

# Apports de la génétique pour la conservation des poissons migrateurs

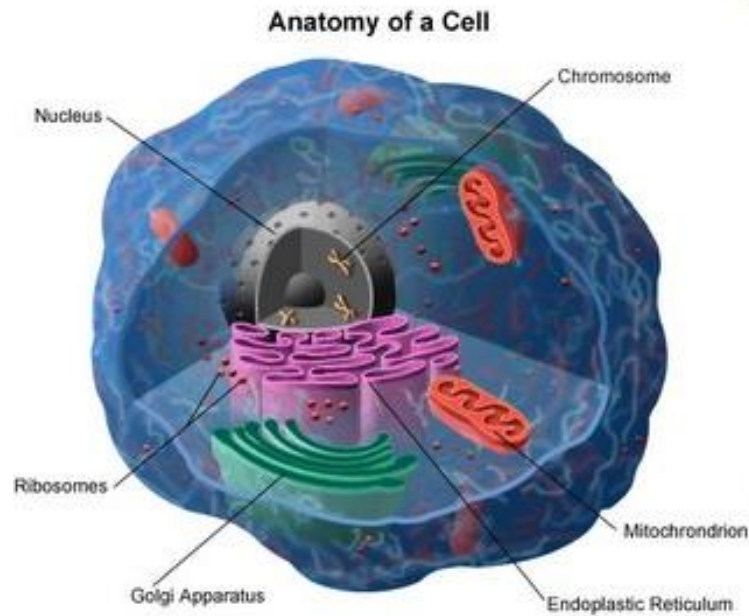
EVANNO Guillaume

UMR ESE, Rennes



# Quelques rappels de génétique

## ADN nucléaire et ADN mitochondrial



# Les marqueurs moléculaires

## Microsatellite

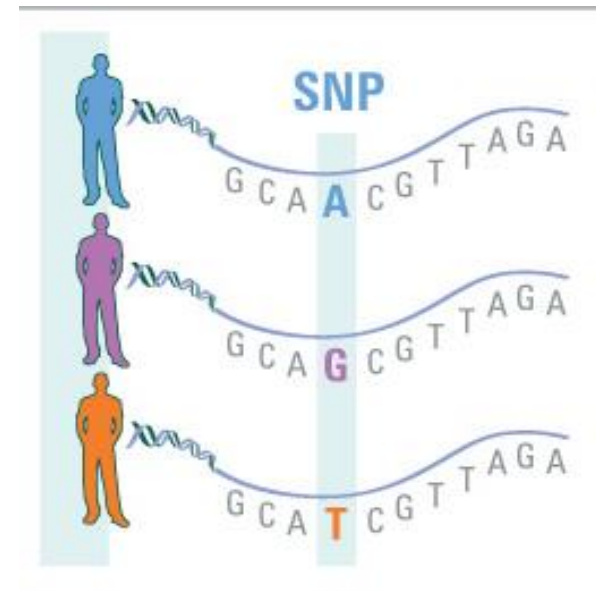
CAAGGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC  
GTTCCGCAACTGT**CACACACACACACACACACA**GAAATAGTGACGCAG **A**

CAAGGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC  
GTTCCGCAACTGT**CACACACACACACACA**GAAATAGTGACGCAG\_ **B**

CAAGGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC  
GTTCCGCAACTGT**CACACACACACA**GAAATAGTGACGCAG **C**

Polymorphisme lié à une taille de fragments = nombre de motifs répétés

## Single Nucleotide Polymorphism (SNP)



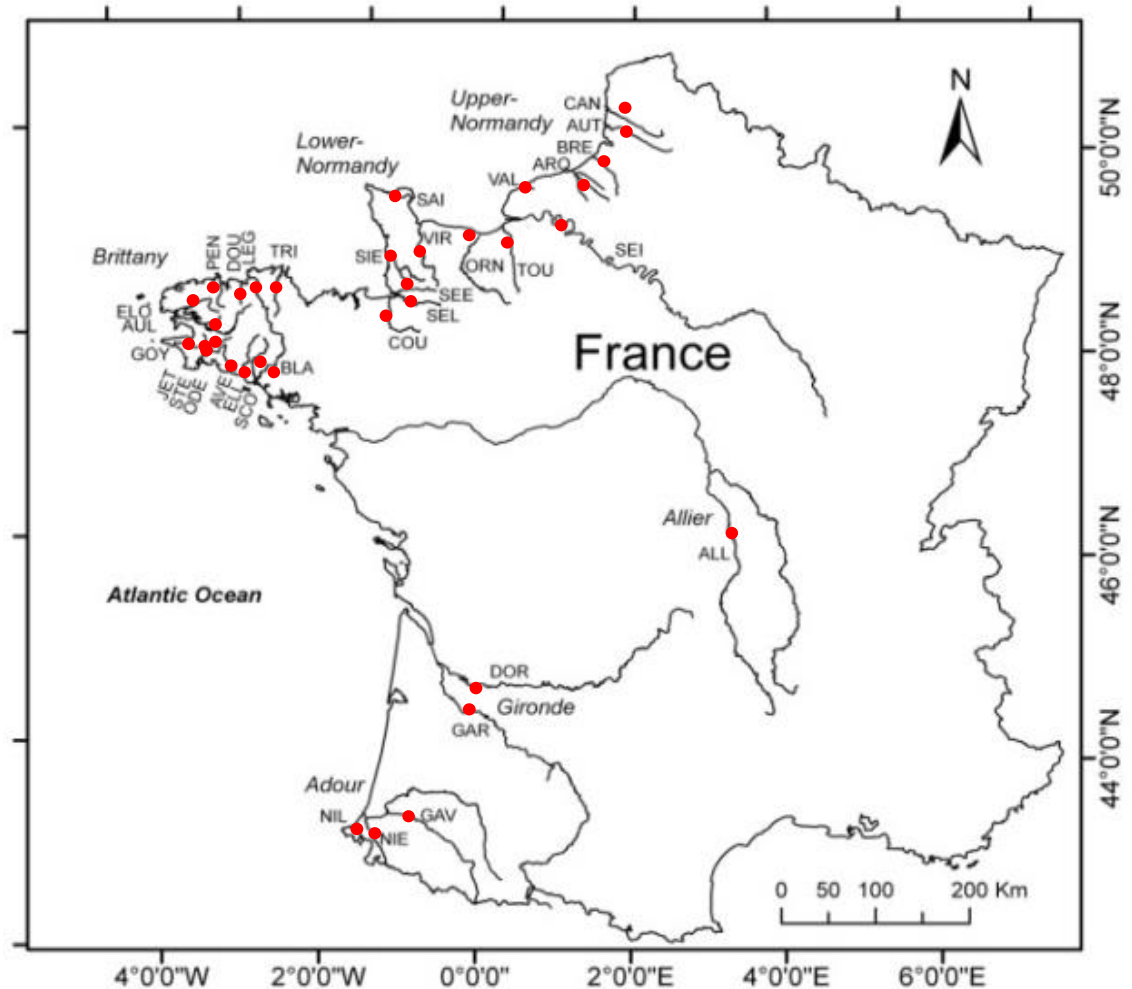
Polymorphisme lié à une mutation ponctuelle

