Britannique se situait dans la zone saine (MPO 2009; MPO 2023).

La division de la Gestion de l'aquaculture de Pêches et Océans Canada (MPO) a demandé à la direction des Sciences de fournir un avis sur les risques génétiques associés à la pisciculture marine de la morue charbonnière avec les pratiques actuelles et avec un éventuel scénario

dans lequel les stocks de géniteurs ne seraient plus d'origine sauvage. L'évaluation et l'avis découlant de ce processus de réponse des Sciences du Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS) serviront à appuyer les prochaines prises de décision relatives à la pisciculture de la morue charbonnière.

Les objectifs précis de cet examen sont les suivants :

1. Examiner les connaissances actuelles sur la génétique des populations sauvages de morues charbonnières en Colombie-Britannique.
2. Documenter les risques génétiques pour la morue charbonnière sauvage causés par l'élevage en captivité d'individus destinés à la récolte.
3. Évaluer ces risques génétiques pour les populations sauvages compte tenu des pratiques actuelles de pisciculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique.
4. Évaluer la façon dont les risques génétiques pourraient changer si les pratiques actuelles de pisciculture de la morue charbonnière passaient de l'utilisation de stocks de géniteurs sauvages à des stocks de géniteurs en captivité.

Le présent rapport ne cherche pas à fournir une évaluation des risques liés à la pisciculture de la morue charbonnière. Il sert plutôt à résumer la compréhension actuelle de la génétique et de la structure des populations de morues charbonnières en Colombie-Britannique, à déterminer les risques génétiques directs des activités piscicoles pour les populations sauvages de l'espèce et à comparer ces risques génétiques à ceux associés à l'élevage d'autres espèces de poissons (p. ex. le saumon atlantique). Enfin, le présent rapport met en évidence des lacunes dans les données qui limitent la certitude de l'évaluation des risques génétiques de la pisciculture pour cette espèce.

La présente réponse des Sciences découle de l'examen par les pairs régional du 30 octobre 2024 sur les Risques génétiques associés à l'aquaculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique, au Canada.

RENSEIGNEMENTS DE BASE

La morue charbonnière (*Anoplopoma fimbria*) est un poisson marin des eaux profondes dont l'aire de répartition couvre les deux façades du Pacifique Nord (figure 1) et dont la valeur des pêches est élevée, estimée à environ 27,9 millions de dollars par année entre 2012 et 2022 (MPO 2024a). En dehors de la zone économique exclusive du Canada, la morue charbonnière a tendance à se regrouper près des monts sous-marins; on ne croit cependant pas que les différents monts sous-marins représentent des populations distinctes. Cette espèce est répartie de manière plus homogène dans les zones où la pêche commerciale est pratiquée (MPO 2013). Ainsi, la morue charbonnière est gérée au Canada en vertu de la *Loi sur les pêches* renouvelée en tant que grand stock de poissons occupant une seule unité (MPO 2013; Cox *et al.* 2023). Par conséquent, les évaluations du stock et les évaluations des pêches sont effectuées conformément à l'approche de précaution (MPO 2009). De telles approches de gestion ont commencé à inverser près de 50 ans de déclin de la biomasse du stock, et des analyses récentes indiquent un recrutement du stock supérieur à la moyenne au cours de la dernière décennie. Par exemple, la biomasse du stock reproducteur femelle était nettement supérieure au niveau de biomasse associé au rendement maximal durable en 2022 (MPO 2023). Cependant, la demande des consommateurs continue d'augmenter, donnant à penser que d'autres moyens de production, comme la pisciculture, pourraient aider à subventionner les pêches sauvages (Hartley *et al.* 2020).

Depuis 2005, la récolte des populations sauvages est complétée par la pisciculture commerciale. À l'heure actuelle, il y a trois installations de pisciculture marine de la morue charbonnière au Canada, dont deux sont actives et situées dans la baie Kyuquot, en Colombie-Britannique; l'autre installation, la seule inactive, se trouve dans la baie Barkley (figure 1). Les deux installations actives, Charlie's Place et Centre Cove, détiennent actuellement des permis pour 2 700 et 2 202 tonnes métriques de morue charbonnière, respectivement, et l'installation de la baie Jane a un permis pour 550 tonnes métriques (Kerra Shaw, communications personnelles). Ces installations piscicoles appartiennent à Golden Eagle Sablefish et sont exploitées par celle-ci en partenariat avec les Premières Nations Kyuquot-Checlesheht. Leurs produits de morue charbonnière sont destinés aux marchés locaux et internationaux.

La pisciculture de la morue charbonnière au Canada repose actuellement sur la collecte et l'élevage d'une combinaison de stocks de géniteurs d'origine sauvage et d'écloserie de première génération (F1). Les individus sont capturés dans la nature, transportés à l'écloserie et gardés dans des conditions de faible luminosité et de basse température pour imiter leur environnement de croissance typique en eaux profondes. Les poissons sont surveillés pendant la maturation, et on utilise une combinaison de traitements hormonaux et d'indices environnementaux (c.-à-d. photopériode et température de l'eau) pour les inciter à frayer. Après la capture, les morues charbonnières adultes sont conservées pendant plusieurs années et peuvent être utilisées pour frayer pendant plus d'une saison (Derek Price, communications personnelles). Les larves sont incubées dans l'écloserie et nourries d'abord avec des aliments vivants (rotifères et artémies) avant de passer à des régimes formulés. La survie pendant l'élevage des larves se situerait entre 10 et 40 % (Cook *et al.* 2015). Après environ quatre mois à l'écloserie, les morues charbonnières juvéniles sont transférées dans des installations de parcs en filet marins pour achever leur grossissement. Les parcs en filet marins utilisés pour le grossissement sont organisés en quadrillage et sont entourés d'un filet secondaire conçu pour prévenir la prédation et agir comme une couche supplémentaire de confinement. Le grossissement peut également être effectué dans des systèmes en recirculation terrestres, mais cette technique est moins pertinente pour le sujet du présent rapport, car il est peu probable que les poissons élevés dans ces systèmes s'échappent dans l'environnement. Après environ deux ans de croissance, les poissons sont récoltés et transformés pour être distribués, à des poids moyens compris entre 1,8 et 3,6 kg.

Les progrès récents réalisés dans la gestion des stocks de géniteurs de morue charbonnière au Canada sont l'utilisation de femelles à sexe inversé, appelées « néomâles » dans l'industrie. L'application réussie d'un traitement hormonal au cours du développement crée des poissons génétiquement femelles (c.-à-d. des poissons porteurs de deux chromosomes X) qui expriment des gamètes mâles (c.-à-d. du sperme contenant de la laitance). Le croisement de ces poissons avec des poissons femelles productrices d'œufs donne une population de production entièrement femelle pour le grossissement sans traitement hormonal. La population de production composée entièrement de femelles se traduit par une croissance plus rapide et des poissons plus gros en raison des différences connues propres à chaque sexe dans les taux de croissance de l'espèce (Morita *et al.* 2012).

Les risques génétiques posés par ces activités piscicoles pour les populations sauvages dépendent des pratiques d'élevage précises et de la biologie de la morue charbonnière. La biologie de la morue charbonnière a été largement examinée dans d'autres études (p. ex. Beamish et Mcfarlane, 1988; Head *et al.* 2014; Morita *et al.* 2012; Wilkins et Saunders, 1997) et il n'entre pas dans la portée du présent rapport de répéter un examen approfondi ici. Nous nous concentrons plutôt sur les aspects clés de la biologie de la morue charbonnière qui influencent

la distribution de la variation génétique dans l'espèce et qui sont pertinents pour contextualiser les interactions génétiques directes potentielles entre les fugitifs de la pisciculture et la population sauvage.

La morue charbonnière est une espèce très mobile qui peut se disperser sur de grandes distances (plus de 1 000 km). Dans les études par marquage-recapture, moins de la moitié des poissons marqués sont récupérés dans un rayon de 50 km du site où ils ont été relâchés, et une proportion de ceux qui ont été marqués en Colombie-Britannique se dispersent vers le nord ou le sud jusqu'en Alaska ou au Mexique, respectivement (figure 2) (Morita *et al.* 2012; MPO 2013). Les deux sexes possèdent cette grande capacité de dispersion, mais il a été démontré que les femelles deviennent plus grandes et grandissent plus rapidement que les mâles, et certaines preuves donnent à penser qu'elles se dispersent également sur de plus longues distances que ceux-ci (Morita *et al.* 2012).

Les analyses des otolithes indiquent que la morue charbonnière peut vivre plus de 100 ans et se reproduire généralement chaque année (bien que certaines sautent des années) (Beamish et McFarlane 2000; Rodgveller *et al.* 2015; Guzmán *et al.* 2017). À l'état sauvage, la morue charbonnière arrive à maturité vers l'âge de cinq ans et mesure alors de 50 à 60 cm. La fécondité des femelles varie d'environ 60 000 à 58 cm à plus de 1 000 000 pour les poissons de plus de 1 m de longueur, la majorité des femelles matures ayant une fécondité annuelle comprise entre 100 000 et 500 000 (Mason *et al.* 1983). La morue charbonnière fraie tout au long de l'hiver à des profondeurs supérieures à 300 m le long de la côte du Pacifique (Mason *et al.* 1983), et des individus matures se trouvent à des profondeurs supérieures à 183 m (Head *et al.* 2014). Pour de nombreux poissons démersaux, comme la morue charbonnière, la reproduction se fait au hasard, c'est-à-dire qu'une petite proportion de la population totale se reproduit avec succès (Christie *et al.* 2010). Bien qu'il n'y ait pas suffisamment de données pour les individus sauvages, on a observé que les morues charbonnières d'élevage se reproduisent au hasard en captivité, avec une grande variance reproductive entre les individus et les familles (Rubi *et al.* 2022).

Plusieurs études ont examiné la variation génétique dans l'aire de répartition de la morue charbonnière. Dans l'est de l'océan Pacifique, la morue charbonnière semble présenter une absence générale de structure génétique des populations (Gharrett *et al.* 1982; Tripp-Valdez *et al.* 2012; MPO 2013; Jasonowicz *et al.* 2017; Orozco-Ruiz *et al.* 2023; Timm *et al.* 2024). En d'autres termes, la majorité de la variation génétique se produit entre les individus à l'intérieur des lieux d'échantillonnage plutôt qu'entre les individus échantillonnés à différents emplacements, ce qui concorde avec les niveaux élevés de déplacement détectés par les études de marquage (figure 2; Morita *et al.* 2012; MPO 2013). Des efforts récents de reséquençage du génome entier ont détecté une paire d'inversions importantes sur le chromosome 22, mais même ces inversions ne présentent pas de distribution spatiale différentielle (Timm *et al.* 2024), et il reste à déterminer les liens entre ces inversions et des lignées distinctes. Cependant, il existe des preuves d'une différenciation subtile aux extrémités de l'aire de répartition de l'espèce, les données nucléaires et mitochondriales ayant identifié des lignées divergentes entre l'Extrême-Orient (Kamtchatka) et une population unique à Baja, respectivement (Orozco-Ruiz *et al.* 2023). Même s'il n'y a que quelques échantillons seulement de la Colombie-Britannique qui ont contribué à ces études de la génétique des populations, les poissons de l'Alaska à l'État de Washington forment systématiquement un seul groupe génétique (Gharrett *et al.* 1982; Tripp-Valdez *et al.* 2012; MPO 2013; Jasonowicz *et al.* 2017; Orozco-Ruiz *et al.* 2023; Timm *et al.* 2024). Il serait donc surprenant d'observer une différenciation entre des emplacements en Colombie-Britannique. De plus, on observe couramment des profils similaires de faibles niveaux de différenciation génétique sur de

grandes échelles spatiales chez de nombreux autres poissons démersaux ayant de longues habitudes migratoires et une capacité de se reproduire tout au long de leur vie (p. ex. flétan, *Hippoglossus sp.*; Drinan *et al.* 2016; Kess *et al.* 2021; Ferchaud *et al.* 2022).

