



Pêches et Océans
Canada

Sciences des écosystèmes
et des océans

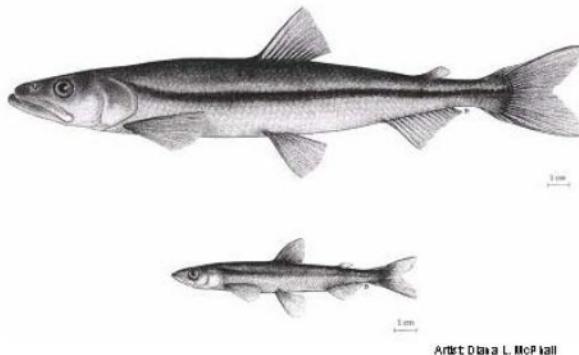
Fisheries and Oceans
Canada

Ecosystems and
Oceans Science

Région des Maritimes

Secrétariat canadien des avis scientifiques
Avis scientifique 2025/035

ESTIMATION DE L'ABONDANCE ET ANALYSE GÉNÉTIQUE DE L'ÉPERLAN ARC-EN-CIEL (*OSMERUS MORDAX*) DANS LA DÉCHARGE DU LAC MILL, POPULATION D'INDIVIDUS DE GRANDE TAILLE DU LACUTOPIA, 2023



L'éperlan arc-en-ciel (*Osmerus mordax*)

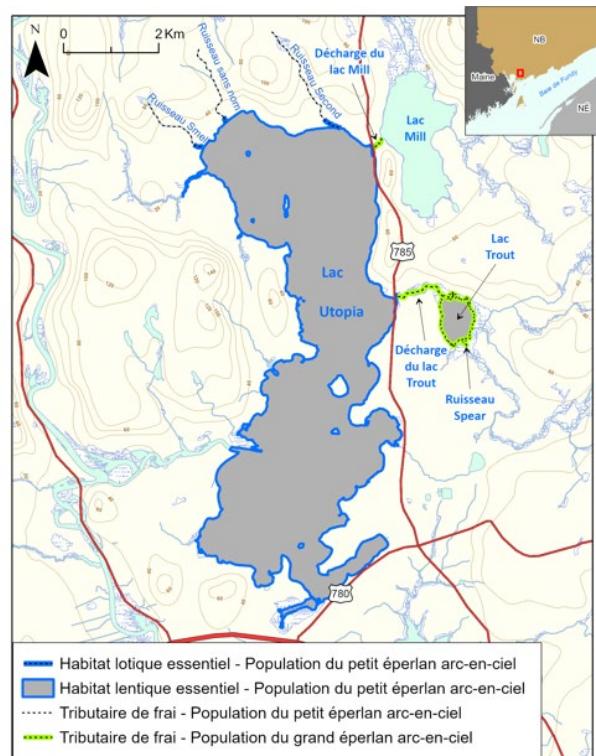


Figure 1. L'habitat essentiel de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus de petite taille du lac Utopia, est indiqué en bleu. On a observé l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus de grande taille du lac Utopia, frayer dans les parties d'affluents indiquées en vert (Curry et al. 2004, MPO 2011, Bradford et al. 2012).

CONTEXTE

Le lac Utopia fait partie du bassin hydrographique de la rivière Magaguadavic, dans le sud-ouest du Nouveau-Brunswick. L'éperlan arc-en-ciel indigène (*Osmerus mordax*) qui habite le lac Utopia se divise en deux populations sympatriques qui diffèrent sur les plans morphologique,

écologique et génétique : une population d'individus de petite taille et une population d'individus de grande taille. La population d'individus de petite taille est protégée par la *Loi sur les espèces en péril* (LEP) depuis 2003. Le Comité sur la situation des espèces en péril au Canada (COSEPAC) a désigné la population d'individus de grande taille comme étant menacée en novembre 2008; la population a ensuite été réévaluée comme étant en voie de disparition par le COSEPAC en 2018 et inscrite à la liste de la LEP en tant qu'espèce menacée en août 2019.

Des processus antérieurs du SCAS (MPO 2016b, 2018, 2024) ont permis l'examen et la mise à jour de la cible d'abondance de la population d'individus de grande taille, de la longueur minimale à la fourche distinguant les deux populations, du niveau maximal de dommages admissibles que la population d'individus de grande taille peut endurer sans mettre en péril sa survie ou son rétablissement, de l'atteinte de la cible d'abondance selon les estimations, et des indicateurs déterminant l'atteinte de l'objectif sur le plan génétique. On a recommandé une cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour de « 5 000 adultes dans la décharge du lac Mill observés au cours des nuits de fraie maximale », considérée comme réalisable pour cette population (MPO 2018). Pour atteindre cet objectif, il faudrait estimer une abondance de 5 000 poissons au cours d'au moins une nuit d'échantillonnage pendant la montaison hâtive dans la décharge du lac Mill. Selon une analyse génétique (MPO 2024), il a été recommandé de réduire à 130 mm le seuil de longueur minimale à la fourche utilisé pour distinguer la population d'individus de grande taille de celle d'individus de petite taille par rapport aux seuils précédents de 143 mm (MPO 2018) et de 170 mm (MPO 2011). La grande variabilité de l'estimation de l'abondance des géniteurs de la population d'individus de grande taille, la diminution du critère de longueur minimale à la fourche nécessaire pour distinguer les deux populations, le flux génétique plus important allant de la population d'individus de petite taille vers celle d'individus de grande taille et la présence d'hybrides justifient un échantillonnage, une analyse et un examen plus importants afin de suivre ces tendances et de déterminer si les objectifs en matière d'abondance et de génétique de la population d'individus de grande taille sont atteints.

Le présent avis scientifique découle de l'examen par les pairs régional du 6 au 7 novembre 2024 sur l'évaluation de l'estimation d'abondance d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia, population grande taille.

SOMMAIRE

- L'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia comprend deux populations sympatriques, appelées « population d'individus de grande taille » et « population d'individus de petite taille », qui se différencient par leur morphologie, le choix des frayères et la période des montaisons. Les deux populations sont également distinctes sur le plan génétique, bien qu'il existe des preuves d'un flux génétique entre elles.
- Au cours des deux nuits d'une activité d'échantillonnage par marquage-recapture en 2023, la cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour de la population d'individus de grande taille, correspondant à l'estimation de 5 000 poissons dans la décharge du lac Mill au cours d'au moins une nuit de fraie, a été atteinte. Les estimations nocturnes calculées à l'aide de la méthode de Petersen ajustée étaient de 25 014 et de 29 093 pour les 12 et 13 avril, respectivement.
- Les estimations nocturnes, qui ont été mises à l'échelle à l'aide des critères de longueur à la fourche de 170 mm, de 142 mm et de 130 mm pour tenir compte de la présence potentielle d'éperlans hybrides et d'individus de petite taille dans la décharge du lac Mill pendant les

nuits d'échantillonnage, variaient de 10 506 à 24 514 le 12 avril 2023, et de 12 219 à 28 511 le 13 avril 2023.

- Les éperlans de grande et de petite taille demeurent discernables sur les plans génétique et morphométrique. Les données génétiques disponibles ne favorisent pas l'utilisation d'un unique seuil en matière de longueur à la fourche en raison de la plage de tailles et de la variabilité génétique observées chez les poissons qui fraient dans la décharge du lac Mill.
- Bien que les éperlans arc-en-ciel de grande taille du lac Utopia aient atteint la cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour, le nombre total de géniteurs occupant la décharge du lac Mill pendant les montaisons annuelles ne peut être estimé étant donné que l'échantillonnage ne couvre qu'une petite partie de la montaison et que la proportion de la population entière qui fraie une nuit donnée est inconnue.
- Les estimations de l'abondance ne peuvent pas être comparées d'une année à l'autre en raison de la grande variabilité annuelle des estimations et de l'erreur connexe entre les nuits d'échantillonnage et la période d'échantillonnage limitée. De même, le degré d'hybridation changeant au fil du temps ne peut pas être évalué actuellement en raison de l'échantillonnage limité et des changements dans le groupe de marqueurs génétiques après 2016.
- Il est recommandé que la cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour de 5 000 géniteurs soit appliquée aux estimations nocturnes des poissons à montaison hâtive (de la fin mars à la mi-avril) dans la décharge du lac Mill jusqu'à ce qu'on établisse des mesures génétiques et morphologiques améliorées pour différencier les populations d'individus de grande et de petite taille. Le manque de certitude quant à la proportion d'éperlans de grande taille qui composent la montaison hâtive de la décharge du lac Mill peut entraîner une surestimation de l'abondance.

RENSEIGNEMENTS DE BASE

Les populations distinctes d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia, qui coexistent dans un réseau lacustre, représentent un phénomène rare au Canada. Il existe des différences morphologiques entre les deux écotypes d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia, ainsi que des différences dans le choix frayères et la période de montaison. Les données historiques indiquent que la population d'individus de grande taille fraye dans la décharge du lac Mill et le réseau de la décharge du lac Trout et du ruisseau Spear entre la fin mars et la mi-avril, tandis que la population d'individus de petite taille fraye de la mi-avril à la mi-mai dans le ruisseau Smelt, un ruisseau sans nom et le ruisseau Second (Scout; figure 1). Les formes corporelles des deux populations se distinguent par la taille des yeux et de la mâchoire par rapport à la taille corporelle, le nombre de branchicténies et la taille corporelle à la maturité (Bradbury *et al.* 2011). Bien que le COSEPAC (2018) ait déterminé que les reproducteurs de grande taille ont une longueur à la fourche de 136 à 227 mm et les reproducteurs de petite taille, de 73 à 136 mm, le MPO a établi un critère selon lequel la population d'individus de grande taille a une longueur à la fourche minimale de 170 mm en fonction d'un plus grand nombre d'échantillons et d'une évaluation de la diversité phénotypique et génotypique dans les deux populations (Bradbury *et al.* 2011, Bradford *et al.* 2012).