# Les apports de la génétique pour la préservation des populations de saumon

- Echantillonnage
  - 975 adultes (écailles), 34 populations
  - Etude des repeuplements réalisés depuis 1970
- Analyses génétiques
- - 17 marqueurs microsatellites

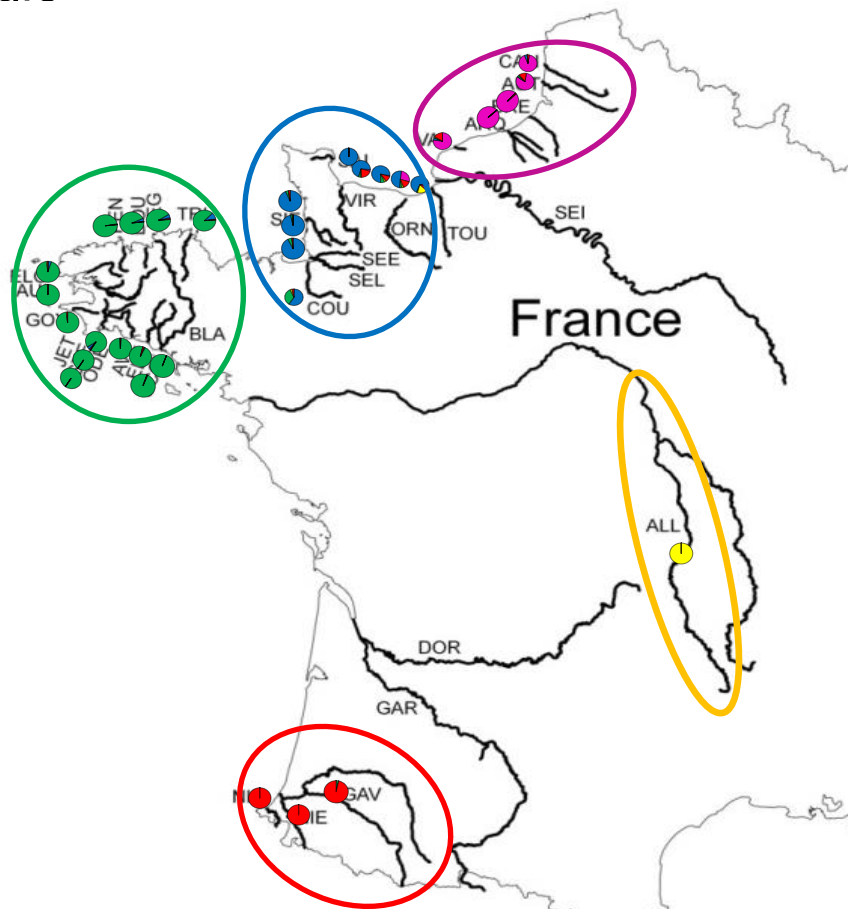
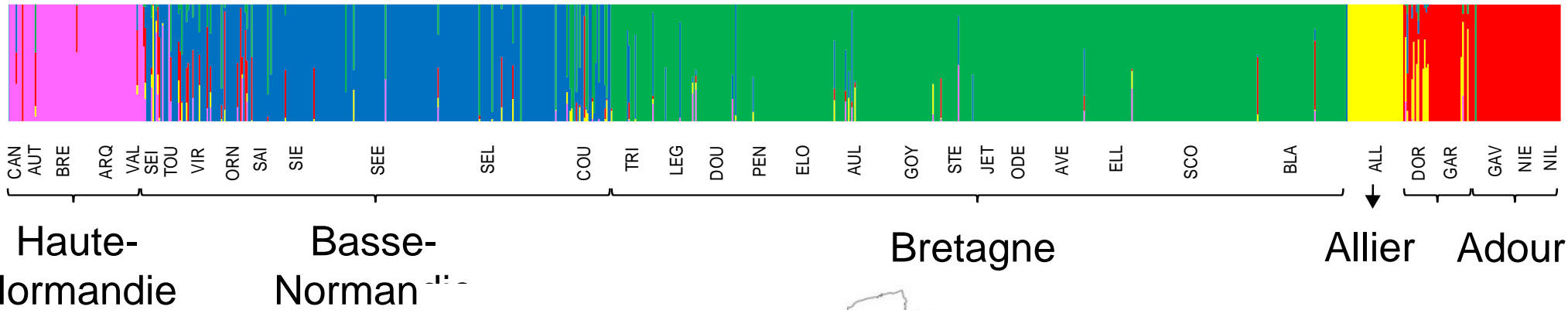


Charles Perrier  
(Thèse 2007-2010)



Perrier et al. (2011)