Malgré l'absence de différenciation génétique entre les emplacements pour la morue charbonnière, de nombreux facteurs peuvent entraîner des différences génétiques entre les populations d'élevage et les populations naturelles d'une espèce piscicole. La reproduction et l'élevage d'animaux en milieu aquacole sont connus pour causer des changements à la fois intentionnels et non intentionnels aux caractères des poissons d'élevage (Hallerman 2008; Lorenzen *et al.* 2012; Koch *et al.* 2023). Pour les espèces avec une consanguinité totale ou partielle dans les stocks de géniteurs, la sélection intentionnelle de caractères qui améliorent le rendement (p. ex. taux de croissance, faible atteinte précoce de la maturité, qualité de la chair, efficacité alimentaire) peut entraîner des écarts importants dans les optima des caractères phénotypiques entre les populations d'élevage et sauvages (Teletchea et Fontaine 2014). De même, la sélection involontaire dans le milieu aquacole (p. ex. en raison d'une densité élevée, d'éclosions de maladies, de régimes formulés) et une sélection assouplie par rapport aux milieux naturels (p. ex. absence de prédateurs) peuvent également entraîner des changements génétiques chez les populations piscicoles (Glover *et al.* 2012; Kristjánsson et Arnason 2016). Le taux de différenciation entre les populations d'élevage et sauvages peut être influencé par un certain nombre de facteurs, notamment certains aspects de l'installation d'élevage (p. ex. l'environnement artificiel tente-t-il d'imiter l'environnement naturel?) et la nature des protocoles d'élevage (p. ex. les animaux sont-ils élevés au hasard, de manière sélective ou pas du tout?). En effet, il a été démontré que divers milieux artificiels et protocoles favorisent une différenciation rapide entre les populations captives et sauvages chez de nombreux poissons, avec des différences allant de la variation de la programmation épigénétique à des populations de stocks de géniteurs présentant des régions très différenciées du génome (p. ex. Le Luyer *et al.* 2017; Liu *et al.* 2017; Habibi *et al.* 2024).

L'élevage d'animaux peut également entraîner des effets aléatoires sur la variation génétique, de sorte que la différenciation entre les populations d'élevage et sauvages n'est pas nécessairement le résultat de différences de sélection. Pour les espèces dont les populations sont structurées en raison d'un flux génétique restreint entre les populations naturelles, le déplacement et l'élevage de populations non locales causeront une différenciation génétique entre la population d'élevage et les populations naturelles locales (Skaala *et al.* 2004; Sylvester *et al.* 2018). La structure des populations d'une espèce suggère un potentiel d'adaptation locale, qui peut indiquer des différences d'adaptation entre les populations locales naturelles et d'élevage non locales. En outre, le maintien de la variation génétique dans une population dépend de la taille effective de la population (N_e), qui représente une population idéalisée qui permet de calculer le taux de perte de la variation génétique dans la population (Wright 1990). La taille effective d'une population est généralement inférieure à la taille de la population recensée (Frankham 1995), et il n'existe qu'une relation approximative entre ces deux mesures (Clarke *et al.* 2024; Waples 2024). Quoi qu'il en soit, à mesure que la taille effective de la population diminue, les changements stochastiques dans la variation génétique dus à un petit nombre d'individus reproducteurs augmentent. Par conséquent, pour une faible taille effective de la population, la probabilité de perte de la variation génétique dans une population est accrue. Les classes de recrutement piscicoles ont tendance à ne compter qu'un nombre relativement faible de reproducteurs et, combinées à la possibilité de reproduction au hasard, il existe un risque d'augmentation de la perte aléatoire de la variation génétique par rapport à une population sauvage (Ryman et Laikre 1991; Hallerman 2008; Waples *et al.* 2016). Ces pertes aléatoires touchent à la fois la variation génétique neutre et adaptative, et peuvent donc également entraîner la perte de la variation génétique adaptative dans les habitats naturels. De

plus, les effets négatifs de la valeur adaptative associés à la consanguinité augmentent également à une faible taille effective de la population (Naish *et al.* 2013; Pekkala *et al.* 2014; Lohr et Haag 2015). Ainsi, une combinaison d'effets génétiques aléatoires et non aléatoires peut rapidement produire une différenciation entre les poissons d'élevage et sauvages, qui réduit la valeur adaptative des poissons élevés artificiellement en milieu naturel (Milot *et al.* 2013; Johnsson *et al.* 2014; Solberg *et al.* 2020).

En plus de l'hérédité de la variation de la séquence génétique associée à la pisciculture, d'autres aspects structuraux de l'ADN peuvent également être influencés par l'élevage et transmis à la génération suivante (examen dans Angers *et al.* 2020 et Bossdorf *et al.* 2008). Ces changements structurels sont connus sous le nom de modifications épigénétiques, et l'exemple le mieux caractérisé est peut-être l'ajout de groupes méthyle aux paires de bases de cytosine dans l'ADN (c.-à-d. la méthylation de l'ADN) (Laine *et al.* 2023). Même en l'absence de variation de la séquence, les variantes épigénétiques peuvent toucher les traits liés à la valeur adaptative, en particulier en provoquant des changements dans l'expression génique. Ces modifications épigénétiques constituent un mécanisme rapide, potentiellement héréditaire, pour modifier l'expression génique, et de plus en plus de preuves donnent à penser que l'élevage de poissons dans un environnement artificiel induit des changements épigénétiques par rapport aux profils épigénétiques sauvages chez la même espèce (Christie *et al.* 2012, 2016; Le Luyer *et al.* 2017; Wellband *et al.* 2021; Koch *et al.* 2023; Venney *et al.* 2023). Dans le contexte de la pisciculture, l'épigénétique est un domaine d'étude relativement nouveau, et la mesure dans laquelle les variantes épigénétiques associées à l'élevage sont héréditaires n'est pas résolue. En général, la variation épigénétique est reprogrammée au cours du développement (Feng *et al.* 2010; Ksenia *et al.* 2018; Wellband *et al.* 2021); cependant, il existe au moins quelques preuves de la transmission de variantes des parents à leurs descendants chez les espèces d'élevage (Anastasiadi *et al.* 2021; Wellband *et al.* 2021; Venney *et al.* 2023). Ainsi, comme pour les variantes génétiques, il est possible que des variantes épigénétiques associées à un environnement piscicole soient transmises aux poissons sauvages (Koch *et al.* 2023; Venney *et al.* 2023), posant un risque pour la valeur adaptative des populations sauvages.

L'ampleur du risque posé par les différences génétiques et épigénétiques entre les poissons d'élevage et sauvages est fortement influencée par le taux de croisement entre les poissons d'élevage et les poissons sauvages et par la probabilité que la variation associée à l'élevage s'établisse dans les populations sauvages. Les possibilités de croisement et d'introgression sont créées par l'évasion des poissons des installations piscicoles dans le milieu naturel. En général, les évasions sont souvent classées comme des rejets involontaires à petite échelle (c.-à-d. des évasions « à petite échelle ») ou comme des évasions à grande échelle généralement associées à une défaillance de l'équipement ou à des erreurs de manipulation (Leggatt *et al.* 2010; Yang *et al.* 2019). Dans les deux cas, les interactions génétiques directes entre les poissons fugitifs et la population sauvage peuvent éloigner les caractères de leurs valeurs optimales dans l'habitat naturel (Yang *et al.* 2019). La documentation sur les salmonidés donne de nombreux exemples où l'introgression de poissons d'élevage dans des populations sauvages se fait au détriment du stock sauvage (Bourret *et al.* 2011; Christie *et al.* 2014; Stringwell *et al.* 2014; Davison et Satterthwaite 2017; Bradbury *et al.* 2020; McMillan *et al.* 2023), et la perte présumée de variation adaptative est particulièrement courante compte tenu des niveaux élevés d'adaptation locale et de la forte structure des populations de salmonidés (Fraser *et al.* 2011). Par exemple, l'introgression de saumons atlantiques (*Salmo salar*) d'élevage et sauvages dans la rivière Magaguadavic a coïncidé avec un déclin considérable de la population et la perte de variation génétique sous-jacente à un caractère adaptatif dans la population sauvage (Donnelly et Dill 1984; Bourret *et al.* 2011). La perte de variantes génétiques résultant de l'introgression de poissons d'élevage est moins bien

caractérisée dans les grandes populations, mais des preuves provenant de différentes populations de saumons atlantiques indiquent que les populations plus grandes sont plus résistantes à l'introggression des poissons d'élevage (Glover *et al.* 2012) et certains exemples concernant des poissons très abondants (p. ex. la morue franche) n'ont pas réussi à détecter de signes d'introggression à la suite d'évasions (Varne *et al.* 2015). Dans l'ensemble, cela permet de penser que les taux d'évasion des poissons d'élevage, tout comme la taille et la structure génétique des populations sauvages réceptrices, joueront un rôle important dans la détermination de la probabilité et des conséquences de l'introggression de la variation génétique ou épigénétique associée à la pisciculture (Hallerman 2008).

Les caractéristiques des populations, les comportements de reproduction et les pratiques d'élevage propres à chaque espèce sont des éléments clés pour déterminer les conséquences potentielles d'interactions génétiques directes entre les poissons d'élevage fugitifs et les populations sauvages. Le présent rapport décrit donc ces facteurs pour la morue charbonnière dans le contexte de la pisciculture en Colombie-Britannique, compte tenu des pratiques d'élevage actuelles et de l'information disponible sur le cycle biologique et la génétique de la morue charbonnière. Les sources potentielles d'incertitude dans cette évaluation sont également explorées, et la possibilité de développer un stock de géniteurs en captivité est passée en revue. Au moment de la publication, les limites des données ne permettent pas de procéder à une évaluation officielle du risque génétique; les lacunes dans les connaissances relevées dans le présent rapport donnent des orientations pour les efforts de collecte de données nécessaires à l'appui d'une évaluation des risques à l'avenir.