Les deux populations d'éperlans du lac Utopia sont largement isolées sur le plan reproductif et génétiquement distinctes. Toutefois, la présence d'hybrides indique qu'un flux génétique se produit entre les deux populations (Bradbury *et al.* 2011). Des analyses des migrations de fraie

dans la décharge du lac Mill en 2014 et dans le ruisseau Second (Scout), le ruisseau Smelt et un ruisseau sans nom en 2015 ont révélé qu'environ 25 % des individus échantillonnés pendant la montaison hâtive (fin mars à mi-avril) dans la décharge du lac Mill ($n = 6/25$) étaient des individus de petite taille ou hybrides (Themelis 2018). Les individus de grande taille présentaient une plus grande hybridation que ceux de petite taille, ce qui suggère un flux génétique plus important allant des individus de petite taille vers ceux de grande taille par rapport aux 603 échantillons prélevés en 1990, en 2002-2003 et en 2010 (MPO 2018). Une forte proportion (plus de 80 %) des éperlans échantillonnés dans la décharge du lac Mill au cours des évaluations de 2014 et de 2017 mesuraient moins de 170 mm à la fourche, ce qui a entraîné la réduction du critère de la longueur à la fourche minimale à 143 mm (MPO 2018), puis à 130 mm (MPO 2024). Ces résultats ont soulevé des préoccupations quant aux conséquences possibles de l'hybridation continue des populations d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia, qui pourrait entraîner un effondrement introgressif des deux écotypes en une seule population non différenciée (Themelis 2018).

La cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour pour la population d'individus de grande taille est de 5 000 géniteurs dans la décharge du lac Mill pendant les nuits de fraie maximale. Pour atteindre cet objectif, il faudrait estimer une abondance de 5 000 poissons au cours d'au moins une nuit d'échantillonnage pendant la montaison hâtive dans la décharge du lac Mill. La valeur de 5 000 géniteurs est fondée sur le concept selon lequel une taille effective de la population (Ne) de 1 000 est nécessaire au maintien de la diversité génétique (Frankham *et al.* 2014). Cette valeur a été mise à l'échelle à l'aide d'une fourchette de ratios (0,1-0,2) de la taille effective de la population par rapport à la taille minimale de la population recensée (Ne/Nc) pour des populations de salmonidés, à partir de laquelle une taille cible de 5 000 individus a été calculée par le MPO (2018) afin de mettre à jour la cible de rétablissement provisoire fixée à 2 000 individus pour l'éperlan de grande taille. L'abondance des géniteurs nocturnes de grande taille a fait l'objet d'une estimation quantitative au cours d'une nuit en avril 2009, de cinq nuits en avril 2014 et de deux nuits en avril 2017. On a procédé à la surveillance visuelle de la décharge du lac Mill au moins pendant la journée, chaque année entre 2009 et 2024, à l'exception de 2011.

Le présent document fournit des estimations de l'abondance de la population d'individus de grande taille dérivées d'activités de marquage-recapture effectuées pendant deux nuits au cours de la montaison dans la décharge du lac Mill en 2023. Il comprend également des données génétiques pour 83 des éperlans échantillonnés, qui ont été analysées et comparées aux échantillons précédemment recueillis en 2017-2018 afin de déduire la structure de la population et l'hybridation entre les formes de petite et de grande taille. En 2023, aucune frayère des individus de petite taille n'a été échantillonnée.

ÉVALUATION

Zone d'étude

La décharge du lac Mill se jette dans le lac Utopia en passant par deux ponceaux en béton situés sous la route 785 du Nouveau-Brunswick. Le ponceau principal mesure 30 m \times 4 m \times 3,7 m et constitue l'accès principal entre le lac Utopia et la décharge du lac Mill. Un ponceau de débordement secondaire mesurant 22,3 m \times 1,5 m de diamètre est généralement sec, sauf pendant les périodes de débit élevé. Les deux ponceaux, dont la structure originale était en métal ondulé et de plus petit diamètre, ont été modifiés en 2021. L'habitat de fraie accessible dans le cours d'eau est limité à une section de 30 m entre les ponceaux et à une petite chute

(45°12'21" N, 66°46'38" O) qui agit comme un obstacle naturel à la montaison des éperlans arc-en-ciel du lac Utopia la plupart des années (MPO 2011). La largeur moyenne du cours d'eau est de 4 m et sa profondeur, de moins de 1 m. La vitesse de l'eau atteint au moins 1 m par seconde (MacDonald et Burbidge 2017, Caissie et Savoie 2017). Un échantillonnage a été effectué dans la décharge du lac Mill, plutôt que dans la décharge du lac Trout ou dans le ruisseau Spear, car la décharge du lac Mill est considérée comme la principale frayère de la population d'individus de grande taille et est la source des estimations d'abondance antérieures, tandis qu'on a rarement observé une activité de fraie dans les autres cours d'eau (MPO 2018).

Méthodes d'échantillonnage et analyse des données

Des membres du groupe Passamaquoddy Recognition Group Inc. (PRGI) ont procédé à l'observation visuelle de la décharge du lac Mill selon la méthodologie décrite dans MacDonald et Burbidge (2017). En plus de la surveillance diurne, des vérifications nocturnes ont été effectuées du 28 mars au 10 avril 2023 pour orienter le calendrier des efforts de marquage-recapture. Le cours d'eau a été vérifié toutes les deux ou trois nuits du ponceau principal à la chute et dans le débit sortant sous le ponceau, à des intervalles de 30 minutes entre 23 h 30 et 2 h. On a procédé à un échantillonnage lorsque des éperlans arc-en-ciel du lac Utopia étaient observés en abondance dans le cours d'eau (c.-à-d. observation visuelle de centaines de poissons). La nuit du 10 avril a été la première pendant laquelle des éperlans ont été observés; l'échantillonnage a eu lieu les nuits du 11 au 13 avril 2023.

Au cours de la première nuit d'échantillonnage, le nombre d'éperlans présents dans le cours d'eau a été jugé trop faible pour qu'on puisse effectuer un marquage-recapture (plusieurs milliers d'éperlans sont nécessaires pour prélever des échantillons de 500 individus lors de chaque événement de marquage-recapture). On a plutôt capturé 60 éperlans à l'aide d'épuisettes le long des berges entre le ponceau et la chute, qu'on a ensuite échantillonnés en coupant la partie supérieure de leur nageoire caudale aux fins d'analyse génétique. Tous les individus ont été relâchés dans le cours d'eau. Bien qu'aucun effort de recapture n'ait été entrepris le 11 avril, ces poissons ont reçu des marques uniques afin de pouvoir être identifiés s'ils étaient capturés dans le cadre d'efforts d'échantillonnage ultérieurs.

Les activités de marquage-recapture ont eu lieu les 12 et 13 avril 2023. Chaque nuit, vers 23 h, de 500 à 600 éperlans ont été capturés à l'aide d'épuisettes le long des berges du cours d'eau entre le ponceau et la chute, marqués et conservés dans des récipients sur le rivage. Le marquage des éperlans ayant eu lieu le 12 avril consistait à couper leur nageoire adipeuse et celui du 13 avril, à couper la partie inférieure de leur nageoire caudale. Une fois que tous les éperlans étaient marqués, ils étaient relâchés et on attendait une heure pour qu'ils se mélangent aux autres éperlans présents dans le cours d'eau. On capturait ensuite un deuxième échantillon de 500 à 600 individus, on comptait le nombre d'éperlans marqués et non marqués, puis on relâchait finalement tous les éperlans. Les éperlans non marqués capturés lors du deuxième événement (recapture) du 12 avril ont été marqués avant leur remise à l'eau. Des échantillons de nageoires de 40 des éperlans marqués lors de la première capture du 12 avril ont été conservés aux fins d'analyse génétique. Les échantillons ont été conservés dans de l'éthanol à 95 %.

Dans le cadre d'un projet pilote visant à passer à l'utilisation d'étiquettes à transpondeur passif intégré (TPI) dans le cadre des prochaines évaluations des éperlans arc-en-ciel du lac Utopia, on a implanté une étiquette à TPI FDX (8,5 × 2,12 mm, Biomark, Boise, Idaho, États-Unis) dans 99 éperlans de la première capture du 12 avril, en plus de leur couper la nageoire. Les poissons

avec une étiquette étaient autrement traités de la même façon que les poissons marqués et ils ont été retenus et remis à l'eau avec le reste du groupe marqué. Les effets de la rétention d'étiquettes à TPI et les effets à long terme n'ont pas été évalués. Les 99 individus marqués à l'aide d'une étiquette à TPI (140-220 mm), les 100 éperlans échantillonnés aux fins d'analyse génétique (119-232 mm) et les deux très grands éperlans (299 et 300 mm) marqués le 12 avril ont été mesurés au millimètre près selon la longueur à la fourche et leur sexe a été déterminé afin d'établir une fréquence de longueur et un sexe-ratio pour la montaison.

Les estimations de l'abondance nocturne ont été calculées à l'aide du progiciel écrit en R « fishmethods » (Nelson 2023) au moyen de la méthode de Petersen ajustée (estimateur de Chapman), et l'abondance totale sur la période d'échantillonnage a été estimée au moyen de la méthode de Schnabel ajustée. On a chargé le Marine Gene Probe Laboratory de l'Université Dalhousie, à Halifax (Nouvelle-Écosse), d'effectuer les analyses génétiques. Le laboratoire a analysé les données génétiques échantillonnées en 2023 à l'aide d'un ensemble de 63 loci microsatellites et d'une approche fondée sur le séquençage de l'ADN, comme indiqué dans Bradbury *et al.* (2010). Pour une description détaillée des méthodes d'analyse génétique, voir l'annexe A.

Les résultats ont été comparés aux échantillons d'individus de petite et de grande taille recueillis en 2017 et en 2018 pour déduire la structure de la population et l'hybridation entre les deux formes. Les échantillons recueillis en 2017 et en 2018 ont été analysés en tant que groupe unique en raison du faible nombre d'échantillons génotypés en 2017 (8 par écotype). On a supposé provisoirement que neuf échantillons prélevés dans la décharge du lac Mill le 23 avril 2018 étaient des individus hybrides, car ils ont été recueillis après la fin du pic de la montaison des individus de grande taille. L'ensemble de données génétiques définitives comprenait 297 échantillons viables d'éperlans arc-en-ciel (tableau 5; n = 16 en 2017, n = 198 en 2018, n = 83 en 2023).