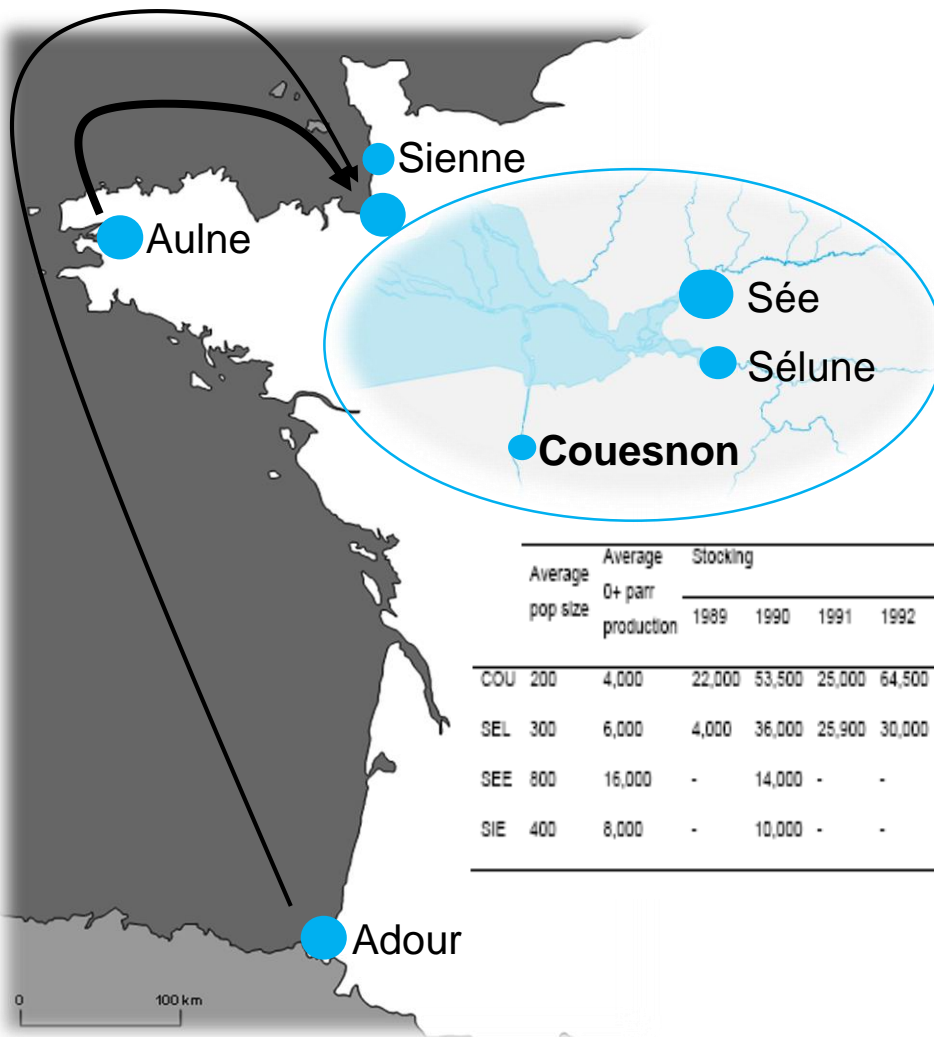
# Structure hiérarchique en 5 groupes



# Etude des 4 populations de saumon de la baie du Mont-St-Michel

Repeuplements depuis 1989 avec des poissons allochtones :

- Adour : 80,000 en 1995
- Aulne : 1,010,000 de 1989 à 2003

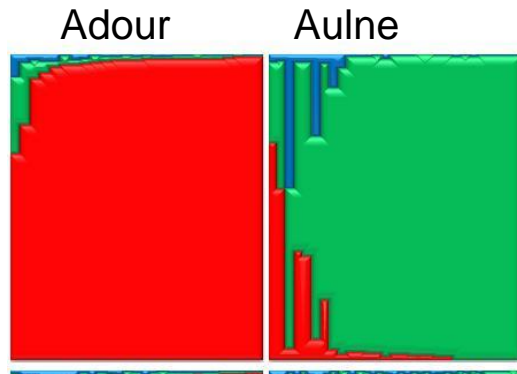


	Average pop size	Average 0+ parr production	Stocking																				
			1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009
COU	200	4,000	22,000	53,500	25,000	64,500	25,000	16,600	50,287	43,197	89,020	59,665	48,200	30,782	35,049	33,172	27,566	29,381	23,585	22,988	25,519	20,090	27,094
SEL	300	6,000	4,000	36,000	25,900	30,000	101,000	66,000	28,800	61,000	9,800	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SEE	800	16,000	-	14,000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIE	400	8,000	-	10,000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Perrier et al. (2013)

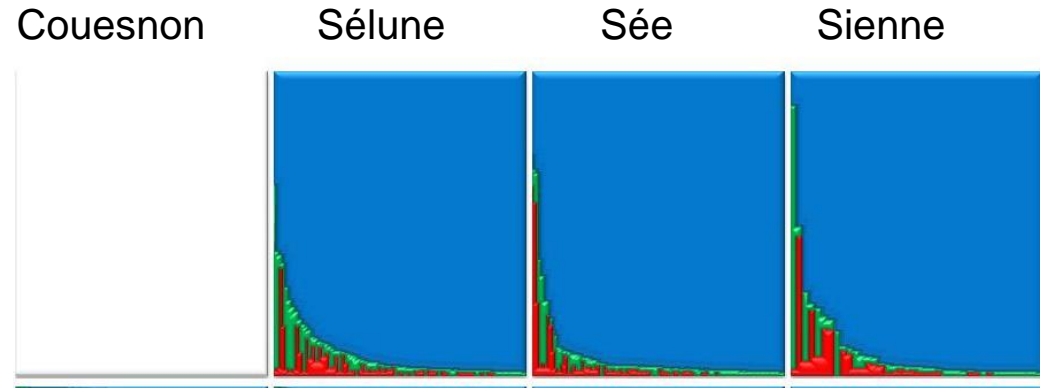
# Etude des 4 populations de saumon de la baie du Mont-St-Michel