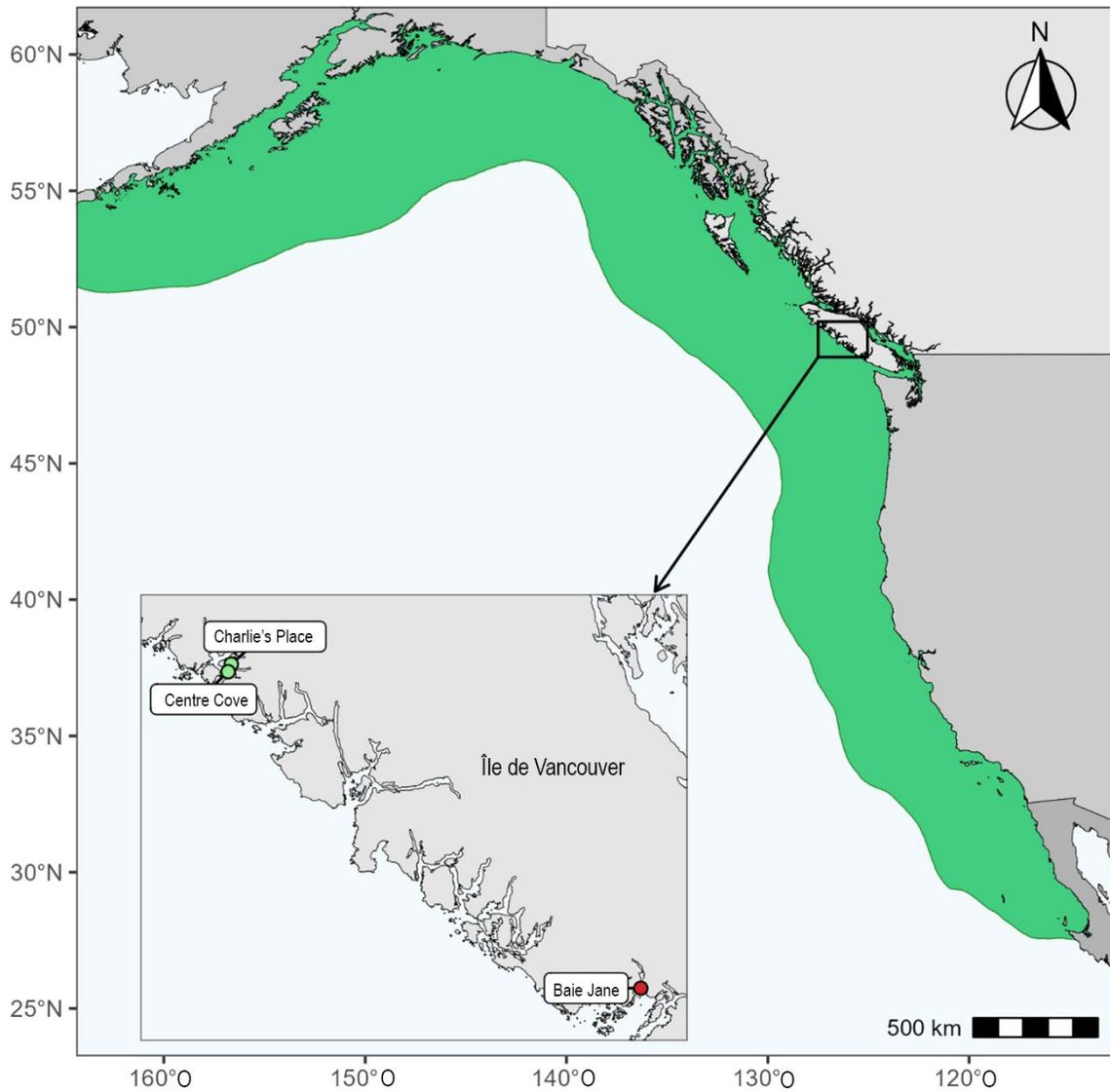


Figure 1. Emplacements des installations d'élevage de morue charbonnière actives (en vert) et inactives (en rouge) au Canada. La zone en vert dans l'océan Pacifique indique l'aire de répartition approximative de la morue charbonnière adulte (adapté de Orlova et al. 2019 et Tokranov et al. 2005).

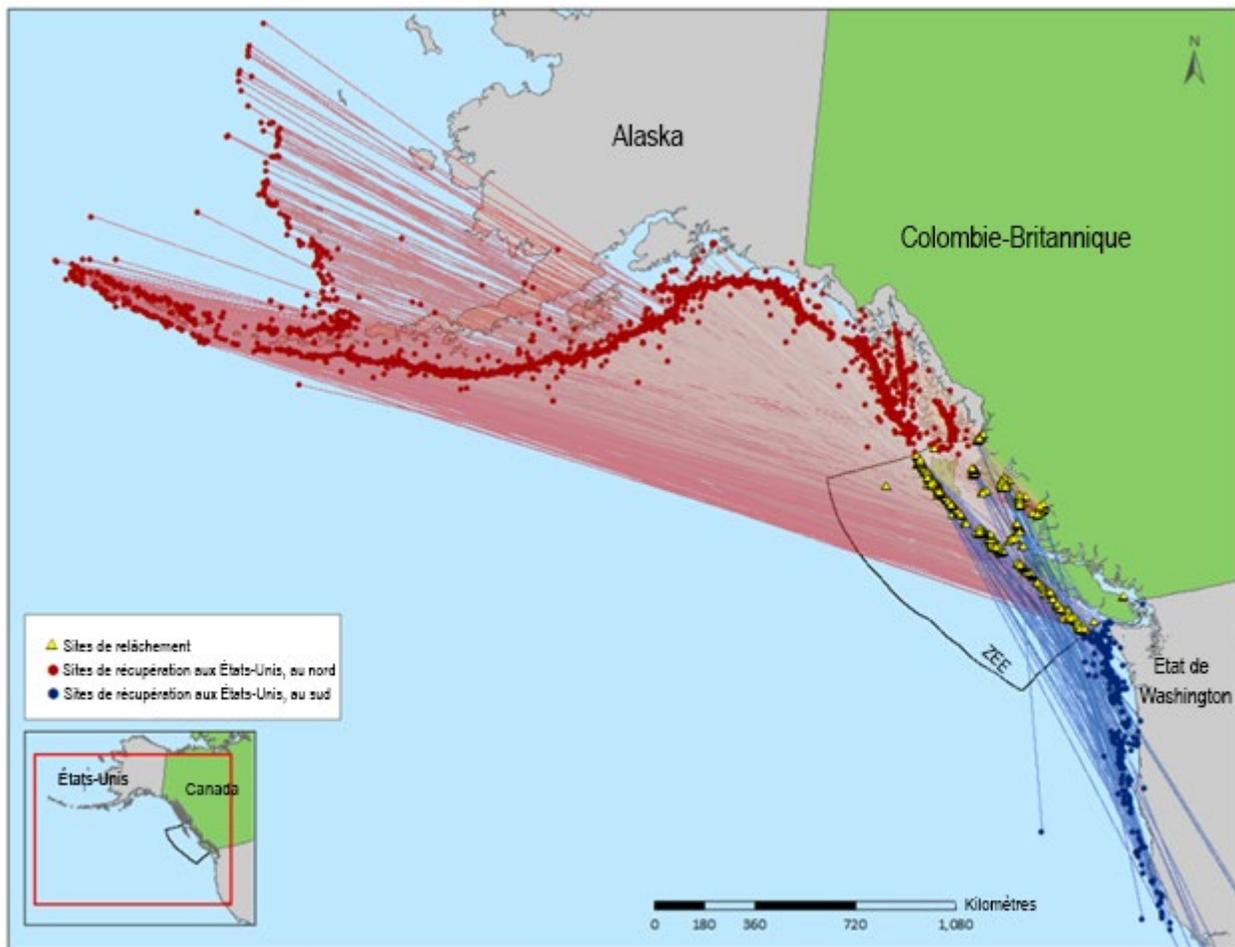


Figure 2. Emplacements de lâcher et de récupération de morues charbonnières marquées en Colombie-Britannique entre 1991 et 2012 (MPO 2013).

ANALYSE ET RÉPONSE

Les étapes suivantes sont nécessaires pour qu'il y ait des interactions génétiques directes entre les populations d'élevage et sauvages :

1. des poissons ou leurs gamètes doivent s'échapper d'une installation de pisciculture;
2. les fugitifs doivent survivre dans la nature et se disperser dans des habitats de fraie naturels;
3. les fugitifs doivent se reproduire avec des individus sauvages (figure 3).

Ces interactions génétiques peuvent avoir des conséquences négatives sur la population sauvage en modifiant sa diversité génétique, sa valeur adaptative et sa productivité (p. ex. MPO 2024b). Ici, nous examinons ces points dans le contexte de la pisciculture de la morue charbonnière en tenant compte de tous les renseignements disponibles sur les évasions de morues charbonnières en Colombie-Britannique, en étudiant les preuves d'introgression provenant d'installations aquacoles chez d'autres espèces de poissons et en mettant en évidence des exemples empiriques où l'introgression a été associée à des effets négatifs sur les populations naturelles.

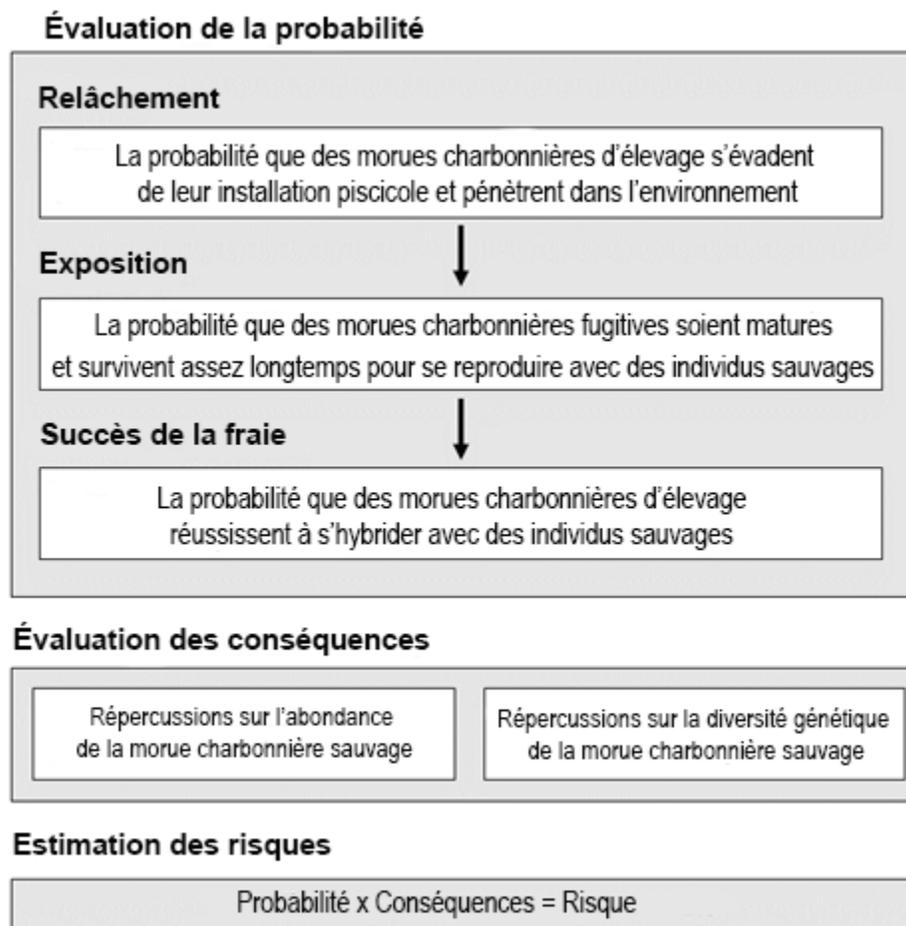


Figure 3. Modèle conceptuel pour évaluer les risques associés aux interactions génétiques directes entre des morues charbonnières sauvages et des morues charbonnières d'élevage évadées (modifié à partir d'une précédente évaluation des risques génétiques pour le saumon atlantique; MPO 2024b).