L'assignation génétique des individus en tant qu'individus de grande taille, de petite taille ou hybrides est fondée sur des valeurs Q proportionnelles. Lors des tests sur l'assignation proportionnelle à deux groupes, les individus ont deux valeurs Q : une correspondant à la population d'individus de petite taille et l'autre à celle d'individus de grande taille. Les poissons dont le génotype est principalement dérivé d'une seule population ont une valeur Q proche de 1 pour cette population et de 0 pour la population opposée, tandis que les poissons qui sont hybrides ont des valeurs Q moyennes. Les analyses génétiques historiques indiquent que les individus présumés de petite taille avaient des valeurs Q supérieures à 0,9 pour le génotype correspondant, comparativement à une valeur Q de 0,7 pour le génotype des individus de grande taille (Bradbury *et al.* 2011).

On a compilé les données sur la longueur disponibles issues de l'échantillonnage des saisons précédentes (2014, 2017 et 2018) effectué dans la décharge du lac Mill pendant la montaison présumée des individus de grande taille et on les a comparées aux données de 2023 pour évaluer si la taille des géniteurs dans la décharge du lac Mill avait changé de manière considérable au cours de cette période. On a tiré ces données d'évaluations publiées (MPO 2016, MPO 2018, MPO 2024). Au total, 378 longueurs ont été enregistrées du 2 au 10 avril 2014, 348 longueurs les 14 et 15 avril 2017, 95 longueurs le 15 avril 2018 et 201 longueurs les 11 et 12 avril 2023. On a évalué la normalité des distributions au moyen du test d'Anderson-Darling (A-D) mis en œuvre par le progiciel écrit en R « nortests » (Gross et Ligges 2015) et comparé les distributions entre elles à l'aide du test de Kolmogorov-Smirnov (K-S) mis en œuvre par le progiciel écrit en R « dgof » (Arnold et Emerson 2011).

Distribution de la fréquence des longueurs

On a comparé les distributions des longueurs à la fourche pour les éperlans échantillonnés dans la décharge du lac Mill pendant la montaison hâtive (on présume qu'il s'agit d'individus de grande taille) en 2014, en 2017, en 2018 et en 2023 (tableau 1). En 2014, les longueurs échantillonnées ont suivi une distribution normale (figure 2; paramètres du test A-D : A = 0,73, p = 0,06) et la longueur à la fourche moyenne était de 155 mm (125-190 mm). Les échantillons de 2017, de 2018 et de 2023 n'étaient pas normalement distribués (valeurs p du test A-D < 0,05) et différaient considérablement des données de 2014 (valeurs p du test K-S < 0,00), mais pas entre eux (plage de valeurs p du test K-S entre 0,06 et 0,49). La longueur à la fourche moyenne en 2017 et en 2018 était de 170 mm (103-277 mm et 124-262 mm, respectivement); la longueur à la fourche moyenne en 2023 était de 168 mm (119-300 mm).

Tableau 1. Fréquence des longueurs (longueur à la fourche, mm) des éperlans échantillonnés dans la décharge du lac Mill pendant la montaison hâtive (vraisemblablement des individus de grande taille) en 2014, en 2017, en 2018 et en 2023.

Année	Nombre	Minimum	Maximum	Moyenne	Écart-type	Médiane	Mode
2014	378	125	190	155	11,1	155	145
2017	348	103	277	170	25,9	170	204
2018	95	124	262	170	29,5	166	173
2023	201	119	300	168	24,4	165	160

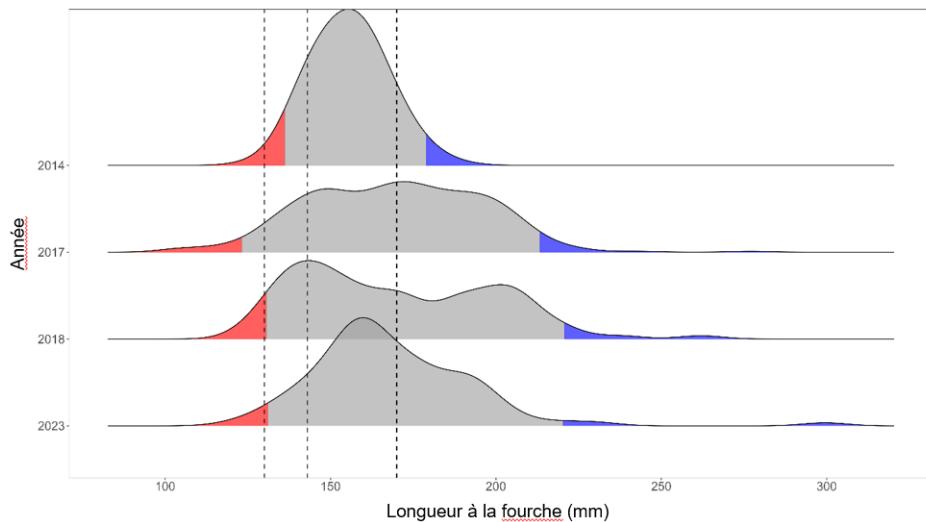


Figure 2. Distributions des mesures de la longueur à la fourche (mm) de l'éperlan échantillonné dans la décharge du lac Mill au cours de la montaison hâtive (vraisemblablement des individus de grande taille) en 2014 (n = 378), en 2017 (n = 348), en 2018 (n = 95) et en 2023 (n = 201). Les remplissages rouge et bleu indiquent les extrémités de 2,5 % et de 97,5 %, respectivement. Les lignes tiretées noires indiquent les critères de longueur à la fourche de 170 mm, de 143 mm et de 130 mm.

Estimation de l'abondance et analyse génétique de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus de grande taille du lac Utopia

Région des Maritimes

Estimation de la population

Au total, 2 134 éperlans ont été échantillonnés dans la décharge du lac Mill pendant trois nuits entre le 11 et le 13 avril 2023. Le 11 avril 2023, on a jugé qu'il n'y avait pas suffisamment de poissons pour effectuer une activité de capture-marquage-recapture fiable au cours de la nuit. Cependant, on a capturé et mesuré 60 poissons, on a déterminé leur sexe et on a procédé à l'ablation de leur nageoire; ces échantillons ont été recueillis aux fins d'analyse génétique.

Les renseignements sur les efforts et les données liés au marquage et à la recapture nocturnes des 12 et 13 avril 2023 sont résumés dans le tableau 2 et le tableau 3. Le taux d'augmentation relativement constant des recaptures avec de plus en plus de marques (environ 10 recaptures supplémentaires observées chaque fois qu'environ 500 marques sont ajoutées) suggère qu'il n'est pas possible de contrevenir de manière problématique à l'hypothèse de fermeture du modèle de marquage-recapture. Des 99 poissons portant une étiquette à TPI implantée le 12 avril, trois ont été recapturés la même nuit, et aucun n'a été recapturé le 13 avril. Étant donné que les poissons munis d'une telle étiquette ont également subi une ablation de la nageoire, ils sont pris en considération dans l'événement de recapture présenté dans le tableau 3.

En utilisant la méthode de Schnabel (données d'entrée dans le tableau 3), on a estimé l'abondance totale au cours de la période d'échantillonnage à 27 592 individus (intervalles de confiance à 95 % de 20 564 à 41 918). Les estimations nocturnes calculées à l'aide de la méthode de Petersen ajustée (données d'entrée dans le tableau 3), pour lesquelles chaque nuit était traitée comme un événement de marquage-recapture distinct et seuls les poissons marqués cette nuit-là étaient comptés dans l'estimation nocturne, étaient de 25 014 et de 29 093 pour les 12 et 13 avril, respectivement (tableau 4). Par rapport à l'évaluation précédente des individus de grande taille (MPO 2018), le nombre total de poissons échantillonnés en 2023 était légèrement inférieur à celui de 2017. Cependant, les deux estimations des populations de Schnabel et de Petersen étaient considérablement plus élevées en 2023 (tableau 4).

En 2023, 98 % (n = 197/201) des éperlans arc-en-ciel échantillonnés avaient une longueur à la fourche d'au moins 130 mm, 89 % (n = 179/201) avaient une longueur à la fourche d'au moins 143 mm et 42 % (n = 85/201) avaient une longueur à la fourche d'au moins 170 mm.

L'ajustement des estimations nocturnes de l'abondance de Petersen en fonction de ces trois critères de longueur produit des estimations allant de 10 506 à 24 514 éperlans le 12 avril et de 12 219 à 28 511 éperlans le 13 avril.

Tableau 2. Résumé des efforts nocturnes de marquage de la population d'éperlans arc-en-ciel de grande taille du lac Utopia dans la décharge du lac Mill. Le marquage des éperlans consistait à couper leur nageoire caudale supérieure (NCS) le 11 avril, à couper la nageoire adipeuse (NA) le 12 avril et à couper leur nageoire caudale inférieure (NCI) le 13 avril. L'événement de recapture a commencé une heure après l'événement de marquage.

Nuit de travail	Date	Événement	Nombre de poissons marqués	Type de marque	Nombre d'étiquettes à TPI
1	11 avril 2023*	Marquage	60	NCS	—
2	12 avril 2023	Marquage	536	ADF	99
2	12 avril 2023	Recapture	547	NA	—
3	13 avril 2023	Marquage	483	NCI	—

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

Nuit de travail	Date	Événement	Nombre de poissons marqués	Type de marque	Nombre d'étiquettes à TPI
3	13 avril 2023	Recapture	508	NCI	–

* Aucun effort de recapture n'a été entrepris le 11 avril 2023, mais un poisson a été recapturé le 14 avril.

Tableau 3. Résumé des données de marquage-recapture pour la population d'éperlans arc-en-ciel de grande taille du lac Utopia dans la décharge du lac Mill au cours de chaque nuit de travail, y compris le nombre total de poissons capturés lors de chaque événement, le nombre de recaptures, le nombre de poissons nouvellement marqués et le nombre total de poissons marqués disponibles pour la recapture de toutes les périodes précédentes (« s.o. » : sans objet; « NCS » : nageoire caudale supérieure; « NA » : nageoire adipeuse; « NCI » : nageoire caudale inférieure).