Souches de repeuplement

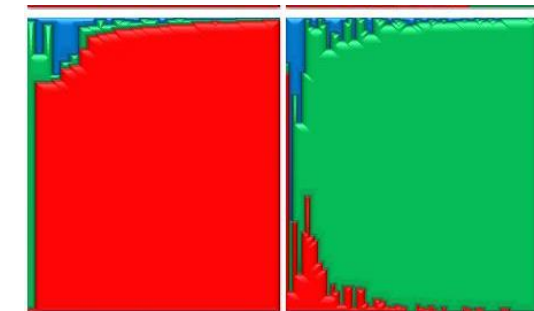


Passé

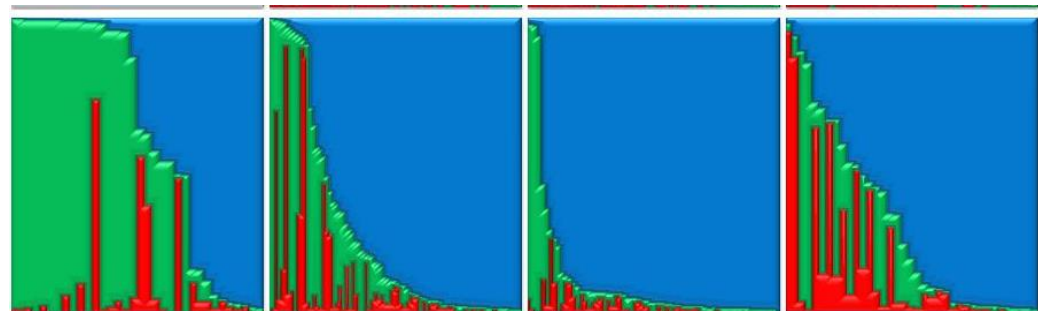
Populations naturelles



Repeuplement : 1989-actuellement 1989-1996 1990 1989-1990



Présent



Adour Aulne

Couesnon

Sélune

Sée

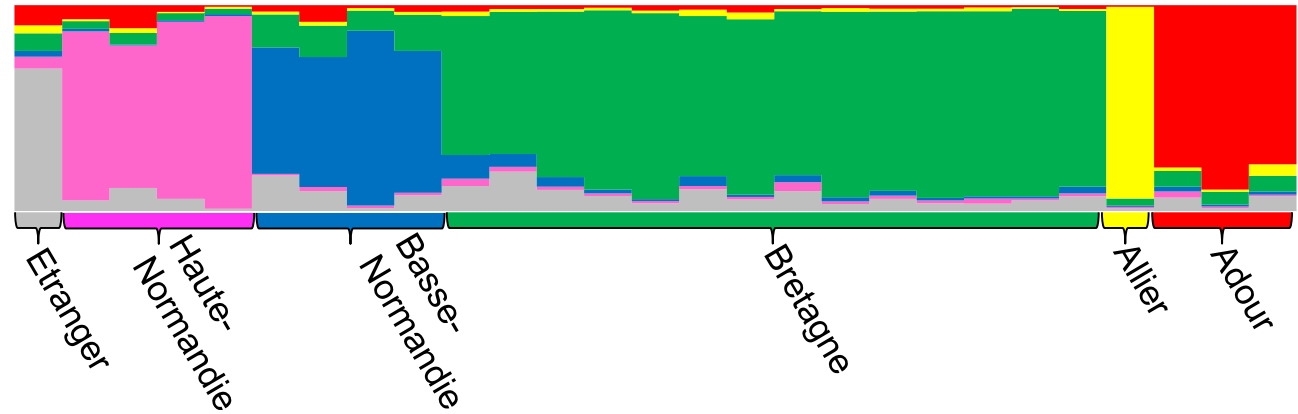
Sienna

Etude de simulations : Survie individus issus de repeuplement 10 à 25 fois < individus sauvages

Perrier et al. (2011)

# Recolonisation naturelle de la Seine par des saumons de diverses origines

- Base de données génétiques



- Assignation de 7 individus de la Seine

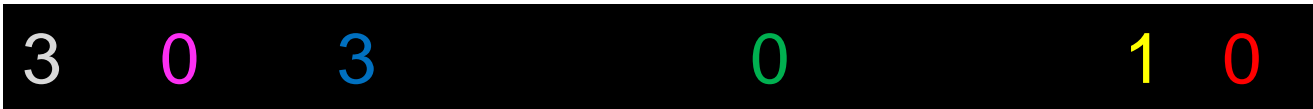


photo Maison de la pêche et de la nature - ville de Levallois

Perrier et al. (2011)



# Assignment de parenté pour identifier l'origine sauvage / repeuplement des saumons de l'Allier



Sabrina Le Cam  
(postdoc)

- ▶ Rempoissonnements réalisés par le CNSS
- ▶ -> smolts marqués
- ▶ -> embryons + alevins **non marqués**

Quelle est la proportion des individus issus de la pisciculture parmi les individus adultes qui remontent sur l'axe Loire / Allier ?  
(Plagepomi 2009-2013 et 2014-2018)