Probabilité d'interactions génétiques

Le flux génétique des populations d'élevage vers les populations sauvages exige d'abord que des poissons s'échappent de leur enclos. En Colombie-Britannique, les producteurs de morue charbonnière doivent déployer des efforts raisonnables pour empêcher les évasions et tenter de contrôler et de contenir les poissons qui s'échappent. Ils sont également tenus de déclarer toutes les évasions lorsqu'elles sont découvertes. Les données sur toutes les évasions sont publiées en ligne par Pêches et Océans Canada : [Les évasions de poissons d'élevage des sites d'aquaculture de la C.-B.](#) À ce jour, aucune évvasion de morues charbonnières n'a été signalée, ce qui indique qu'aucune évvasion à grande échelle n'a eu lieu depuis le début de la pisciculture de cette espèce en Colombie-Britannique. De plus, l'absence de signalements de morues charbonnières fugitives laisse entendre que le taux d'évasions à petite échelle est faible. Les évaluations des taux d'évasion des installations piscicoles pour d'autres espèces de poissons ont toujours conclu que les évasions à petite échelle sont constamment sous-estimées du fait de la sous-déclaration involontaire, car toutes les petites évasions ne sont pas observées (Carr et Whoriskey 2006; Skilbrei *et al.* 2015). Pour inclure cette possibilité, nous avons examiné les taux d'évasion d'autres espèces de poissons à partir de parcs en filet ouverts. Les taux d'évasion estimés varient considérablement entre les espèces, en partie en raison des

différences propres à l'espèce dans les circonstances menant à l'évasion. Par exemple, certains poissons de fond rongent les filets et ont des taux d'évasion relativement élevés (p. ex. la morue franche, *Gadus morhua*), tandis que les évasions de salmonidés dépendent davantage des dommages causés aux filets eux-mêmes (Føre et Thorvaldsen 2021). En comparaison, la morue charbonnière est une espèce de poisson de fond, mais on ignore par quel mécanisme elle s'évade. Bien qu'aucune morue charbonnière fugitive n'ait été signalée en Colombie-Britannique, ce qui empêche toute estimation directe d'un taux d'évasion propre à l'espèce, les rapports sur d'autres espèces indiquent des taux d'évasion variant généralement de moins de 1 % à 6 % du stock total (Leggatt *et al.* 2010).

Chez les espèces qui frayent à la volée, les individus d'élevage peuvent également s'évader des installations en relâchant des embryons fécondés (p. ex. morue franche; Jørstad *et al.* 2008). Bien que la morue charbonnière se reproduise à la volée (Sogard et Berkeley 2017), la possibilité de cette voie d'évasion est probablement atténuée par les pratiques d'élevage actuelles de l'espèce. Premièrement, les poissons d'élevage sont généralement récoltés à l'âge de deux ans, alors que la morue charbonnière dans la nature atteint la maturité sexuelle à l'âge de cinq ans. Deuxièmement, seules les femelles sont empoissonnées dans des parcs en filet pour le grossissement, et les individus matures dans la nature se trouvent à des profondeurs supérieures à 180 m environ (Head *et al.* 2014). Ensemble, ces faits permettent de penser qu'il est peu probable que des gamètes ou des embryons fécondés soient rejetés des installations de pisciculture de la morue charbonnière.

À notre connaissance, il n'existe pas de données propres à l'espèce pour évaluer la capacité des morues charbonnières fugitives à survivre, à se disperser ou à frayer avec succès dans l'habitat naturel. Pour que des interactions génétiques avec la population sauvage se produisent, les morues charbonnières fugitives devraient migrer vers les emplacements de fraie en profondeur pendant la saison de fraie hivernale. Cependant, la capacité démontrée des morues charbonnières d'écloserie de première génération (c.-à-d. celles qui ont été soumises à l'élevage) à se reproduire avec succès dans l'environnement de l'écloserie en réponse à des indices imitant l'environnement naturel (Rubi *et al.* 2022) suggère que les morues charbonnières fugitives seraient capables de frayer dans la nature. Il existe de nombreuses preuves, chez d'autres espèces de poissons, démontrant que les fugitifs des installations aquacoles sont suffisamment adaptés pour survivre à l'état sauvage et frayer avec des poissons sauvages (Karlsson *et al.* 2016; Bradbury *et al.* 2022). Une approche de précaution supposerait que les morues charbonnières fugitives sont capables de survivre et de se disperser dans l'habitat naturel, et qu'elles ont la capacité de frayer avec des individus sauvages. De plus, l'introgression relative associée aux fugitifs pourrait être plus élevée que prévu chez la morue charbonnière d'après les données provenant d'espèces sémelpares comme les salmonidés; en effet, la morue charbonnière se reproduisant tous les ans ou tous les deux ans sur une durée de vie pouvant atteindre 100 ans, les incidences génétiques des fugitifs d'élevage peuvent s'aggraver avec le temps.

Dans l'ensemble, les données disponibles pour examiner la probabilité d'exposition des morues charbonnières sauvages aux effets génétiques de la pisciculture sont extrêmement limitées. Aucune évasion, survie ou reproduction naturelle de morues charbonnières d'élevage n'a été observée. Cependant, les preuves concernant d'autres poissons d'élevage permettent de penser que ces trois composantes sont présentes chez d'autres espèces et que les taux d'évasion sont souvent sous-estimés. Compte tenu des exigences en vigueur en Colombie-Britannique, l'absence d'évasions signalées confirme que le taux d'évasion de morues charbonnières d'élevage est faible, mais des efforts dédiés de collecte de données seraient nécessaires pour évaluer avec précision les trois composantes contribuant à la

probabilité d'interactions génétiques directes entre les morues charbonnières d'élevage et sauvages (figure 3).

Conséquences des interactions génétiques

Une fois que les individus d'une population piscicole se sont évadés dans l'habitat naturel et se sont reproduits avec des individus sauvages, les conséquences sur l'état génétique de la population sauvage dépendront du degré de différenciation entre les populations captives et sauvages, ainsi que de la mesure dans laquelle la population sauvage est protégée contre les perturbations causées par l'apport de variations associées à la pisciculture. La différenciation des populations sera influencée à la fois par la gestion des stocks de géniteurs et par le nombre de générations dans l'environnement en captivité, tandis que la structure des populations sauvages et leur diversité génétique influenceront la résilience de l'espèce aux perturbations génétiques.

Différenciation des populations

Aucune donnée génétique n'est disponible pour évaluer directement la différenciation génétique entre les stocks de géniteurs de morue charbonnière et leurs homologues sauvages. Cependant, en utilisant une combinaison de principes fondamentaux, d'information sur les populations de morues charbonnières sauvages et de données probantes provenant d'autres espèces d'élevage, il est possible de faire des déductions sur la probabilité de différenciation génétique entre les morues charbonnières d'élevage et leurs homologues sauvages.

Une grande proportion des stocks de géniteurs de morue charbonnière vient du milieu naturel, ce qui pose un ensemble de considérations différentes pour la différenciation génétique des stocks de géniteurs d'élevage issus de sources sauvages par rapport aux espèces de salmonidés d'élevage. Plus précisément, les effets fondateurs pendant la capture ont le potentiel de générer une différenciation génétique fondée sur les variations comportementales et les types d'engins utilisés pour la capture du stock de géniteurs. L'utilisation de parcs en filet sur filières et de casiers appâtés, les types d'engins les plus couramment utilisés dans la pêche commerciale, peut sélectionner par inadvertance des poissons plus audacieux lors de la collecte de stock de géniteurs, comme on le voit chez plusieurs espèces d'achigans (Wilson *et al.* 2015; Andersen *et al.* 2018). Ainsi, les poissons capturés à des fins de reproduction ne sont pas forcément un échantillon aléatoire de la population en général, mais plutôt un sous-ensemble non aléatoire des individus les plus audacieux selon la méthode de capture mise en œuvre.

Après la capture, les différences entre les milieux d'élevage et naturels pour la morue charbonnière (p. ex. absence de prédateurs, prévalence de la nourriture, faibles profondeurs, espaces restreints) constituent un paysage sélectif entièrement différent de celui que connaissent les membres sauvages de l'espèce. Par l'assouplissement de la sélection naturelle et la sélection de domestication, ces différences peuvent également entraîner des changements importants dans la variation génétique et la distribution des caractères entre les poissons sauvages et les poissons d'élevage (p. ex. Johnson et Abrahams 1991). La différenciation induite par la sélection entre les individus d'élevage et sauvages devrait éloigner les populations d'élevage des caractères optimaux dans les habitats sauvages, de sorte que les changements génétiques induits par la pisciculture pourraient représenter un risque pour la valeur adaptative des populations sauvages (Leggatt *et al.* 2010). Comme nous l'avons vu dans la section Renseignements de base, ce mécanisme de différenciation génétique et les effets connexes sur la valeur adaptative ont été fréquemment observés chez d'autres espèces de poissons d'élevage (Houde *et al.* 2010; Christie *et al.* 2012, 2014; O'Sullivan *et al.* 2020; Dayan *et al.*

2024) et peuvent se produire même sur une seule génération en captivité (Christie *et al.* 2012, 2014, 2016; Habibi *et al.* 2024). La probabilité et l'ampleur de la différenciation devraient augmenter avec le nombre de générations pendant lesquelles l'espèce d'élevage est gardée en captivité. La majorité des stocks de géniteurs de morue charbonnière sont actuellement d'origine sauvage (p. ex. Rubi *et al.* 2022), mais l'utilisation de néomâles à sexe inversé indique que les poissons d'élevage ont au moins un parent qui a passé toute sa vie en captivité. Pour toutes les espèces, la plupart des données probantes démontrant que la différenciation génétique entre les stocks de géniteurs d'élevage et les populations sauvages est courante et se produit rapidement laissent entendre qu'une différenciation entre les morues charbonnières d'élevage et sauvages est probable, bien qu'elle n'ait pas encore été évaluée directement. L'ampleur de la différenciation peut être limitée, surtout par rapport à d'autres espèces ayant des stocks de géniteurs en captivité depuis longtemps (p. ex. le saumon atlantique), étant donné le faible nombre de générations en captivité actuellement dans la pisciculture de la morue charbonnière et l'absence de sélection délibérée des caractères.