Nuit de travail	Date	Événement	Prises totales	Recaptures (NCS, NA, NCI)	Nouvellement marqué	Poissons marqués totaux
1	11 avril 2023	Échantillonnage génétique	60	s.o.	60	60
2	12 avril 2023	Marquage	536	0	536	596
2	12 avril 2023	Recapture	558	11 (0, 11, s.o.)	547	1 143
3	13 avril 2023	Marquage	506	23 (0, 23, 0)	483	1 626
3	13 avril 2023	Recapture	540	32 (1, 23, 8)	s.o.	1 626

Tableau 4. Comparaison de l'effort d'échantillonnage et des estimations de l'abondance entre les évaluations de 2017 et de 2023 de la population d'éperlans arc-en-ciel de grande taille du lac Utopia dans la décharge du lac Mill. Les valeurs ne sont pas ajustées pour le critère de longueur minimale. (« IC » = intervalle de confiance)

Date	13 et 14 avril 2017 (MPO 2018)	12 et 13 avril 2023
Nuits d'échantillonnage	2	2
Nombre total de poissons échantillonnés	2 276	2 074
Estimation de Schnabel (IC à 95 %)	13 952 (11 111-18 743)	27 592 (20 565-41 918)
1 ^{ère} nuit estimation de Petersen (IC à 95 %)	6 652 (5 200-9 200)	25 014 (15 741-49 848)
2 ^e nuit estimation de Petersen (IC à 95 %)	12 843 (9 600-19 200)	29 093 (17 388-65 205)

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

Tableau 5. Estimations de l'abondance nocturne des géniteurs de l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia dans la décharge du lac Mill les 12 et 13 avril 2023, d'après la méthode de Petersen ajustée selon les critères de longueur à la fourche de 130, de 143 et de 170 mm.

Date	12 avril 2023	13 avril 2023
Estimation non ajustée	25 014	29 093
Ajustée pour le critère de 130 mm	24 514	28 511
Ajustée pour le critère de 143 mm	22 262	25 893
Ajustée pour le critère de 170 mm	10 506	12 219

Analyse génétique

Une analyse en composantes principales (ACP) de la variation des fréquences alléliques a montré deux groupes distincts séparés sur le premier axe de variance (CP1). Les échantillons sont colorés en fonction de l'association phénotypique aux populations d'individus de petite taille et d'individus de grande taille selon le cours d'eau et le moment où chaque échantillon a été prélevé (figure 5). Les individus échantillonnés lors de la montaison à la fin du mois d'avril 2018 dans la décharge du lac Mill ($n = 9$), qui sont vraisemblablement des hybrides, présentaient un centroïde intermédiaire; cependant, plusieurs semblaient se regrouper avec les populations d'individus de grande taille ou d'individus de petite taille. Il en va de même pour plusieurs individus échantillonnés en 2017-2018 et en 2023, qui se regroupaient avec la population d'individus de petite taille mais dont le phénotype était associé aux individus de grande taille, ou vice versa. Un certain nombre d'individus présentaient des valeurs CP1 intermédiaires compatibles avec leur état hybride.

La figure 4 montre les éperlans échantillonnés en 2017, en 2018 et en 2023 classés le long de l'axe horizontal d'abord selon leur frayère et leur moment de fraie (forme présumée), puis selon leur longueur corporelle, tandis que l'axe vertical indique la proportion du génome attribuable à la petite taille et à la grande taille selon les valeurs Q pour chaque population (valeur Q de petite taille et valeur Q de grande taille). Une valeur Q de grande taille plus grande ou égale à 0,53 était nécessaire pour capturer 80 % ($n = 83$) des individus présumés de grande taille (définis comme présents dans la décharge du lac Mill pendant la montaison des individus de grande taille au début d'avril) en 2017-2018 et à 0,58 ($n = 67$) en 2023. Une valeur Q de petite taille plus grande ou égale à 0,72 était nécessaire pour capturer 80 % ($n = 82$) des individus présumés de petite taille en 2017-2018.

D'après ces valeurs Q seuils, l'identité de la population échantillonnée en 2017-2018 dans la décharge du lac Mill ($n = 103$) peut être définie comme suit : 81 % des individus sont de grande taille ($n = 83$), 6 % sont de petite taille ($n = 6$) et 14 % sont hybrides ($n = 14$; tableau 6).

L'identité de la population échantillonnée en 2023 peut être définie comme suit : 80 % des individus sont de grande taille ($n = 66$), 2 % sont de petite taille ($n = 2$) et 18 % sont hybrides ($n = 15$; tableau 6).

La plage des valeurs Q variait considérablement par rapport à la longueur à la fourche (figure 5). Lorsque la taille corporelle était plus petite (< 143 mm), la valeur Q de grande taille variait de 0,264 à 0,884 (moyenne = 0,616) en 2017-2018 et de 0,168 à 0,849 (moyenne = 0,628) en 2023. Cinq individus de grande taille en 2017-2018 (environ 5 %) avaient une valeur

Q de grande taille supérieure à 0,9 et une longueur à la fourche moyenne de 195 mm (plage : 160 à 238 mm). Cinq individus de grande taille en 2023 (environ 6 %) avaient une valeur Q de grande taille supérieure à 0,9 avec une longueur à la fourche moyenne de 176 mm (plage : 160-230 mm). Aucune recapture génétique n'a été détectée entre les échantillonnages de 2017, de 2018 et de 2023.

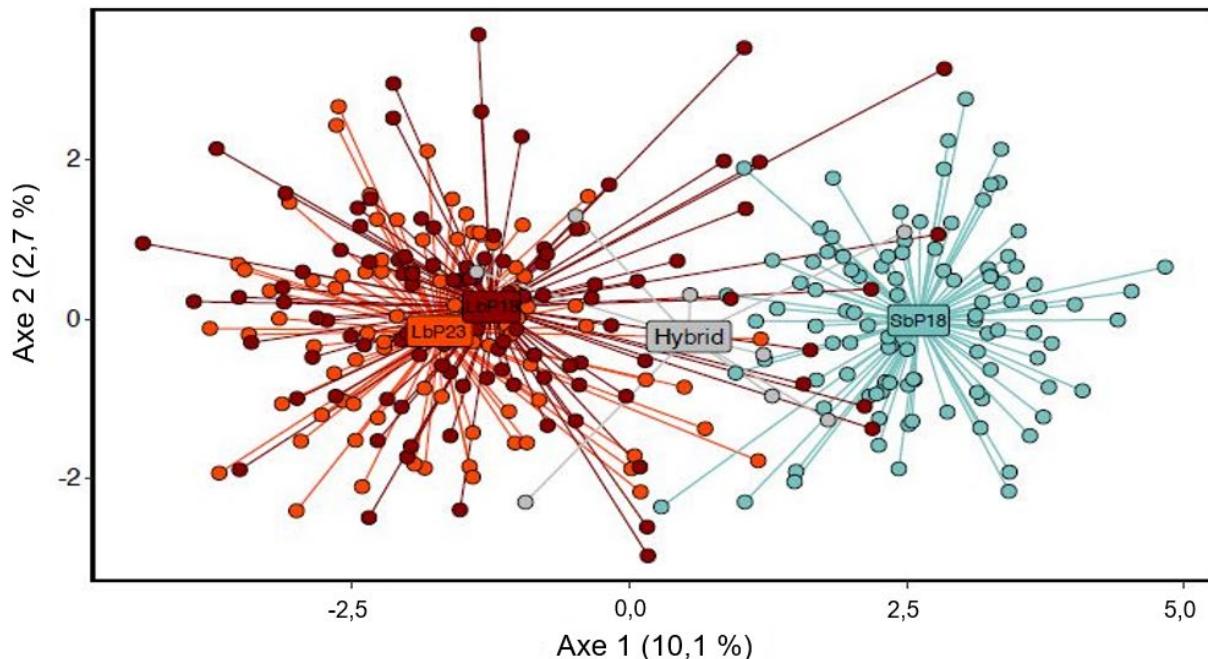


Figure 3. Analyse en composantes principales de l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia échantillonné pendant la montaison de la population d'individus de petite taille en 2017-2018 (« SbP18 », $n = 102$) et la montaison de la population d'individus de grande taille en 2018 (« LbP18 », $n = 103$) et en 2023 (« LbP23 », $n = 83$), et des hybrides présumés échantillonnés après la montaison des individus de grande taille en 2018 (« Hybrid18 », $n = 9$). Les individus de grande taille sont en rouge (2017-2018) et en orange (2023; à gauche), les individus de petite taille sont en bleu (à droite) et les hybrides présumés sont en gris (au milieu). Figure fournie par le Marine Gene Probe Laboratory, Université Dalhousie¹ (rapport inédit 2023).

¹ Dalhousie University. 2023. Lake Utopia Rainbow Smelt Genetic Analysis Report 2023. Unpublished Report.

Estimation de l'abondance et analyse génétique de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus de grande taille du lac Utopia

Région des Maritimes

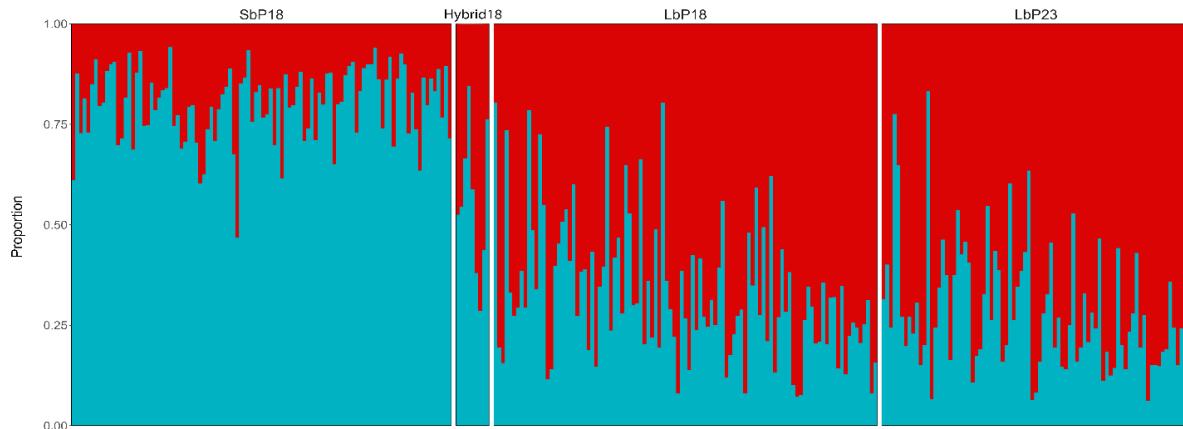


Figure 4. Proportion de la caractéristique génotypique de la population d'individus de grande taille (valeur Q de grande taille; en rouge) et de la population d'individus de petite taille (valeur Q de petite taille; en bleu) de l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia échantillonné pendant la montaison présumée de la population d'individus de petite taille en 2017 et en 2018 (« SbP18 », n = 102), la montaison présumée de la population d'individus de grande taille en 2018 (« LbP18 », n = 103) et en 2023 (« LbP23 », n = 83), et la montaison suivant celle des individus de grande taille en 2018 (« Hybrid18 », n = 9). À l'intérieur de chaque panneau, les éperlans sont classés le long de l'axe horizontal selon la longueur à la fourche (plage « SbP18 » : 93–150 mm, plage « Hybrid18 » : 122–144 mm, plage « LbP18 » : 103–262 mm, plage « LbP23 » : 119–232 mm).