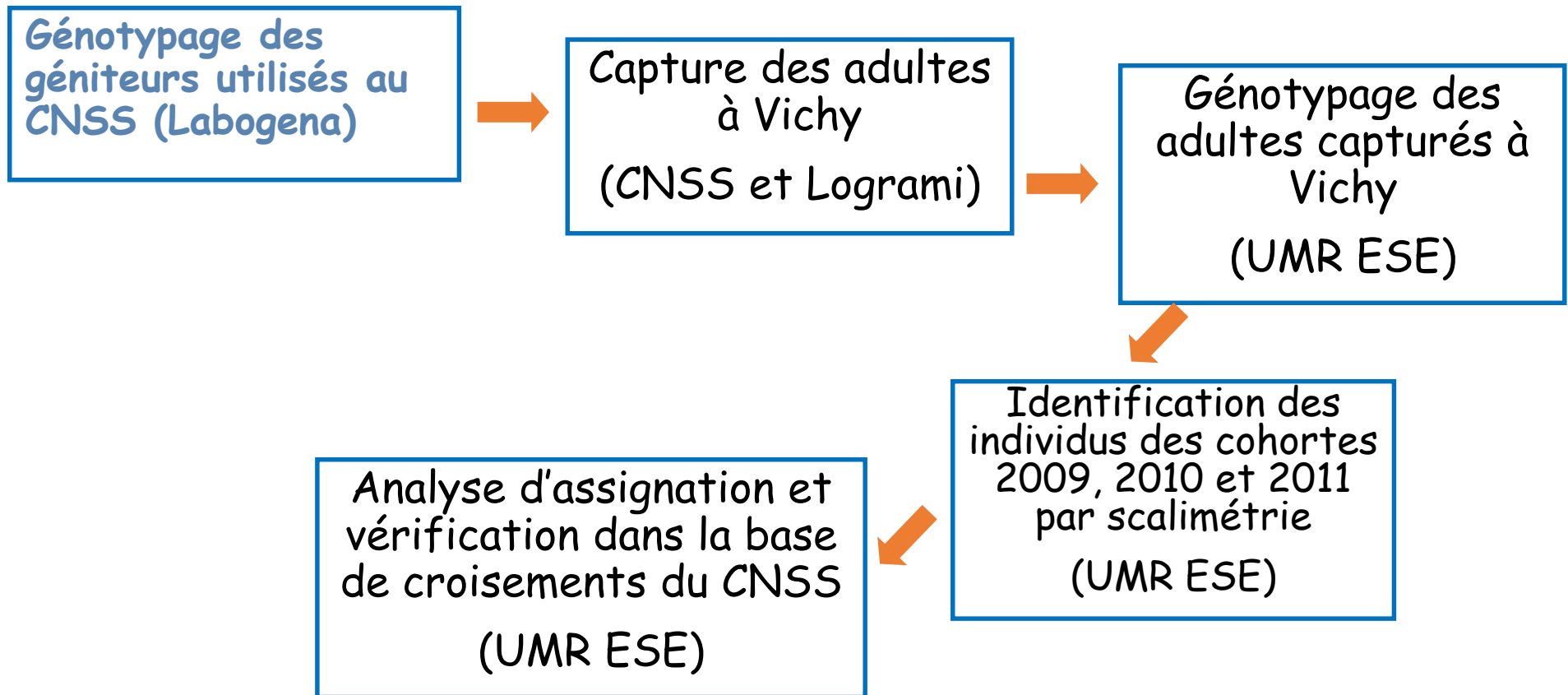
Méthodes :

-> Génotypage (15 marqueurs microsatellites) des géniteurs enfermés et sauvages utilisés en 2008, 2009 et 2010 puis d'adultes capturés à Vichy à partir de 2012 (Logrami et CNSS).

-> Sur chaque individu capturé à Vichy : prélèvement de nageoire (analyses génétiques) + écailles (âge déterminé par J.L. Baglinière et F. Marchand), puis génotypage + sexage moléculaire et marqueur diagnostique truite/saumon.

-> Analyse d'assignation (Cervus)

# Identification de l'origine des géniteurs remontant dans l'Allier



## Résultats d'assignation des cohorte 2009, 2010, 2011

	Années d'échantillonnage	Individus de la cohorte	Individus assignés au CNSS	% CNSS
2009	2012, 2013, 2014	62	25	40,3%
2010	2013, 2014, 2015	58	22	37,93%
2011	2014, 2015, 2016	66	6	9,09%