Structure et diversité génétique des populations

La probabilité d'effets négatifs associés à l'introgression des populations d'élevage dépend également de la population sauvage réceptrice. Les données probantes sur le saumon atlantique montrent que la taille effective de la population et la structure de la population sauvage influent toutes deux sur l'ampleur de ces répercussions (Heino *et al.* 2014; Sylvester *et al.* 2018). Les petites populations très structurées sont particulièrement vulnérables, même à des apports relativement faibles de variation génétique associés à l'élevage. Dans une petite population, l'introgression risque davantage de produire directement un changement important dans les proportions de variantes génétiques présentes chez les reproducteurs dans l'habitat naturel. En revanche, les grandes populations ayant une taille efficace élevée et une faible structure génétique entre les emplacements sont protégées contre ces effets. Non seulement les apports de taille similaire sont proportionnellement plus faibles dans une population plus nombreuse, mais la sélection fonctionne également plus efficacement dans les grandes populations, de sorte que les variantes génétiques sous-optimales sont moins susceptibles de s'établir à grande échelle et que la variation adaptative a moins de chances d'être perdue par des processus aléatoires tels que la dérive génétique (Charlesworth 2009). Comme nous l'avons vu précédemment, il semble que la morue charbonnière de la Colombie-Britannique soit une grande population à la structure limitée. On peut aussi en déduire que les origines non locales ou les déplacements des poissons utilisés dans les exploitations piscicoles en Colombie-Britannique n'introduiront probablement pas de nouvelles variations génétiques dans les habitats locaux par l'intermédiaire des fugitifs.

Il est difficile d'estimer avec précision la taille effective d'une population sauvage (N_e) à partir d'un recensement d'individus (N_c ; p. ex. Palstra et Fraser 2012; Ferchaud *et al.* 2016), mais en ce qui concerne les seuils potentiels pour le maintien de la variation génétique additive (p. ex. plus de 500 ou plus de 1 000; Frankham 2005; Waples 2024), il est très probable que la grande population de morues charbonnières en Colombie-Britannique représente une taille effective de population bien supérieure à un niveau génétiquement vulnérable. Par exemple, les estimations empiriques de la taille effective de la population par rapport à la taille de la population recensée (N_e/N_c) chez le bar (*Atractoscion nobilis*) varient de 0,27 à 0,40 (Bartley *et al.* 1992). En revanche, les valeurs estimées de N_e/N_c pour les poissons marins peuvent être aussi basses que 0,017 en moyenne (Clarke *et al.* 2024). Cependant, malgré cette faible estimation, les populations modélisées ont une forte probabilité que N_e dépasse 500 individus (Clarke *et al.* 2024). Ainsi, la morue charbonnière peut être bien protégée contre les conséquences négatives de l'introgression de poissons d'élevage grâce au nombre relativement élevé de reproducteurs

sauvages avec une différenciation limitée entre les emplacements dans toute son aire de répartition.

Les conséquences négatives associées aux fuyitifs d'élevage sur la taille effective des populations sauvages dépendent principalement de deux facteurs : la proportion de fuyitifs dans la population sauvage et le rapport entre la taille effective de la population sauvage et celle de la population d'élevage (Waples *et al.* 2016). Les résultats des efforts de modélisation indiquent que les conséquences négatives sont atténuées lorsque la fraction issue d'écloseries est faible et que la taille effective de la population sauvage est nettement supérieure à celle de la population d'élevage (p. ex. 1 000 fois plus élevée; Waples *et al.* 2016). Bien qu'il n'y ait pas de données permettant d'évaluer ce rapport pour la morue charbonnière, il est probable que ces deux conditions se vérifient dans les niveaux de production actuels.

Même si une structure limitée de la population a été détectée chez la morue charbonnière, l'une des limites des données disponibles est que la majorité des études examinaient une variation génétique présumée neutre à relativement peu de loci dans le génome (MPO 2013; Jasonowicz *et al.* 2017; Orozco-Ruiz *et al.* 2023). Le génome de la morue charbonnière est composé d'environ 650 000 000 paires de bases (Flores *et al.* 2023), ce qui signifie que même des milliers de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) représentent une densité de marqueurs plus faible que celle qui est souvent nécessaire pour résoudre les profils adaptatifs (Manel *et al.* 2016; Ahrens *et al.* 2018). Il pourrait donc y avoir une variation génétique adaptative non résolue chez la morue charbonnière dans l'habitat naturel. Par exemple, une étude récente a évalué la variation à plus de 7 000 000 d'emplacements dans le génome et a résolu une paire d'inversions non détectées auparavant sur le chromosome 22 (Timm *et al.* 2024). Il est possible que ces inversions représentent des profils adaptatifs ou une composante de la structure de la population qui n'est pas encore comprise (p. ex. des caractères liés au cycle biologique comme la période de la migration). En effet, des études similaires utilisant des densités de marqueurs élevées chez d'autres taxons marins ont détecté des profils subtils d'adaptation locale malgré un flux génétique élevé et une faible structure des populations (Gagnaire *et al.* 2012; Gleason et Burton 2016; Liu *et al.* 2022; Fuentes-Pardo *et al.* 2024). Ainsi, l'introggression de la variation génétique associée à l'élevage peut encore constituer une menace pour la variation adaptative non résolue chez la morue charbonnière. Cependant, il est probable que les conclusions ci-dessus concernant la grande taille des populations et la variation génétique généralisée de l'espèce se maintiendront en tant que profil global, même face aux futurs efforts de collecte de données.

L'utilisation d'une population de production entièrement femelle introduit également des considérations sur les effets génétiques associés au croisement entre des fuyitifs de l'élevage et des morues charbonnières sauvages. L'accumulation de la sélection chez ces poissons qui ont une génération supplémentaire passée dans l'écloserie a été abordée précédemment, mais les fuyitifs transféreront également les effets maternels associés à l'élevage dans la population sauvage à un taux proportionnellement plus élevé que celui auquel on pourrait s'attendre avec une production avec des sex-ratios typiques (Mousseau *et al.* 2009). Par ailleurs, le transfert des effets paternels possibles sera réduit en conséquence. Étant donné le manque d'information sur les effets maternels et paternels chez la morue charbonnière, il n'est pas possible d'évaluer l'incidence nette du biais en faveur des effets maternels avec l'information actuellement disponible. En outre, une autre conséquence possible de la production entièrement à partir de femelles est que les fuyitifs pourraient décaler les sex-ratios locaux dans les groupes reproducteurs de la valeur 50:50, ce qui peut également réduire la taille effective des populations et modifier les profils de la variation génétique (Frankham 1995). Malgré cette possibilité, il est probable que la morue charbonnière sauvage soit protégée contre cette

conséquence, compte tenu de la population importante et répandue de l'espèce, comme nous l'avons déjà mentionné.

Selon les renseignements pris en compte dans le présent rapport, une différenciation génétique est probable dans une certaine mesure entre les populations d'élevage et sauvages de morues charbonnières en Colombie-Britannique, et la variation présente dans la population piscicole est très probablement sous-optimale dans l'habitat naturel. Pris ensemble, ces éléments donnent à penser que le croisement de fuyitifs d'élevage avec des morues charbonnières sauvages aurait des conséquences génétiques sur la population sauvage, mais la population sauvage pourrait être naturellement protégée contre ces conséquences par la structure de la population, en particulier comparée à des espèces comme les salmonidés. Encore une fois, les données disponibles sur la morue charbonnière sont limitées, et il sera nécessaire de combler les lacunes dans les connaissances sur l'ampleur de la différenciation génétique et les effets sur la valeur adaptative des changements génétiques induits par l'élevage afin d'évaluer les conséquences sur l'hybridation à l'avenir.

Développement d'une population de géniteurs captifs

Dans de nombreux environnements d'écloserie et d'aquaculture, une population reproductrice isolée est maintenue pendant plusieurs générations pour fournir continuellement des descendants à des fins de production, sans dépendre des populations naturelles. Les populations naturelles en bénéficient puisqu'il n'y a pas de prélèvement constant d'individus pour constituer les stocks de géniteurs. Pourtant, cet avantage a un coût potentiel, car les probabilités de différenciation et de domestication sont plus élevées à mesure que le nombre de générations en captivité augmente (p. ex. Fraser 2008). Ainsi, les stocks de géniteurs en captivité peuvent entraîner une différenciation génomique plus étendue entre les populations captives et sauvages (Howe *et al.* 2024). Par exemple, chez le saumon atlantique, certains stocks de géniteurs sont maintenus en captivité depuis des décennies (de 6 à 10 générations par exemple), et il a été démontré que l'introgression de ces stocks de géniteurs dans les populations sauvages a des conséquences négatives sur la valeur adaptative en raison de l'atteinte précoce de la maturité, du retard de la période de la montaison et de la susceptibilité accrue aux prédateurs (Stringwell *et al.* 2014; Solberg *et al.* 2020; Besnier *et al.* 2022; Bekkevold *et al.* 2024). De plus, la variation génétique des populations de géniteurs maintenues et élevées en captivité pendant longtemps peut être suffisamment épuisée pour qu'on observe une dépression consanguine (Kincaid 1983; Gallardo *et al.* 2004; Venney *et al.* 2016), qui augmente le risque potentiel associé à l'introgression. De ce fait, l'élaboration d'un programme de géniteurs en captivité pour la morue charbonnière est une approche raisonnable pour réduire la dépendance à l'égard des poissons sauvages pour obtenir les géniteurs, mais cette approche se traduirait probablement par une différenciation génétique ou épigénétique accrue entre les populations d'élevage et sauvages, qui renforcerait encore l'importance de l'atténuation de la probabilité d'hybridation entre des morues charbonnières sauvages et des poissons issus de populations d'élevage (c.-à-d. réduction du nombre de fuyitifs, stérilité des populations d'élevage).

LACUNES DANS LES CONNAISSANCES

Il existe plusieurs lacunes dans les données et sources d'incertitude critiques entourant la biologie et la pisciculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique (tableau 1) :

- Le manque d'observations des fuyitifs des installations de pisciculture de morue charbonnière empêche d'estimer le taux d'évasion avec exactitude.

Risques génétiques associés à la pisciculture de la morue charbonnière

Région du Pacifique

- On ne sait pas actuellement si les morues charbonnières d'élevage évadées survivent et s'hybrident avec des morues charbonnières sauvages.
- Il n'y a pas de données décrivant la différenciation génétique ou épigénétique entre les morues charbonnières d'élevage et sauvages en raison des pratiques d'élevage actuelles.
- La taille génétique effective de la population de morues charbonnières dans l'est du Pacifique n'a pas été estimée directement.
- La valeur adaptative de la morue charbonnière d'élevage ou la variation génétique induite par la pisciculture dans l'habitat naturel n'ont pas été examinées.

Tableau 1. Incertitudes associées à l'exposition de morues charbonnières d'élevage à des populations sauvages et conséquences potentielles de l'hybridation entre des individus d'élevage et sauvages.