Tableau 6. Assignation génétique des éperlans arc-en-ciel du lac Utopia échantillonnés en 2017, en 2018 et en 2023 dans les frayères (« N » = nombre, « PGT » = population d'individus de grande taille; « PPT » = population d'individus de petite taille).

Site d'échantillonnage	N échantillonné	Forme présumée	Assignation génétique (N)		
			PGT	PPT	Hybride
Décharge du lac Mill 2017	8	PGT	3	2	3
Décharge du lac Mill 2018	95	PGT	80	4	11
Décharge du lac Mill 2018 (montaison tardive)	9	Hybride	3	2	4
Décharge du lac Mill 2023	83	PGT	66	2	15
Ruisseau Second 2017	8	PPT	0	7	1
Ruisseau Second 2018	90	PPT	1	72	17
Ruisseau Smelt 2018	4	PPT	0	3	1

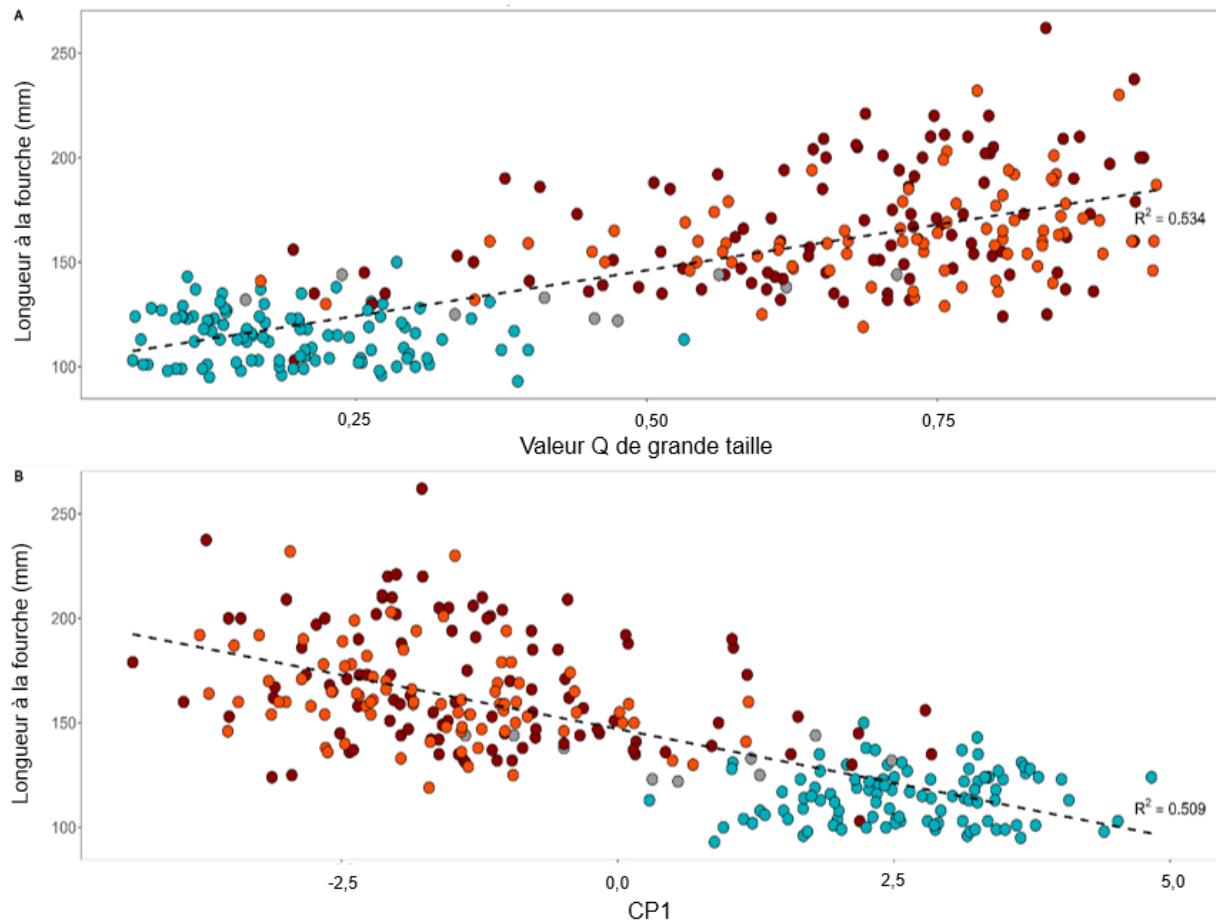


Figure 5. Relation entre la longueur à la fourche et la valeur Q de grande taille (panneau A), ainsi que la longueur à la fourche et la CP1 (panneau B) pour l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia échantillonné pendant la montaison présumée de la population d'individus de petite taille en 2017-2018 (« SbP18 », $n = 102$; en bleu), la montaison présumée de la population d'individus de grande taille en 2017-2018 (« LbP18 », $n = 103$; en rouge) et en 2023 (« LbP23 », $n = 83$; en orange), et la montaison suivant celle des individus de grande taille en 2018 (« Hybrid18 », $n = 9$; en gris).

Sources d'incertitude

Bien que la population d'éperlans arc-en-ciel de grande taille du lac Utopia ait atteint la cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour en 2023, il n'est pas possible d'estimer le nombre total d'adultes qui occupent la décharge du lac Mill pendant les montaisons annuelles étant donné que l'échantillonnage ne couvre qu'une petite partie de la montaison. Par conséquent, la proportion de la population totale qui fraie une nuit donnée est inconnue. Le taux d'augmentation relativement constant des recaptures avec de plus en plus de marques (environ 10 recaptures supplémentaires observées chaque fois qu'environ 500 marques sont ajoutées) suggère qu'on ne contrevient pas de manière problématique à l'hypothèse de fermeture des méthodes de capture-marquage-recapture de Schnabel et de Petersen, mais le taux de recapture global est trop faible pour que cette conclusion soit fiable. Les estimations de

l'abondance ne peuvent pas être comparées d'une année à l'autre en raison de la grande variabilité annuelle des estimations et de l'erreur connexe entre les nuits d'échantillonnage et les différents efforts d'échantillonnage. Le moment choisi pour l'activité de marquage-recapture est fondé sur l'observation visuelle, et il n'y a donc pas de méthode quantitative permettant de savoir si l'échantillonnage a lieu lors du pic de la montaison d'une année donnée.

Il existe une corrélation entre la constitution génétique des poissons frayant dans la décharge du lac Mill et le moment de l'échantillonnage. Jusqu'à présent, la plupart des évaluations de la population d'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia se sont déroulées sur une courte période d'échantillonnage (2-3 nuits). D'après les observations visuelles, la première montaison dans le lac Utopia semble avoir lieu dans la décharge du lac Mill (Curry *et al.* 2004). Les distributions des tailles et des valeurs Q des éperlans composant cette montaison sont larges, mais semblent distinctes des distributions observées chez la population d'individus de petite taille, dont la montaison a tendance à se produire plus tard dans les ruisseaux Second et Smelt, et dans un ruisseau sans nom. Dans la décharge du lac Mill, on a observé que la taille corporelle moyenne diminue au cours de la période de fraie (Curry *et al.* 2004). Pendant les années où l'échantillonnage dans la décharge du lac Mill a été prolongé jusqu'à la fin du mois d'avril et en mai, on a observé une deuxième montaison d'éperlans plus petits dont le génome se rapprochait davantage de la population d'individus de petite taille (c.-à-d. la montaison de 2014) ou des hybrides (c.-à-d. la montaison de 2018; MPO 2018). Il est donc difficile d'évaluer les changements dans l'hybridation entre les deux populations, car la détection de l'éperlan hybride dans la décharge du lac Mill peut dépendre du moment de l'échantillonnage par rapport aux montaisons hâtives et tardives.

Compte tenu du chevauchement des fréquences de longueur entre les populations d'individus de petite taille et de grande taille ainsi que des données génétiques disponibles, la longueur à la fourche minimale n'est pas utile pour indiquer la population à laquelle un individu appartient. D'après les données disponibles sur la longueur, rien n'indique que la taille des géniteurs de grande taille a diminué au cours des dernières années. La longueur moyenne et la plage de longueurs des géniteurs de grande taille sont semblables entre les années 2017, 2018 et 2023, et sont généralement comparables à la plage de tailles rapportées dans Curry *et al.* (2004) pour les montaisons de 1999 et de 2000. Les relations entre la taille corporelle et les valeurs Q de grande taille des géniteurs de petite taille et de grande taille se chevauchent à des longueurs entre 120 et 150 mm, et la longueur d'individus hybrides des deux formes est susceptible de se situer dans cette plage. Les deux populations ne peuvent pas être distinguées clairement selon une longueur donnée au moyen de la relation entre la taille corporelle et la CP1. Par conséquent, il n'y a pas de fondement biologique permettant de déterminer lequel des critères de longueur à la fourche appliqués précédemment peut être utilisé pour corriger les estimations des géniteurs de grande taille sans surestimer ou sous-estimer l'abondance. Les nouvelles données morphométriques utilisées avec l'analyse génétique devraient servir à confirmer le caractère distinct des deux populations. Il faudrait examiner la possibilité d'élaborer un nouveau critère pour les évaluations futures, fondé sur une combinaison de mesures morphométriques et génétiques.