# Apports de la génétique pour l'analyse de l'hybridation chez les lamproies

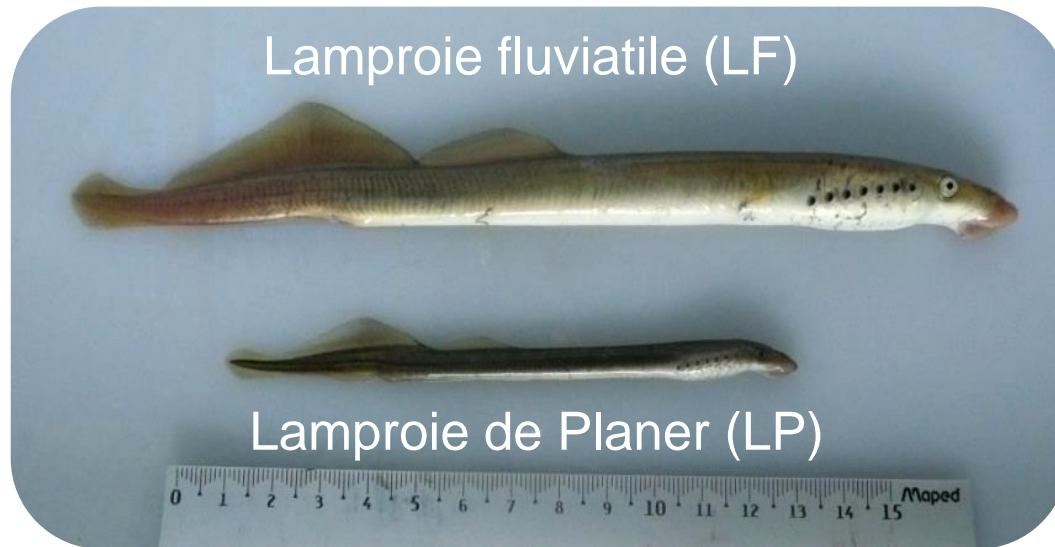


Lamproie marine

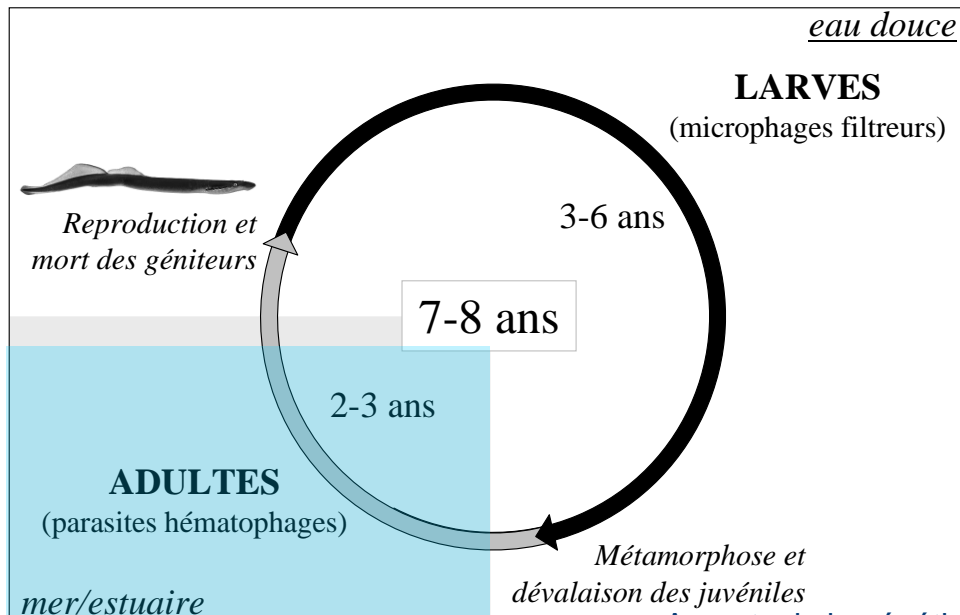
Lamproie fluviale

Lamproie de Planer

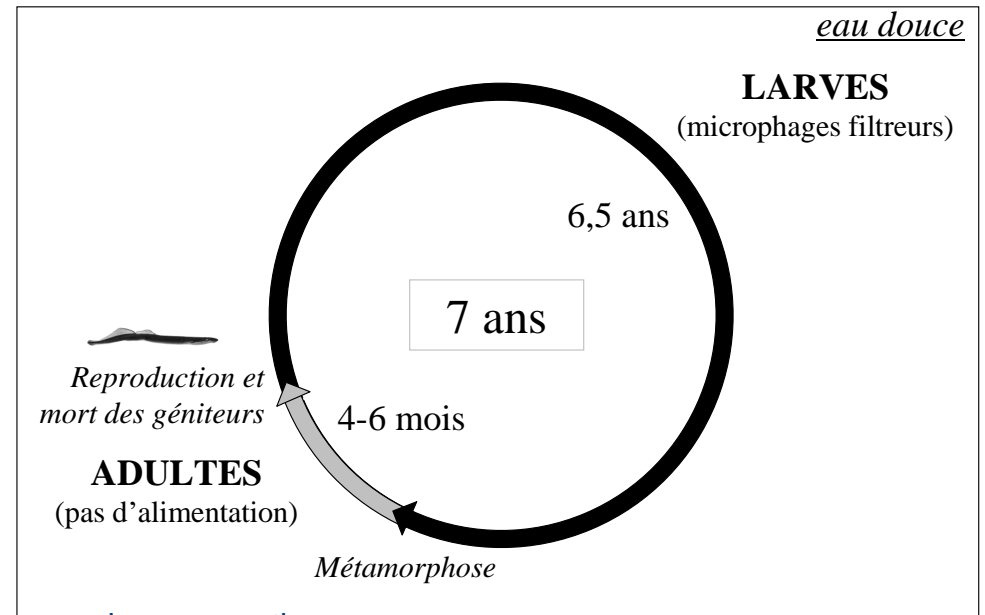
# Lamproie fluviatile et Lamproie de Planer : 2 espèces ou 1 espèce avec 2 écotypes ?



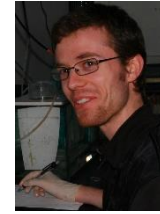
*Lampetra fluviatilis*



*Lampetra planeri*



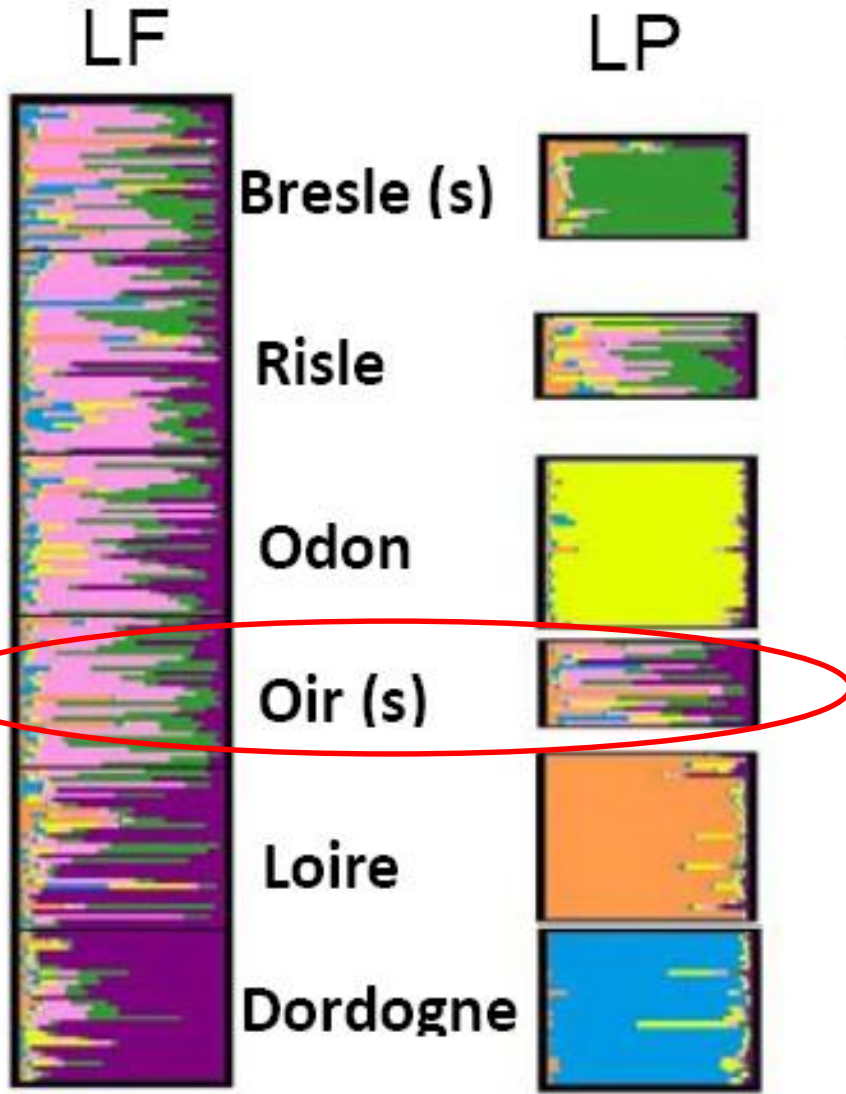
# Lamproie fluviatile et Lamproie de Planer : 2 espèces ou 1 espèce avec 2 écotypes ?