	<i>Composante de l'évaluation</i>	<i>Incertitude</i>
Probabilité	<i>Des morues charbonnières s'évadent de leur installation piscicole et pénètrent dans l'environnement</i>	<i>Les évasions « à petite échelle » peuvent ne pas être observées dans tous les cas Aucune donnée sur la présence de morues charbonnières d'élevage dans l'habitat naturel</i>
	<i>Des morues charbonnières fugitives survivent et s'hybrident avec des individus sauvages</i>	<i>On ignore le taux de survie des morues charbonnières d'élevage dans la nature On ignore le moment de l'atteinte de la maturité chez les morues charbonnières d'élevage en dehors des installations piscicoles On ignore les profils de dispersion des morues charbonnières d'élevage</i>
	<i>Des morues charbonnières d'élevage s'hybrident avec des individus sauvages</i>	<i>On ne sait pas si des morues charbonnières d'élevage et sauvages s'hybrident dans l'habitat naturel</i>
Conséquence	<i>Répercussions sur l'abondance de la morue charbonnière sauvage</i>	<i>On ignore la valeur adaptative relative de la morue charbonnière dans l'habitat naturel On ignore les effets d'une baisse de la valeur adaptative sur la productivité de la population sauvage de morues charbonnières</i>
	<i>Répercussions sur la diversité génétique de la morue charbonnière sauvage</i>	<i>L'ampleur de la différenciation génétique entre les populations de morues charbonnières d'élevage et sauvages n'a pas été examinée Des estimations de la taille effective des populations de morues charbonnières d'élevage et sauvages ne sont pas disponibles</i>

CONCLUSIONS

Malgré le manque de données propres à l'espèce, une approche de précaution poserait les hypothèses suivantes :

1. il y a une différenciation génétique entre les morues charbonnières d'élevage et sauvages;
2. il y a au moins un faible taux d'évasion des installations d'élevage de morue charbonnière;
3. les morues charbonnières d'élevage peuvent s'hybrider avec des poissons sauvages.

Les preuves génétiques appuient l'existence d'une seule population nombreuse de morues charbonnières en Colombie-Britannique, ce qui signifie que l'incidence de l'introgession génétique de la pisciculture pourrait être naturellement atténuée avec les niveaux actuels de production autorisée. Cependant, il existe d'importantes lacunes dans les connaissances sur la morue charbonnière, de sorte qu'une évaluation plus détaillée des répercussions des interactions génétiques n'est pas possible à l'heure actuelle. De plus, pour évaluer le risque posé par les activités piscicoles pour la morue charbonnière sauvage, il faudrait également tenir compte des interactions qui dépassent la portée du présent rapport, comme les risques pour l'environnement et la santé (MPO 2010).

LISTE DES PARTICIPANTS DE LA RÉUNION

Collaborateur	Organisme d'appartenance
Braden Judson	Direction des Sciences du MPO
Timothy Healy	Direction des Sciences du MPO
Kyle Wellband	Direction des Sciences du MPO
Kerra Shaw	Direction générale de la Gestion de l'aquaculture du MPO
Derek Price	Direction générale de la Gestion de l'aquaculture du MPO
Geoff Lowe	Direction des Sciences du MPO
Lisa Christensen	SCAS
Krista Nichols	NOAA Fisheries
Charlie Waters	NOAA Fisheries
Mark Coulson	Direction des Sciences du MPO
Kendra Holt	Direction des Sciences du MPO
Rob Kronlund	Interface Fisheries Consulting Ltd.

SOURCES DE RENSEIGNEMENTS

- Ahrens, C.W., Rymer, P.D., Stow, A., Bragg, J., Dillon, S., Umbers, K.D.L., and Dudaniec, R.Y. 2018. The search for loci under selection: trends, biases and progress. *Mol. Ecol.* **27**(6): 1342–1356. doi:10.1111/mec.14549.
- Anastasiadi, D., Venney, C.J., Bernatchez, L., and Wellenreuther, M. 2021. [Epigenetic inheritance and reproductive mode in plants and animals](#). *Trends Ecol. Evol.* **36**(12): 1124–1140.
- Andersen, K.H., Marty, L., and Arlinghaus, R. 2018. Evolution of boldness and life history in response to selective harvesting. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* **75**(2): 271–281. doi:10.1139/cjfas-2016-0350.
- Angers, B., Perez, M., Menicucci, T., and Leung, C. 2020. Sources of epigenetic variation and their applications in natural populations. *Evol. Appl.* **13**(6): 1262–1278. doi:10.1111/eva.12946.
- Bartley, D., Bagley, M., Gall, G., and Bentley, B. 1992. Use of Linkage Disequilibrium Data to Estimate Effective Size of Hatchery and Natural Fish Populations. *Conserv. Biol.* **6**: 365–375.
- Beamish, R., and McFarlane, A. 1988. Resident and Dispersal Behavior of Adult Sablefish (*Anaplopoma fimbria*) in the Slope Waters off Canada's West Coast. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* **45**: 152–164.
- Beamish, R.J., and McFarlane, G.A. 2000. Reevaluation of the interpretation of annuli from otoliths of a long-lived fish, *Anoplopoma fimbria*. *Fish. Res.* **46**(1–3): 105–111. doi:10.1016/S0165-7836(00)00137-5.
- Bekkevold, D., Besnier, F., Frank-Gopolos, T., Nielsen, E.E., and Glover, K.A. 2024. Introgression affects *Salmo trutta* juvenile life-history traits generations after stocking with non-native strains. *Evol. Appl.* **17**(7): 1–12. doi:10.1111/eva.13725.
- Besnier, F., Ayllon, F., Skaala, Ø., Solberg, M.F., Fjeldheim, P.T., Anderson, K., Knutar, S., and Glover, K.A. 2022. Introgression of domesticated salmon changes life history and phenology of a wild salmon population. *Evol. Appl.* **15**(5): 853–864. doi:10.1111/eva.13375.
- Bossdorf, O., Richards, C.L., and Pigliucci, M. 2008. Epigenetics for ecologists. *Ecol. Lett.* **11**(2): 106–115. doi:10.1111/j.1461-0248.2007.01130.x.
- Bourret, V., Reilly, P.T.O., Carr, J.W., Berg, P.R., and Bernatchez, L. 2011. Temporal change in genetic integrity suggests loss of local adaptation in a wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) population following introgression by farmed escapees. *Heredity (Edinb)*. **106**: 500–510. doi:10.1038/hdy.2010.165.
- Bradbury, I.R., Duffy, S., Lehnert, S.J., Jóhannsson, R., Fridriksson, J.H., Castellani, M., Burgetz, I., Sylvester, E., Messmer, A., Layton, K., Kelly, N., Dempson, J.B., and Fleming, I.A. 2020. Model-based evaluation of the genetic impacts of farm-escaped Atlantic salmon on wild populations. *Aquac. Environ. Interact.* **12**: 45–59. doi:10.3354/aei00346.
- Charlesworth, B. 2009. Effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nat. Rev. Genet.* **10**: 195–205.
- Carr, J.W., and Whoriskey, F.G. 2006. The escape of juvenile farmed Atlantic salmon from hatcheries into freshwater streams in New Brunswick, Canada. *ICES J. Mar. Sci.* **63**(7): 1263–1268. doi:10.1016/j.icesjms.2006.03.020.

- Christie, M.R., Ford, M.J., and Blouin, M.S. 2014. On the reproductive success of early-generation hatchery fish in the wild. *Evol. Appl.* **7**(8): 883–896. doi:10.1111/eva.12183.
- Christie, M.R., Johnson, D.W., Stallings, C.D., and Hixon, M.A. 2010. Self-recruitment and sweepstakes reproduction amid extensive gene flow in a coral-reef fish. *Mol. Ecol.* **19**(5): 1042–1057. doi:10.1111/j.1365-294X.2010.04524.x.
- Christie, M.R., Marine, M.L., Fox, S.E., French, R.A., and Blouin, M.S. 2016. A single generation of domestication heritably alters the expression of hundreds of genes. *Nat. Commun.* **7**: 1–6. doi:10.1038/ncomms10676.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A., and Blouin, M.S. 2012. Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **109**(1): 238–242. doi:10.1073/pnas.1111073109.
- Clarke, S.H., Lawrence, E.R., Matte, J.M., Gallagher, B.K., Salisbury, S.J., Michaelides, S.N., Koumrouyan, R., Ruzzante, D.E., Grant, J.W.A., and Fraser, D.J. 2024. Global assessment of effective population sizes: Consistent taxonomic differences in meeting the 50/500 rule. *Mol. Ecol.* **33**(11): 1–14. doi:10.1111/mec.17353.
- Cook, M.A., Masee, K.C., Wade, T.H., Oden, S.M., Jensen, C., Jasonowicz, A., Immerman, D.A., and Goetz, F.W. 2015. Culture of sablefish (*Anoplopoma fimbria*) larvae in four experimental tank designs. *Aquac. Eng.* **69**: 43–49. Elsevier B.V. doi:10.1016/j.aquaeng.2015.09.003.
- Cox, S.P., Kronlund, A.R., Lacko, L. et Jones, M. 2023. [Un modèle opérationnel révisé pour la morue charbonnière en Colombie Britannique, Canada en 2016](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Doc. de rech. 2023/023. viii + 141 p.
- Davison, R.J., and Satterthwaite, W.H. 2017. Life history effects on hatchery contributions to ocean harvest and natural-area spawning. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* **1587**: 1575–1587.
- Dayan, D.I., Sard, N.M., Johnson, M.A., Fitzpatrick, C.K., Couture, R., and O'Malley, K.G. 2024. A single generation in the wild increases fitness for descendants of hatchery-origin Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Evol. Appl.* **17**(4): 1–13. doi:10.1111/eva.13678.
- Donnelly, W.A., and Dill, L.M. 1984. Evidence for crypsis in coho salmon, *Oncorhynchus kisutch* (Walbaum), parr: substrate colour preference and achromatic reflectance. *J. Fish Biol.* **25**(2): 183–195. doi:10.1111/j.1095-8649.1984.tb04865.x.
- Drinan, D.P., Galindo, H.M., Loher, T., and Hauser, L. 2016. Subtle genetic population structure in Pacific halibut *Hippoglossus stenolepis*. *J. Fish Biol.* **89**(6): 2571–2594. doi:10.1111/jfb.13148.
- Feng, S., Jacobsen, S.E., and Reik, W. 2010. [Epigenetic Reprogramming in Plant and Animal Development](#). *Science*. **330**(6004): 622–627.
- Ferchaud, A.-L., Normandeau, E., Babin, C., Præbel, K., Hedeholm, R., Audet, C., Morgan, J., Treble, M., Walkusz, W., Sirois, P., and Bernatchez, L. 2022. [A cold-water fish striving in a warming ocean: Insights from whole-genome sequencing of the Greenland halibut in the Northwest Atlantic](#). *Front. Mar. Sci.* **9**: 992504.
- Ferchaud, A.L., Perrier, C., April, J., Hernandez, C., Dionne, M., and Bernatchez, L. 2016. Making sense of the relationships between Ne, Nb and Nc towards defining conservation thresholds in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Heredity (Edinb.)* **117**(4): 268–278. Nature Publishing Group. doi:10.1038/hdy.2016.62.