Les individus de petite taille présentent moins de variabilité dans les valeurs Q, et on estime qu'environ 80 % de leur génome (plage des valeurs Q de petite taille entre 0,7 et 0,9) découle de la forme de petite taille. En revanche, les valeurs Q des éperlans de grande taille ont une plus grande variabilité (plage des valeurs Q de grande taille entre 0,5 et 0,9). La proportion généralement plus grande et plus variable du génotype de petite taille présent chez les éperlans dont le phénotype est de grande taille démontre le flux génétique allant des individus de petite

taille vers les individus de grande taille. Toutefois, il faut faire preuve de prudence dans l'interprétation des résultats de l'évaluation génétique par rapport au niveau d'hybridation entre les deux populations. Le nombre d'échantillons génétiques traités à ce jour a été limité par le coût associé et la qualité de l'échantillon. Les changements dans l'ensemble de marqueurs génétiques après 2016 entraînent une incertitude supplémentaire, ce qui limite la comparaison entre les données actuelles et les échantillons passés. Sans fondement historique permettant une comparaison et compte tenu de la proportion limitée des géniteurs de grande taille en montaison échantillonnée au cours d'une année donnée, il n'est pas possible à l'heure actuelle d'évaluer si l'hybridation a augmenté au cours des dernières années. La valeur FST moyenne était de 0,045, mais les valeurs par locus étaient très variables (plage : 0 à 0,30), ce qui indique que la différenciation génétique observée entre les individus de grande taille et ceux de petite taille est principalement attribuable à un sous-ensemble des loci microsatellites examinés (figure A1; les valeurs Fst par locus sont indiquées dans le tableau A1 de l'annexe A). Bien que ces marqueurs soient des microsatellites et qu'on s'attende à ce qu'ils soient sélectivement neutres, ils peuvent être influencés par la sélection agissant sur les régions génomiques adjacentes. Les prochaines comparaisons des deux populations devraient être effectuées à l'aide d'un ensemble de microsatellites plus large ou du séquençage du génome entier, parallèlement à un échantillonnage biologique contemporain (ablation de la nageoire non létale) réalisé lors des périodes de fraie des deux populations. Les données génétiques pourraient ensuite être utilisées efficacement pour déterminer la taille de la population d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia et les facteurs susceptibles de favoriser l'hybridation entre les deux formes. L'échantillonnage devrait être stratifié selon la longueur et le temps pour permettre la détection de changements dans le caractère de la montaison. Les données actuelles sur la longueur selon l'âge sont nécessaires pour évaluer les changements possibles dans le cycle biologique qui peuvent influencer la présence d'éperlans de petite taille dans la décharge du lac Mill. L'échantillonnage génétique peut être étayé davantage par la surveillance dans la décharge du lac Mill afin de mieux déterminer le début et la durée des montaisons et de recueillir des données environnementales (p. ex. température de l'eau, conditions de glace printanière).

Les estimations de l'abondance des individus de grande taille sont actuellement évaluées par rapport à une cible provisoire, car on manque d'information sur l'abondance totale de la population. Bien qu'une cible d'abondance mise à jour de 5 000 géniteurs ait été proposé à la suite du nouvel examen scientifique d'une méta-analyse des rapports Ne/Nc et de la moyenne qui en découle (MPO 2018), ces deux cibles ont été fixées en fonction de la taille effective d'une population chez des populations de salmonidés (Frankham *et al.* 2014). L'amélioration de l'échantillonnage génétique pourrait permettre de calculer les estimations de la taille effective des populations (Ne) d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia dans le cadre de futures évaluations, et ces estimations être utilisées pour établir une cible de rétablissement propre à l'espèce. Les recaptures génétiques devraient être étudiées et intégrées aux prochaines évaluations lorsque des données génétiques sont disponibles. Les futures cibles de rétablissement pour l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia devraient tenir compte des modèles de population de l'ensemble du lac afin de mieux tenir compte de la relation étroitement liée entre les deux populations.

La méthode de marquage-recapture comprenant l'ablation de la nageoire comprend des limites parce que l'ablation n'est pas permanente, peut être manquée pendant l'échantillonnage et ne peut pas être attachée à des individus. Les différentes marques uniques sont limitées par le nombre de nageoires disponibles pour l'ablation, ce qui signifie qu'on ne peut pas procéder au marquage-recapture durant de nombreuses nuits consécutives dans un seul cours d'eau. Lorsque des échantillons sont prélevés aux fins d'analyse génétique, le type de nageoire

coupée peut avoir une incidence sur la qualité de l'échantillon. Le raffinement des méthodes de marquage aiderait à calculer des estimations plus précises de l'abondance, en particulier aux endroits où la période de marquage-recapture restera probablement limitée à deux ou trois nuits par année dans le cadre d'évaluations futures. Les éperlans arc-en-ciel du lac Utopia ont bien réagi aux essais préliminaires de marquage à l'aide d'une étiquette à TPI; aucun changement comportemental à court terme n'a été observé et il n'y a aucune preuve directe de mortalité par marquage chez les 99 individus marqués dans le cadre de cette étude. Le marquage par étiquette à TPI est une méthode bien établie pour suivre la survie et les déplacements des poissons, et de nombreuses études sur l'éperlan arc-en-ciel ont utilisé avec succès cette technologie (p. ex., Landsman et Van den Heuvel 2017, Enterline *et al.* 2020). Les étiquettes à TPI réduisent les risques associés aux marques, c'est-à-dire que des marques ne soient pas détectées lors de la recapture ou que des marqueurs confondent l'emplacement du marquage entre les événements de marquage. Les étiquettes à TPI peuvent être conservées à long terme (souvent pendant toute la vie de l'animal) et ont un code unique, ce qui permet d'associer chaque étiquette aux métadonnées individuelles. Cette méthode permet d'étudier des questions plus complexes, comme la recapture d'une année à l'autre, la périodicité de la fraie, la fraie répétée pendant une même saison et les déplacements entre les frayères. Combinée aux données génétiques et à la longueur selon l'âge, cette pratique peut aider à étayer les estimations futures de l'abondance de la population. On devrait effectuer une évaluation plus complète de l'effet du marquage et du taux de perte d'étiquettes chez l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia afin que ces facteurs puissent être inclus dans les calculs de marquage-recapture.

CONCLUSIONS ET AVIS

Les estimations de l'abondance de l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia demeurent variables entre les nuits d'échantillonnage et entre les années d'étude; toutefois, l'estimation de l'abondance de Peterson, qui était de 25 014 individus le 12 avril 2023 et de 29 093 le 13 avril 2023, démontre que la population a atteint la cible d'abondance pour le rétablissement proposée par le MPO (2018) qui correspondait à 5 000 adultes observés dans la décharge du lac Mill les nuits de fraie maximale. Concrètement, l'estimation quantitative de 5 000 poissons pendant au moins une nuit d'échantillonnage au cours de la montaison hâtive dans la décharge du lac Mill permet d'atteindre cette cible, car on ne connaît pas le moment exact du pic de fraie. Les prochaines mises à jour du programme de rétablissement de l'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia devraient tenir compte de cette incohérence dans le libellé.

Les populations d'individus de grande taille et d'individus de petite taille demeurent génétiquement distinctes. Les résultats appuient les conclusions fondées sur des échantillons historiques selon lesquelles il y a hybridation et introgression entre la paire d'espèces sympatriques. L'introgression est bidirectionnelle; cependant, le flux génétique va principalement des individus de petite taille à ceux de grande taille, comme en témoigne la présence d'individus de grande taille sur le plan écologique qui sont intermédiaires sur le plan génétique. Les données actuelles sont insuffisantes pour évaluer le taux de changement et le degré d'hybridation introgressive entre les deux éperlans arc-en-ciel sympatriques du lac Utopia. L'échantillonnage limité et les changements apportés à l'ensemble de marqueurs génétiques font en sorte qu'il est difficile de distinguer avec certitude les biais d'échantillonnage des changements génétiques observés. De même, les données génétiques ne fournissent pas un seuil de longueur clair permettant de distinguer les populations d'individus de grande et de petite taille, et ne favorisent donc pas un critère de longueur à la fourche par rapport à un autre. Par conséquent, il est recommandé d'utiliser le moment et l'emplacement de la montaison

comme premiers indicateurs de l'identité de la population, et d'appliquer la cible d'abondance pour le rétablissement mise à jour, équivalant à 5 000 géniteurs, à l'estimation nocturne de tous les poissons frayant en début de saison dans la décharge du lac Mill jusqu'à ce que des mesures génétiques et morphologiques améliorées soient élaborées et permettent de différencier les deux populations. Comme l'incertitude associée à la proportion d'éperlans de grande taille qui composent la montaison hâtive (mars à mi-avril) dans la décharge du lac Mill peut entraîner une surestimation de l'abondance, les trois critères de longueur à la fourche actuels peuvent être utilisés pour obtenir une fourchette d'estimations nocturnes plus ou moins prudentes. Bien qu'aucune estimation à l'échelle ne puisse être considérée comme étant la plus exacte, les estimations peuvent être interprétées ensemble pour évaluer si la cible d'abondance est atteinte.

LISTE DES PARTICIPANTS DE LA RÉUNION

Nom	Organisme d'appartenance
Liza Tsitrin	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Jeremy Broome	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Lei Harris	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Ree Brennin Houston	Secteur de la gestion des écosystèmes du MPO, Programme sur les espèces en péril, région des Maritimes
Kim Robuchaud- Leblanc	Secteur de la gestion des écosystèmes du MPO, Programme sur les espèces en péril, région des Maritimes
Alexa Meyer	Passamaquoddy Recognition Group Inc.
Brendan Wringe	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Lottie Bennett	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Corinne Pomerleau	Secteur des sciences du MPO, région des Maritimes
Karl Phillips	Département de biologie, Université du Nouveau-Brunswick

SOURCES DE RENSEIGNEMENTS

- Archer, F.I., Adams, P.E., and Schneiders, B.B. 2017. StrataG: an R package for manipulating, summarizing and analysing population genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 17(1):5-11.
- Arnold, T.A. and Emerson, J.W. 2011. [Nonparametric Goodness-of-Fit Tests for Discrete Null Distributions](#). *The R Journal*, 3(2), 34–39. doi:10.32614/RJ-2011-016.
- Besnier, F. and Glover, A.G. 2013. [ParallelStructure: a R package to distribute parallel runs of the population genetics program structure on multi-core computers](#). *PLoS One*.
- Bradbury, I.R., Coulson, M.W., Cook, A.M., and Bentzen, P. 2010. Evidence for divergence and adaptive isolation in post-glacially derived bimodal allopatric and sympatric Rainbow Smelt populations. *Biological Journal of the Linnean Society*, 101: 583-594.