Arnaud Gaigher  
Master 1 et 2  
(2010-2011)

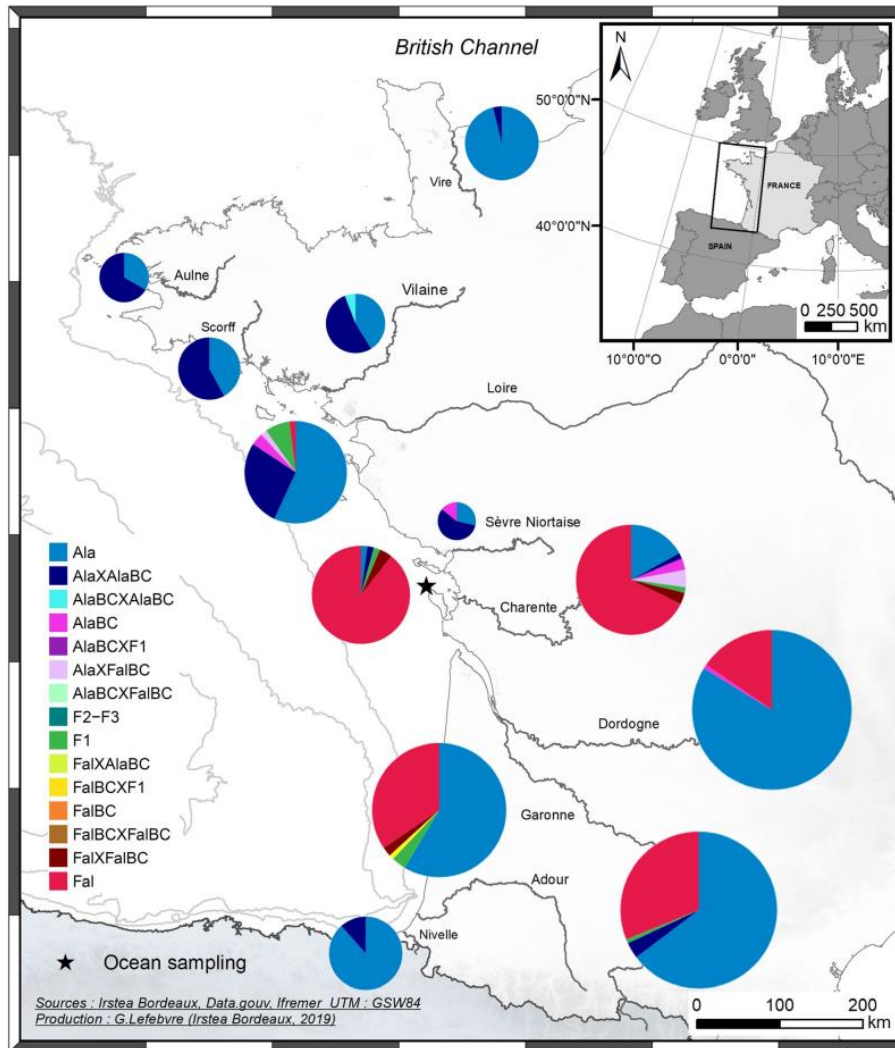


Quentin Rougemont  
Thèse (2013-2016)



Rougemont et al. (2015)

# Apports de la génétique pour l'analyse de l'hybridation : Grande alose et alose feinte



- Echantillonnage
  - 600 individus, 14 populations
- Analyses génétiques
  - 60 SNPs



Taillebois et al. (2019)