- Flores, A.M., Christensen, K.A., Campbell, B., Koop, B.F., and Taylor, J.S. 2023. Sablefish (*Anoplopoma fimbria*) chromosome-level genome assembly. *G3 Genes, Genomes, Genet.* **13**(7): 1–7. Oxford University Press. doi:10.1093/g3journal/jkad089.
- Frankham, R. 1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife: A review. *Genet. Res. (Camb).* **89**(5–6): 491–503. doi:10.1017/S0016672308009695.
- Frankham, R. 2005. Genetics and extinction. *Biol. Conserv.* **126**(2): 131–140. doi:10.1016/j.biocon.2005.05.002.
- Fraser, D.J. 2008. How well can captive breeding programs conserve biodiversity? A review of salmonids. *Evol. Appl.* **1**(4): 535–586. doi:10.1111/j.1752-4571.2008.00036.x.
- Fraser, D.J., Weir, L.K., Bernatchez, L., Hansen, M.M., and Taylor, E.B. 2011. Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: Review and meta-analysis. *Heredity (Edinb).* **106**(3): 404–420. doi:10.1038/hdy.2010.167.
- Fuentes-Pardo, A.P., Stanley, R., Bourne, C., Singh, R., Emond, K., Pinkham, L., McDermid, J.L., Andersson, L., and Ruzzante, D.E. 2024. Adaptation to seasonal reproduction and environment-associated factors drive temporal and spatial differentiation in northwest Atlantic herring despite gene flow. *Evol. Appl.* **17**(3): 1–24. doi:10.1111/eva.13675.
- Gagnaire, P.A., Normandeau, E., Côté, C., Hansen, M.M., and Bernatchez, L. 2012. The genetic consequences of spatially varying selection in the panmictic american eel (*Anguilla rostrata*). *Genetics.* **190**(2): 725–736. doi:10.1534/genetics.111.134825.
- Gallardo, J.A., García, X., Lhorente, J.P., and Neira, R. 2004. Inbreeding and inbreeding depression of female reproductive traits in two populations of Coho salmon selected using BLUP predictors of breeding values. *Aquaculture* **234**(1–4): 111–122. doi:10.1016/j.aquaculture.2004.01.009.
- Gharrett, A.J., Thomason, M.A., and Wishard, L.N. 1982. Biochemical Genetics of Sablefish. NWAFC Processed Report 82-05.
- Gleason, L.U., and Burton, R.S. 2016. Genomic evidence for ecological divergence against a background of population homogeneity in the marine snail *Chlorostoma funebris*. *Mol. Ecol.* **25**(15): 3557–3573. doi:10.1111/mec.13703.
- Glover, K.A., Quintela, M., Wennevik, V., Besnier, F., Sørvik, A.G.E., and Skaala, Ø. 2012. Three decades of farmed escapees in the wild: A spatio-temporal analysis of atlantic salmon population genetic structure throughout norway. *PLoS One.* **7**(8). doi:10.1371/journal.pone.0043129.
- Guzmán, J.M., Luckenbach, J.A., Middleton, M.A., Masee, K.C., Jensen, C., Goetz, F.W., Jasonowicz, A.J., and Swanson, P. 2017. Reproductive life history of sablefish (*Anoplopoma fimbria*) from the U.S. Washington coast. *PLoS One.* **12**(9): 1–24. doi:10.1371/journal.pone.0184413.
- Habibi, E., Miller, M.R., Schreier, A., Campbell, M.A., Hung, T.C., Gille, D., Baerwald, M., and Finger, A.J. 2024. Single generation epigenetic change in captivity and reinforcement in subsequent generations in a delta smelt (*Hypomesus transpacificus*) conservation hatchery. *Mol. Ecol.* **33**(15): 1–18. doi:10.1111/mec.17449.
- Hallerman, E. 2008. Application of risk analysis to genetic issues in aquaculture. *In* Understanding and applying risk analysis in aquaculture, FAO Fisher. pp. 47–66.

- Hartley, M.L., D.M. Schug, K.F. Wellman, B. Lane, W.T. Fairgrieve, and J.A. Luckenbach. 2020. [Sablefish Aquaculture: An Assessment of Recent Developments and Their Potential for Enhancing Profitability](#). U.S. Department of Commerce, NOAA Technical Memorandum NMFS-NWFSC-159.
- Head, M.A., Keller, A.A., and Bradburn, M. 2014. Maturity and growth of sablefish, *Anoplopoma fimbria*, along the U.S. West Coast. *Fish. Res.* **159**: 56–67. Elsevier B.V. doi:10.1016/j.fishres.2014.05.007.
- Heino, M., Svåsand, T., Wennevik, V., and Glover, K.A. 2014. Genetic introgression of farmed salmon in native populations: Quantifying the relative influence of population size and frequency of escapees. *Aquac. Environ. Interact.* **6**(2): 185–190. doi:10.3354/aei00126.
- Houde, A.L.S., Fraser, D.J., and Hutchings, J.A. 2010. Reduced anti-predator responses in multi-generational hybrids of farmed and wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Conserv. Genet.* **11**(3): 785–794. doi:10.1007/s10592-009-9892-2.
- Howe, N.S., Hale, M.C., Waters, C.D., Schaal, S.M., Shedd, K.R., and Larson, W.A. 2024. Genomic evidence for domestication selection in three hatchery populations of Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Evol. Appl.* **17**(2): 1–18. doi:10.1111/eva.13656.
- Jasonowicz, A.J., Goetz, F.W., Goetz, G.W., and Nichols, K.M. 2017. Love the one you're with: Genomic evidence of panmixia in the sablefish (*Anoplopoma fimbria*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* **74**(3): 377–387. doi:10.1139/cjfas-2016-0012.
- Johnsson, J.I., Brockmark, S., and Näslund, J. 2014. Environmental effects on behavioural development consequences for fitness of captive-reared fishes in the wild. *J. Fish Biol.* **85**(6): 1946–1971. doi:10.1111/jfb.12547.
- Jørstad, K.E., Van Der Meeren, T., Paulsen, O.I., Thomsen, T., Thorsen, A., and Svåsand, T. 2008. “Escapes” of eggs from farmed cod spawning in net pens: Recruitment to wild stocks. *Rev. Fish. Sci.* **16**(1–3): 285–295. doi:10.1080/10641260701678017.
- Kess, T., Einfeldt, A.L., Wringe, B., Lehnert, S.J., Layton, K.K.S., McBride, M.C., Robert, D., Fisher, J., Le Bris, A., Den Heyer, C., Shackell, N., Ruzzante, D.E., Bentzen, P., and Bradbury, I.R. 2021. A putative structural variant and environmental variation associated with genomic divergence across the Northwest Atlantic in Atlantic Halibut. *ICES J. Mar. Sci.* **78**(7): 2371–2384. doi:10.1093/icesjms/fsab061.
- Kincaid, H.L. 1983. Inbreeding in fish populations used for aquaculture. *Aquaculture.* **33**(1–4): 215–227. doi:10.1016/0044-8486(83)90402-7.
- Koch, I.J., Nuetzel, H.M., and Narum, S.R. 2023. Epigenetic effects associated with salmonid supplementation and domestication. *Environ. Biol. Fishes.* **106**(5): 1093–1111. Springer Netherlands. doi:10.1007/s10641-022-01278-w.
- Kristjánsson, T., and Arnason, T. 2016. Heritability of economically important traits in the Atlantic cod *Gadus morhua* L. *Aquac. Res.* **47**(2): 349–356. doi:10.1111/are.12496.
- Ksenia, S., Iovino, N., and Ozren, B. 2018. Functions and mechanisms of epigenetic inheritance in animals. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* **19**: 774–790.
- Laine, V.N., Sepers, B., Lindner, M., Gawehns, F., Ruuskanen, S., and van Oers, K. 2023. An ecologist's guide for studying DNA methylation variation in wild vertebrates. *Mol. Ecol. Res.* **23**(7): 1488–1508. doi:10.1111/1755-0998.13624.

- Leggatt, R.A., O'Reilly, P.T., Blanchfield, P.J., McKindsey, C.W. and Devlin, R.H. 2010. [Pathway of effects of escaped aquaculture organisms or their reproductive material on natural ecosystems in Canada](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2010/019. vi + 70 p.
- Liu, L., Ang, K.P., Elliott, J.A.K., Kent, M.P., Lien, S., MacDonald, D., and Boulding, E.G. 2017. A genome scan for selection signatures comparing farmed Atlantic salmon with two wild populations: Testing colocalization among outlier markers, candidate genes, and quantitative trait loci for production traits. *Evol. Appl.* **10**(3): 276–296. doi:10.1111/eva.12450.
- Liu, S., Tengstedt, A.N.B., Jacobsen, M.W., Pujolar, J.M., Jónsson, B., Lobón-Cervià, J., Bernatchez, L., and Hansen, M.M. 2022. Genome-wide methylation in the panmictic European eel (*Anguilla anguilla*). *Mol. Ecol.* **31**(16): 4286–4306. doi:10.1111/mec.16586.
- Lohr, J.N., and Haag, C.R. 2015. [Genetic load, inbreeding depression, and hybrid vigor covary with population size: An empirical evaluation of theoretical predictions](#). *Evolution.* **69**(12): 3109–3122.
- Lorenzen, K., Beveridge, M.C.M., and Mangel, M. 2012. Cultured fish: Integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish. *Biol. Rev.* **87**(3): 639–660. doi:10.1111/j.1469-185X.2011.00215.x.
- Le Luyer, J., Laporte, M., Beacham, T.D., Kaukinen, K.H., Withler, R.E., Leong, J.S., Rondeau, E.B., Koop, B.F., and Bernatchez, L. 2017. [Parallel epigenetic modifications induced by hatchery rearing in a Pacific salmon](#). *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **114**(49): 12964–12969.
- Manel, S., Perrier, C., Pralong, M., Abi-Rached, L., Paganini, J., Pontarotti, P., and Aurelle, D. 2016. Genomic resources and their influence on the detection of the signal of positive selection in genome scans. *Mol. Ecol.* **25**(1): 170–184. doi:10.1111/mec.13468.
- Mason, J.C., Beamish, R.J., and McFarlane, G.A. 1983. Sexual maturity, fecundity, spawning, and early life history of sablefish (*Anoplopoma fimbria*) off the Pacific Coast of Canada. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* **40**(12): 2126–2134. doi:10.1139/f83-247.
- McMillan, J.R., Morrison, B., Chambers, N., Ruggerone, G., Bernatchez, L., Stanford, J., and Neville, H. 2023. A global synthesis of peer-reviewed research on the effects of hatchery salmonids on wild salmonids. *Fish. Manag. Ecol.* **30**(5): 446–463. doi:10.1111/fme.12643.
- Milot, E., Perrier, C., Papillon, L., Dodson, J.J., and Bernatchez, L. 2013. Reduced fitness of atlantic salmon released in the wild after one generation of captive breeding. *Evol. Appl.* **6**(3): 472–485. doi:10.1111/eva.12028.
- Morita, S.H., Morita, K., and Nishimura, A. 2012. Sex-biased dispersal and growth in sablefish (*Anoplopoma fimbria*) in the northeastern Pacific Ocean. *Environ. Biol. Fishes.* **94**: 505–511. doi:10.1007/s10641-010-9613-1.
- Mousseau, T.A., Uller, T., Wapstra, E., and Badyaev, A. V. 2009. Evolution of maternal effects: Past and present. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* **364**(1520): 1035–1038. doi:10.1098/rstb.2008.0303.
- MPO. 2009. [Cadre décisionnel pour les pêches en conformité avec l'approche de précaution](#).
- MPO. 2010. [Avis scientifique sur les séquences d'effets liés à l'aquaculture des poissons, des mollusques et des crustacés](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Avis sci. 2009/071.