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

- Bradbury, I., Bradford, R., and Bentzen, P. 2011. [Genetic and phenotypic diversity and divergence in sympatric Lake Utopia Rainbow Smelt, *Osmerus mordax*](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res Doc. 2011/008.
- Bradford, R.G., Bentzen, P., and Bradbury, I. 2012. [Lake Utopia Rainbow Smelt \(*Osmerus mordax*\) status, trends, habitat considerations and threats](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2012/124.
- Caissie, D. and Savoie, F. 2017. Mill Lake Stream (Charlotte County, New Brunswick): Environmental conditions during the summer of 2016. Can. Data Rep. Fish. Aquat. Sci. 1278: vi + 18p.
- COSEWIC 2018. COSEWIC Assessment and status report on the Rainbow Smelt *Osmerus mordax*, Lake Utopia large-bodies population and the Lake Utopia small-bodied population, in Canada. Committee on the Status of Endangered Wildlife in Canada. Ottawa. xiv + 40 pp.
- Curry, R.A., Currier, S.L., Bernatchez, L., and Saint-Laurent, R. 2004. The rainbow smelt, *Osmerus mordax*, complex of Lake Utopia: threatened or misunderstood. Environmental Biology of Fishes 69: 153-166.
- DFO 2016. Recovery Strategy for the Lake Utopia Rainbow Smelt (*Osmerus mordax*), Small-bodied Population (sympatric with the Large-bodied Population), in Canada. *Species at Risk Act Recovery Strategy Series*. Fisheries and Oceans Canada. Ottawa viii + 57 pp.
- DFO 2020. Action Plan for the Lake Utopia Rainbow Smelt (*Osmerus mordax*), Small-bodied Population (Sympatric with the Large-bodied Population), in Canada. *Species at Risk Act Action Plan Series*. Fisheries and Oceans Canada, Ottawa. vi+ 36 pp.
- Dray, S., Dufour, A., and Chessel, D. 2007. The ade4 package – II: Two-table and K-table methods.
- Elphinstone, M.S., Hinten, G.N., Anderson, M.J., and Nock, C.J. 2003. An inexpensive and high throughput procedure to extract and purify total genomic DNA for population studies. Molecular Ecology Notes, 3(2): 317-320.
- Enterline, C.L., Elzey, S.P., Chase, B.C., and Ayer, M.H. 2020. [Quantifying within-season repeat spawning by rainbow smelt with implications for comparing sex ratios and survey catches among runs](#). Transactions of the American Fisheries Society 149: 27–42.
- Evanno, G., Regnaut, S., and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study. Molecular Ecology Resources 14: 2611-2620.
- Galpern, P., Manseau, M., Hettinga, P., Smith, K., and Wilson, P. 2012. ALLELEMATCH: an R package for identifying unique multilocus genotypes where genotyping error and missing data may be present. Molecular Ecology Resource, 12(4): 771–778.
- Goudet, J. and Jombart, T. 2022. [Hierfstat: estimation and tests of hierarchical F-statistics](#). R package version 0.5-11..
- Gross, J. and Ligges, U. 2015. [nortest: Tests for Normality](#). R package version 1.0-4.
- Jombart, T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics, 24: 1403-1405.

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

- Landsman, S., and M. van den Heuvel. 2017. Fish Passage Requirements for Rainbow Smelt (*Osmerus Mordax*) and Gaspereau (Alewife *Alosa Pseudoharengus* and Blueback Herring *A. Aestivalis*) at Fishways and Culverts: Current Knowledge, Research Gaps, and Recommendations. Book, Whole. Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 3210. Fisheries and Oceans Canada.
- MacDonald, D. and Burbidge, C. 2017. Protocols for monitoring spawning populations of Lake Utopia Rainbow Smelt (*Osmerus mordax*). Can. Tech. Rep. Fish. Aquat. Sci. 3195. iv + 51 pg.
- MPO. 2011. [Évaluation du potentiel de rétablissement des unités désignables d'éperlans arc-en-ciel du lac Utopia \(*Osmerus mordax*\)](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Avis sci. 2011/004.
- MPO. 2018. [Mise à jour sur l'estimation de l'abondance des populations de grande taille d'éperlans arc-en-ciel \(*Osmerus mordax*\) géniteurs du lac Utopia et des dommages admissibles](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Rép. des Sci. 2018/019.
- MPO. 2021. [Population d'éperlans arc-en-ciel de petite taille du lac Utopia – Estimation de l'abondance et des dommages admissibles](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO. Rép. des Sci. 2021/037.
- MPO. 2024. [Éperlan arc-en-ciel, population d'individus de grande taille du lac Utopia : mise à jour de l'abondance et analyses génétiques](#). Secr. can. des avis sci. du MPO. Rép. des Sci. 2024/031.
- Nelson, G.A. 2023. [Fishmethods: Fishery Science Methods and Models](#). R package version 1.12-1
- Paradis, E. 2010. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. Bioinformatics 26: 419-420.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-959.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Maniatis, T. 1989. Molecular cloning: a laboratory manual, 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York. 1546 pp.
- Themelis, D. 2018. [Examen pré-COSEPAC concernant les populations d'éperlans arc-en-ciel \(*Osmerus mordax*\) de petite taille et de grande taille du lac Utopia](#). Secr. can. de consult. sci. du MPO, Doc. de rech. 2018/025. v + 29 p.
- Zhan, L., Paterson, I.G., Fraser, B.A., Watson, B., Bradbury, I.R., Nadukkalan, P., Reznick, D., Beiko, R.G., and Bentzen, P. 2017. MEGASAT: automated inference of microsatellite genotypes from sequence data. Molecular Ecology Resources, 17(2): 247-256. DOI: 10.1111/1755-0998.12561.

ANNEXE A

Méthodologie de l'analyse génétique

Des parties de nageoires (« NCS » : nageoire caudale supérieure, « NA » : nageoire adipeuse) ont été prélevées sur 100 éperlans arc-en-ciel capturés dans la décharge du lac Mill les 11 et 12 avril 2023. Les tissus ont été conservés dans de l'éthanol à 95 %. On a perdu deux échantillons pendant leur transport vers le Marine Gene Probe Lab. On a extrait l'ADN génomique des tissus au moyen d'un protocole à base de silice (Elphinstone *et al.* 2003) ou, lorsque ce protocole ne permettait pas de générer un ADN en quantité ou en qualité suffisante, au moyen d'un protocole modifié de phénol-chloroforme (PCI; Sambrook *et al.* 1989). On a visualisé l'ADN sur un gel d'agarose à 1 % (TBE 0,5x) pour évaluer la qualité de chaque échantillon (c.-à-d. la présence d'ADN à poids moléculaire élevé). L'ADN de quantité et de qualité suffisantes a été extrait de 92 échantillons.

Les échantillons ont été génotypés à l'aide d'un ensemble de 75 loci microsatellites et d'une approche fondée sur le séquençage de l'ADN, comme indiqué dans Bradbury *et al.* (2018). L'ensemble se composait de 70 loci mis au point pour le séquençage de nouvelle génération et de cinq anciens loci adaptés pour cette méthode. Les loci ont été amplifiés dans trois réactions en chaîne de la polymérase (PCR) multiplex, réalisées dans des volumes de 3,5 µL à l'aide d'un mélange Q5 High-Fidelity 2X Mastermix (New England Biolabs [NEB] Ipswich, Massachusetts, États-Unis, 1,75 µL), d'un mélange Oligo Mix de 0,35 µL (1,0 µmol/L chaque oligonucléotide), de 0,2 µL d'eau de qualité moléculaire, et de 1,2 µL d'ADN normalisé à 2ng/uL. Les PCR ont été effectuées sur des appareils de PCR Eppendorf (Hambourg, Allemagne) Mastercycler ep 384 selon les paramètres suivants : une période de 4 min à 98 °C, suivie de 25 cycles à 94 °C pendant 30 s, à 59 °C pendant 1 min et à 72 °C pendant 60 s, avec une dernière période à 72 °C pendant 30 min. Les produits de PCR multiplex ont été regroupés (par échantillon) dans des proportions égales. Des séquences d'indexation ont ensuite été ajoutées aux regroupements de PCR multiplex à l'aide d'une PCR indicatrice. Les PCR d'indexation ont été effectuées dans des volumes de 5 µL avec la Taq ADN polymérase Phusion (NEB), un tampon Thermopol 10x de 0,5 µL (NEB), 0,5 µL de 0,2 nm de chaque dNTP et 0,5 µL d'oligonucléotides 0,2 µM Index_1 et 0,2 µM Index_2 (séquence d'adaptateur d'hybridation, code à barres et amorces de séquençage Illumina) et 0,5 µL de produit PCR multiplex. Les paramètres du cycle étaient les suivants : 95 °C pendant 2 min, 20 cycles à 95 °C pendant 20 s, 63 °C pendant 60 s et 72 °C pendant 60 s, avec une période finale à 72 °C pendant 10 min. Les produits de PCR indexés ont été regroupés en volumes égaux et un volume de 50 µL de la banque mélangée a été nettoyé à l'aide de billes magnétiques Illumina Purification Beads (IPB, Illumina, San Diego, Californie, États-Unis; billes 2:1; banque de gènes). Les banques ont été quantifiées à l'aide de NEBNext Library Quantification Kit (NEB) pour Illumina sur un appareil de qPCR Roche Light Cycler (LC) 480 à l'aide de volumes de 7,5 µL avec 4,5 µL de mélange Library Quant 2X Master Mix, 1 uL d'eau de qualité moléculaire et un volume de 2 µL de la banque de gènes dilué 100 000X. Les banques ont été séquencées à la concentration de 9 pM à l'aide d'un séquenceur d'ADN Illumina MiSeq avec le filtre « v2 chemistry » (2 x 150 bp : Illumina, San Diego, Californie) et une profondeur cible de 1 000 lectures par individu et par locus. Les individus ont été démultiplexés à l'aide du logiciel MISEQ SEQUENCE ANALYSIS. On a exprimé les génotypes à l'aide de MEGASAT (Zhan *et al.* 2017). Un échantillon d'éperlan arc-en-ciel du lac Utopia qui avait déjà été génotypé avec des loci microsatellites antérieurs a été utilisé comme témoin positif pour assurer la comparabilité des génotypes obtenus dans cette étude avec les génotypes microsatellites précédemment obtenus par le Marine Gene Probe

Lab. Un échantillon redondant a été inclus comme témoin positif supplémentaire. On a aussi inclus un échantillon de référence comme témoin négatif.