- MPO. 2013. [Examen de la structure de la population de morue charbonnière du Pacifique Nord-Est et de son incidence sur les pêches canadiennes sur les monts sous-marins](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Rép. des Sci. 2013/017.
- MPO. 2023. [Modèle opérationnel révisé pour la morue charbonnière en Colombie-Britannique en 2022](#). Secr. can. des avis. sci. du MPO. Avis sci. 2023/010.
- MPO. 2024a. [Groundfish Integrated Fisheries Management Plan 2024/25](#). 23-2374. 383 p.
- MPO. 2024b. [Évaluation du risque posé à l'abondance et au caractère génétique des populations sauvages de saumon atlantique par l'interaction génétique directe avec les saumons atlantiques s'échappant des fermes d'élevage de la côte est](#). Secr. can. des avis. sci. du MPO. Avis sci. 2023/045.
- Naish, K.A., Seamons, T.R., Dauer, M.B., Hauser, L., and Quinn, T.P. 2013. Relationship between effective population size, inbreeding and adult fitness-related traits in a steelhead (*Oncorhynchus mykiss*) population released in the wild. *Mol. Ecol.* **22**(5): 1295–1309. doi:10.1111/mec.12185.
- O'Sullivan, R.J., Aykanat, T., Johnston, S.E., Rogan, G., Poole, R., Prodöhl, P.A., De Eyto, E., Primmer, C.R., McGinnity, P., and Reed, T.E. 2020. Captive-bred Atlantic salmon released into the wild have fewer offspring than wild-bred fish and decrease population productivity: Relative fitness in Atlantic salmon. *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* **287**(1937). doi:10.1098/rspb.2020.1671.
- Orlova, S.Y., Schepetov, Di.M., Mogue, N.S., Smirnova, M.A., Senou, H., Baitaliuk, A.A., and Orlov, A.M. 2019. Evolutionary history told by mitochondrial markers of large teleost deep-sea predators of family Anoplopomatidae Jordan & Gilbert 1883, endemic to the North Pacific. *J. Mar. Biol. Assoc. United Kingdom* **99**(7): 1683–1691. doi:10.1017/S0025315419000572.
- Orozco-Ruiz, A.M., Galván-Tirado, C., Orlov, A.M., Orlova, S.Y., and García-De León, F.J. 2023. Genetic analyses reveal a non-panmictic genetic structure in the sablefish *Anoplopoma fimbria* in the northern Pacific. *ICES J. Mar. Sci.* **80**(5): 1319–1328. doi:10.1093/icesjms/fsad058.
- Palstra, F.P., and Fraser, D.J. 2012. Effective/census population size ratio estimation: A compendium and appraisal. *Ecol. Evol.* **2**(9): 2357–2365. doi:10.1002/ece3.329.
- Pekkala, N., Knott, K.E., Kotiaho, J.S., Nissinen, K., and Puurtinen, M. 2014. The effect of inbreeding rate on fitness, inbreeding depression and heterosis over a range of inbreeding coefficients. *Evol. Appl.* **7**(9): 1107–1119. doi:10.1111/eva.12145.
- Rodgveller, C.J., Stark, J.W., Echave, K.B., and Hulson, P.J.F. 2015. Age at maturity, skipped spawning, and fecundity of female sablefish (*Anoplopoma fimbria*) during the spawning season. *Fish. Bull.* **114**(1): 89–102. doi:10.7755/FB.114.1.8.
- Rubi, T.L., McPherson, A.G., Mokariasl, N., Koop, B.F., Campbell, B., and Taylor, J.S. 2022. Sablefish (*Anoplopoma fimbria*) parentage analyses in aquaculture. *Aquac. Res.* **53**(5): 1890–1895. doi:10.1111/are.15716.
- Ryman, N., and Laikre, L. 1991. Effects of Supportive Breeding on the Genetically Effective Population Size. *Conserv. Biol.* **5**(3): 325–329. doi:10.1111/j.1523-1739.1991.tb00144.x.
- Skaala, Ø., Høyheim, B., Glover, K., and Dahle, G. 2004. Microsatellite analysis in domesticated and wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): Allelic diversity and identification of individuals. *Aquaculture.* **240**(1–4): 131–143. doi:10.1016/j.aquaculture.2004.07.009.

- Skilbrei, O.T., Heino, M., and Svasand, T. 2015. Using simulated escape events to assess the annual numbers and destinies of escaped farmed Atlantic salmon of different life stages from farm sites in Norway. *ICES J. Mar. Sci.* **72**(2): 670–685. doi:10.1038/278097a0.
- Sogard, S.M., and Berkeley, S.A. 2017. Patterns of movement, growth, and survival of adult sablefish (*Anoplopoma fimbria*) at contrasting depths in slope waters off Oregon. *Fish. Bull.* **115**(2): 233–251. doi:10.7755/FB.115.2.10.
- Solberg, M.F., Robertsen, G., Sundt-Hansen, L.E., Hindar, K., and Glover, K.A. 2020. [Domestication leads to increased predation susceptibility](#). *Sci. Rep.* **10**(1929): 1–11.
- Stringwell, R., Lock, A., Stutchbury, C.J., Baggett, E., Taylor, J., Gough, P.J., and Garcia de Leaniz, C. 2014. Maladaptation and phenotypic mismatch in hatchery-reared Atlantic salmon *Salmo salar* released in the wild. *J. Fish Biol.* **85**(6): 1927–1945. doi:10.1111/jfb.12543.
- Sylvester, E.V.A., Wringe, B.F., Duffy, S.J., Hamilton, L.C., Fleming, I.A., and Bradbury, I.R. 2018. Migration effort and wild population size influence the prevalence of hybridization between escaped farmed and wild Atlantic salmon. *Aquac. Environ. Interact.* **10**: 401–411. doi:10.3354/AEI00277.
- Timm, L.E., Larson, W.A., Jasonowicz, A.J., and Nichols, K.M. 2024. Whole genome resequencing of sablefish at the northern end of their range reveals genetic panmixia and large putative inversions. *ICES J. Mar. Sci.* **81**(6): 1096–1110. doi:10.1093/icesjms/fsae070.
- Tokranov, A., Orlov, A., and Sheiko, B. 2005. Commercial Fishes of Kamchatka Continental Slope. *In* Commercial Fishes of Kamchatka Continental Slope. Kamchatpress.
- Tripp-Valdez, M.A., García-de-León, F.J., Espinosa-Pérez, H., and Ruiz-Campos, G. 2012. Population structure of sablefish *Anoplopoma fimbria* using genetic variability and geometric morphometric analysis. *J. Appl. Ichthyol.* **28**(4): 516–523. doi:10.1111/j.1439-0426.2012.01942.x.
- Varne, R., Kunz, K., Johansen, T., Westgaard, J., Uglem, I., and Mork, J. 2015. Farmed cod escapees and net-pen spawning left no clear genetic footprint in the local wild cod population. *Aquac. Environ. Interact.* **7**(3): 253–266. doi:10.3354/aei00153.
- Venney, C.J., Bouchard, R., April, J., Normandeau, E., Lecomte, L., Côté, G., and Bernatchez, L. 2023. [Captive rearing effects on the methylome of Atlantic salmon after oceanic migration: Sex-specificity and intergenerational stability](#). *Mol. Ecol. Resour.* 1–13.
- Venney, C.J., Johansson, M.L., and Heath, D.D. 2016. [Inbreeding effects on gene-specific DNA methylation among tissues of Chinook salmon](#). *Mol. Ecol.* **25**(18): 4521–4533.
- Waples, R.S., Hindar, K., Karlsson, S., and Hard, J.J. 2016. Evaluating the Ryman-Laikre effect for marine stock enhancement and aquaculture. *Curr. Zool.* **62**(6): 617–627. doi:10.1093/cz/zow060.
- Waples, R.S. 2024. The N_e/N ratio in applied conservation. *Evol. Appl.* **17**(5): 1–21. doi:10.1111/eva.13695.
- Wellband, K., Roth, D., Linnansaari, T., Allen Curry, R., and Bernatchez, L. 2021. Environment-driven reprogramming of gamete DNA methylation occurs during maturation and is transmitted intergenerationally in Atlantic Salmon. *G3 Genes, Genomes, Genet.* **11**(12). doi:10.1093/g3journal/jkab353.

-
- Wilkins, M.E., and Saunders, M.W. 1997. Biology and Management of Sablefish, *Anoplopoma fimbria*. NOAA Tech. Rep. NMFS 130 (June): 13–15.
- Wilson, A.D.M., Brownscombe, J.W., Sullivan, B., Jain-Schlaepfer, S., and Cooke, S.J. 2015. Does angling technique selectively target fishes based on their behavioural type? PLoS One. **10**(8): 1–14. doi:10.1371/journal.pone.0135848.
- Wright, S. 1990. Evolution in mendelian populations. Genetics. **52**(1–2): 241–295. doi:10.1007/BF02459575.
- Yang, L., Waples, R.S., and Baskett, M.L. 2019. Life history and temporal variability of escape events interactively determine the fitness consequences of aquaculture escapees on wild populations. Theor. Popul. Biol. **129**: 93–102. doi:10.1016/j.tpb.2018.12.006.

CE RAPPORT EST DISPONIBLE AUPRÈS DU :

Centre des avis scientifiques (CAS)
Région du Pacifique
Pêches et Océans Canada
3190, chemin Hammond Bay
Nanaimo (C.-B.) V9T 6N7

Courriel : DFO.PacificCSA-CASPacifique.MPO@dfo-mpo.gc.ca

Adresse Internet : www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/

ISSN 1919-3815

ISBN 978-0-660-76832-8 N° cat. Fs70-7/2025-014F-PDF

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

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



La présente publication doit être citée comme suit :

MPO. 2025. Risques génétiques associés à la pisciculture de la morue charbonnière en Colombie-Britannique, au Canada. Secr. can. des avis sci. du MPO. Rép. des Sci. 2025/014.

Also available in English:

DFO. 2025. Genetic Risks Associated with Sablefish Aquaculture in British Columbia, Canada. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Resp. 2025/014.