Six loci n'ont pas pu être amplifiés, dont quatre étaient des loci antérieurs. Sept échantillons n'ont pas pu être amplifiés (0 locus génotypé) et ont été exclus de l'analyse en aval; le taux d'échec était plus élevé pour les échantillons « NA » que pour ceux « NCS ». Huit correspondances génotypiques ont été identifiées à l'aide d'ALLELEMATCH (Galpern *et al.* 2012). Toutes les correspondances présumées avaient un score inférieur à 0,85. Les génotypes des correspondances présumées ont été inspectés manuellement et déterminés comme étant uniques.

Les génotypes microsatellites multilocus uniques obtenus à partir des échantillons de 2023 (n = 85) ont été analysés avec les génotypes microsatellites multilocus existants de 214 éperlans arc-en-ciel échantillonnés dans le lac Utopia en 2017 et en 2018. Cet ensemble de données, contenant 70 loci microsatellites, a été filtré pour l'erreur : six autres loci ont été exclus en raison de la faible variabilité de la fonction *isPoly* dans le progiciel écrit en R « ADEGENT » (Jombart 2008) avec une valeur par défaut pour le paramètre *thres* (0,01), et les individus avec plus de 50 % de données manquantes (2 individus) ont été retirés de l'analyse en aval.

L'analyse en composantes principales (ACP), telle qu'elle est mise en œuvre dans le progiciel écrit en R « ADE4 » (Dray et Dafour 2007), a été utilisée pour étudier la possibilité d'une structure génétique parmi les échantillons. Le regroupement bayésien a été effectué à l'aide de STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard *et al.* 2000), mis en œuvre au moyen de PARALLELSTRUCTURE (Besnier et Glover 2013), pour déduire le nombre de groupes distincts présents. Dix exécutions indépendantes de la méthode de Monte Carlo par chaîne de Markov (MCMC) utilisant un rodage de 100 000 et 500 000 itérations ont été effectuées pour chaque valeur de K allant de 2 à 4. Le nombre optimal de grappes (K) a été déduit à l'aide de la méthode de sélection DK (Evanno *et al.* 2005) dans STRUCTUREHARVESTER (Earl et Vinvite 2012). Les valeurs Q moyennes, les proportions mélangées de chaque individu, ont été tracées pour chaque valeur de K à l'aide du progiciel écrit en R modifié « STRATAG » (Archer *et al.* 2017). Dans les cas où il y a hybridation entre deux groupes, les valeurs Q intermédiaires peuvent représenter des individus hybrides. Les associations entre les valeurs Q et la taille corporelle ont été explorées à l'aide de la régression linéaire. Les tests d'équilibre Hardy-Weinberg (HWE) et les statistiques F ont été calculés à l'aide des progiciels écrits en R « PEGAS » (Paradis 2010) et « HIERFSTAT » (Goudet et Jombart 2022).

Tableau A1. Indice de fixation par locus (Fst) entre les populations d'éperlans arc-en-ciel de grande taille et de petite taille du lac Utopia. Les individus issus du cours d'eau des individus de petite taille dont le génotype était de grande taille, les individus issus du cours d'eau des individus de grande taille dont le génotype était de petite taille et les individus mélangés sont exclus de cette analyse.

Locus	Fst
mpx1.33359	-0,001 8
mpx1.51518	-0,001 6
mpx1.63512	-0,001 5
mpx2.43799	-0,001 1
mpx2.8744	-0,000 8
mpx1.49321	-0,000 6
mpx1.64489	0,000
mpx2.19470	0,000 1
mpx2.21975	0,000 2
mpx3.27233	0,000 2
mpx1.2368	0,001 1
mpx1.43912	0,001 2
mpx1.29750	0,001 3
mpx1.44955	0,001 4
mpx2.15256	0,002 1
mpx1.44789	0,003
mpx2.48716	0,0034
mpx2.28203	0,003 5
mpx3.38186	0,004 4
mpx1.63377	0,004 9
mpx2.65032	0,004 9
mpx2.1813	0,007 5
mpx2.6137	0,008
mpx1.29560	0,008 6
mpx1.13341	0,010 4
mpx1.30938	0,013 3
mpx3.45969	0,013 3

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

Locus	Fst
mpx1.8743	0,015 6
mpx3.24318	0,016 1
mpx3.47741	0,016 3
mpx2.40959	0,018 1
mpx1.64839	0,018 2
mpx3.40758	0,018 6
mpx2.14187	0,029 2
mpx2.53750	0,030 2
mpx1.27178	0,030 4
mpx2.18581	0,032 3
mpx3.Omo1	0,032 9
mpx1.10206	0,038 3
mpx2.24181	0,041 8
mpx1.63471	0,046
mpx3.48088	0,047 5
mpx2.4922	0,047 7
mpx1.10280	0,048 5
mpx3.49454	0,053 7
mpx2.41276	0,058 5
mpx3.8139	0,06
mpx2.60030	0,0605
mpx2.61749	0,0629
mpx3.22606	0,0663
mpx1.47001	0,068 1
mpx2.16650	0,072 7
mpx1.33692	0,077
mpx1.48656	0,084 8
mpx2.31860	0,090 6
mpx3.62317	0,114 2
mpx2.37630	0,119 4

**Estimation de l'abondance et analyse génétique
de l'éperlan arc-en-ciel, population d'individus
de grande taille du lac Utopia**

Région des Maritimes

Locus	Fst
mpx3.33791	0,125 4
mpx2.22534	0,145 7
mpx2.1534	0,168
mpx2.21158	0,222 9
mpx2.45138	0,264 7
mpx1.57397	0,303 5

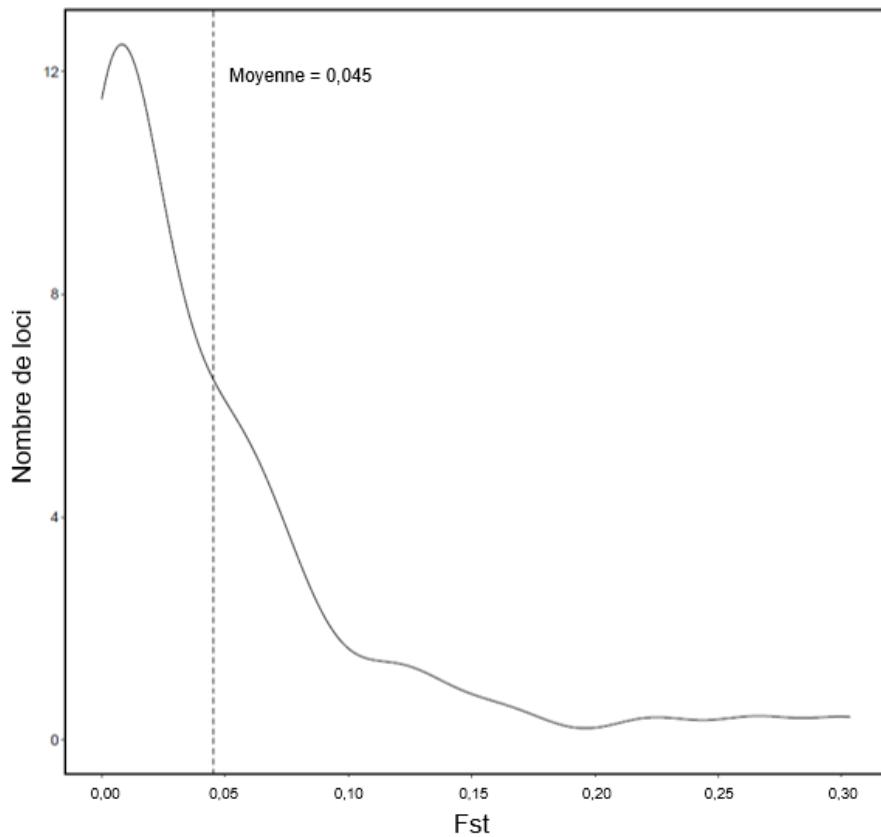


Figure A1. Fst par locus des populations d'éperlan arc-en-ciel de grande taille et de petite taille du lac Utopia. Les individus issus du cours d'eau des individus de petite taille dont le génotype était de grande taille, les individus issus du cours d'eau des individus de grande taille dont le génotype était de petite taille et les individus mélangés sont exclus de cette analyse.

CE RAPPORT EST DISPONIBLE AUPRÈS DU :

Centre des avis scientifiques (CAS)
Région des Maritimes
Pêches et Océans Canada
Institut océanographique de Bedford
1, promenade Challenger, C.P. 1006
Dartmouth (Nouvelle-Écosse) B2Y 4A2

Courriel : DFO.MARCSA-CASMAR.MPO@dfo-mpo.gc.ca

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

ISSN 1919-5117

ISBN 978-0-660-77848-8 N° cat. Fs70-6/2025-035F-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. Estimation de l'abondance et analyse génétique de l'éperlan arc-en-ciel (*Osmerus mordax*) dans la décharge du lac Mill, population d'individus de grande taille du lac Utopia, 2023. Secr. can. des avis sci. du MPO. Avis sci. 2025/035.

Also available in English:

*DFO. 2025. Abundance Estimates and Genetic Analysis of the Large-bodied Population of Lake Utopia Rainbow Smelt (*Osmerus mordax*) in Mill Lake Stream, 2023. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Advis. Rep. 2025/035.*