# Démonstration de la panmixie chez l'anguille

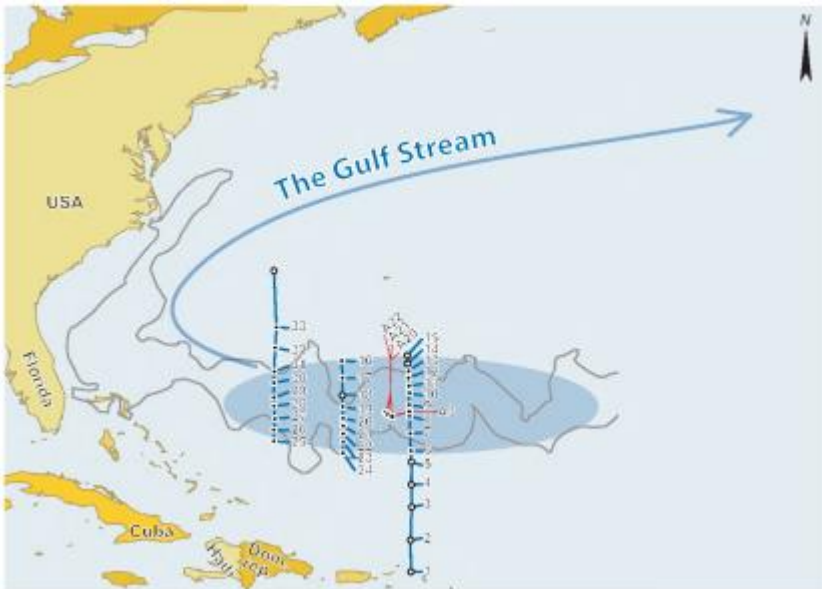


Molecular Ecology (2011) 20, 1333–1346

FROM THE COVER

## All roads lead to home: panmixia of European eel in the Sargasso Sea

THOMAS D. ALS,<sup>\*1</sup> MICHAEL M. HANSEN,<sup>‡1</sup> GREGORY E. MAES,<sup>§</sup> MARTIN CASTONGUAY,<sup>¶</sup> LASSE RIEMANN,<sup>\*\*2</sup> KIM AARESTRUP,<sup>\*</sup> PETER MUNK,<sup>††</sup> HENRIK SPARHOLT,<sup>§§</sup> REINHOLD HANEL<sup>¶¶</sup> and LOUIS BERNATCHEZ<sup>\*\*\*</sup>



-> Pas de différenciation génétique significative entre échantillons de la mer des Sargasses ou entre ceux prélevés en Europe (21 marqueurs microsatellites, 271 larves et 1010 civelles),



# Identification des stocks « mélangés » ciblés par des pêcheries

Le cas de la pêche de Saumon atlantique (*Salmo salar*) à l'ouest du Groënland



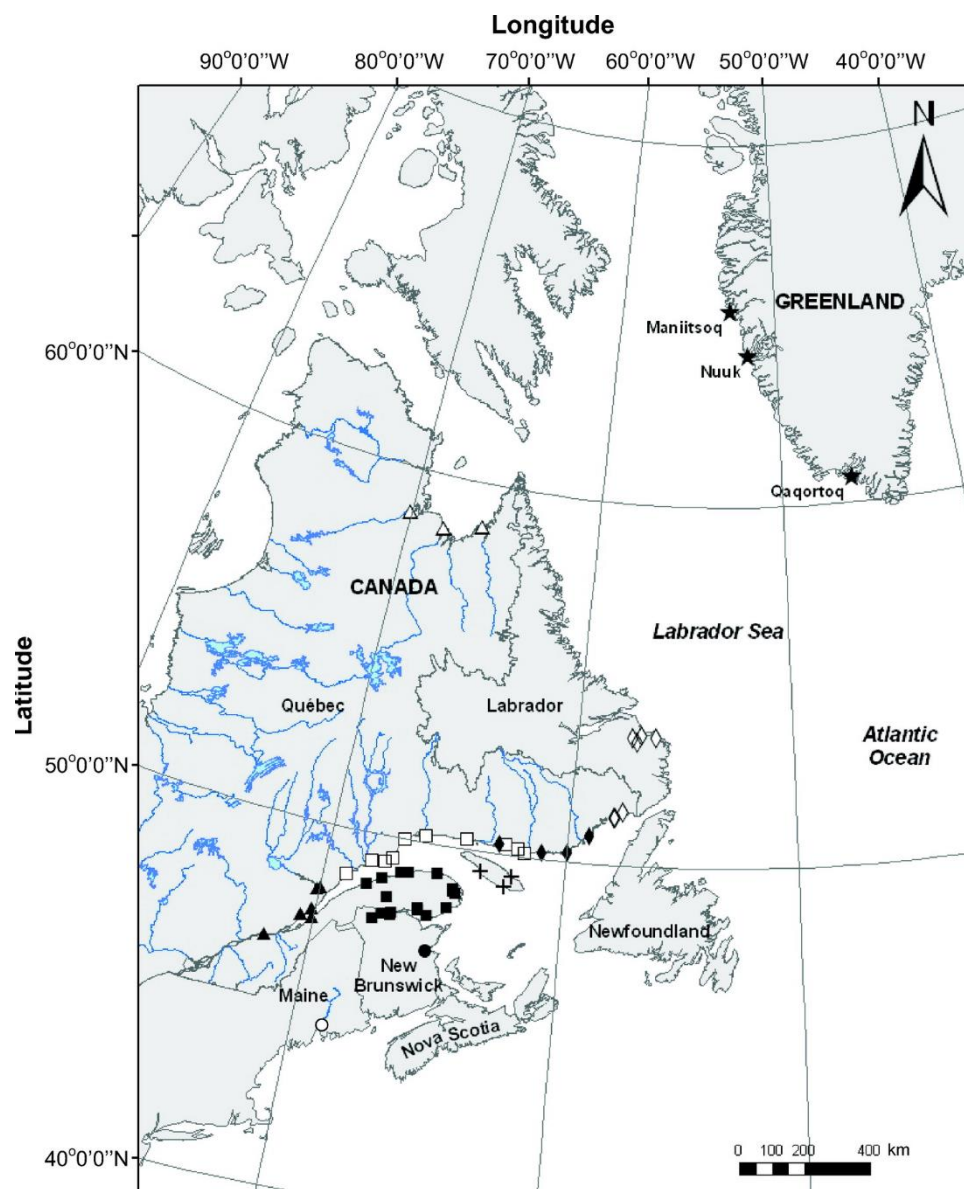
## ➤ Echantillonnage

- 52 populations de référence comprenant 9 ESUs : Ungava, Labrador, Higher North Shore, Lower North Shore, Québec city, Anitcosti, Southern Québec, New Brunswick et Maine.
- 2825 saumons capturés sur 11 ans et 3 localités

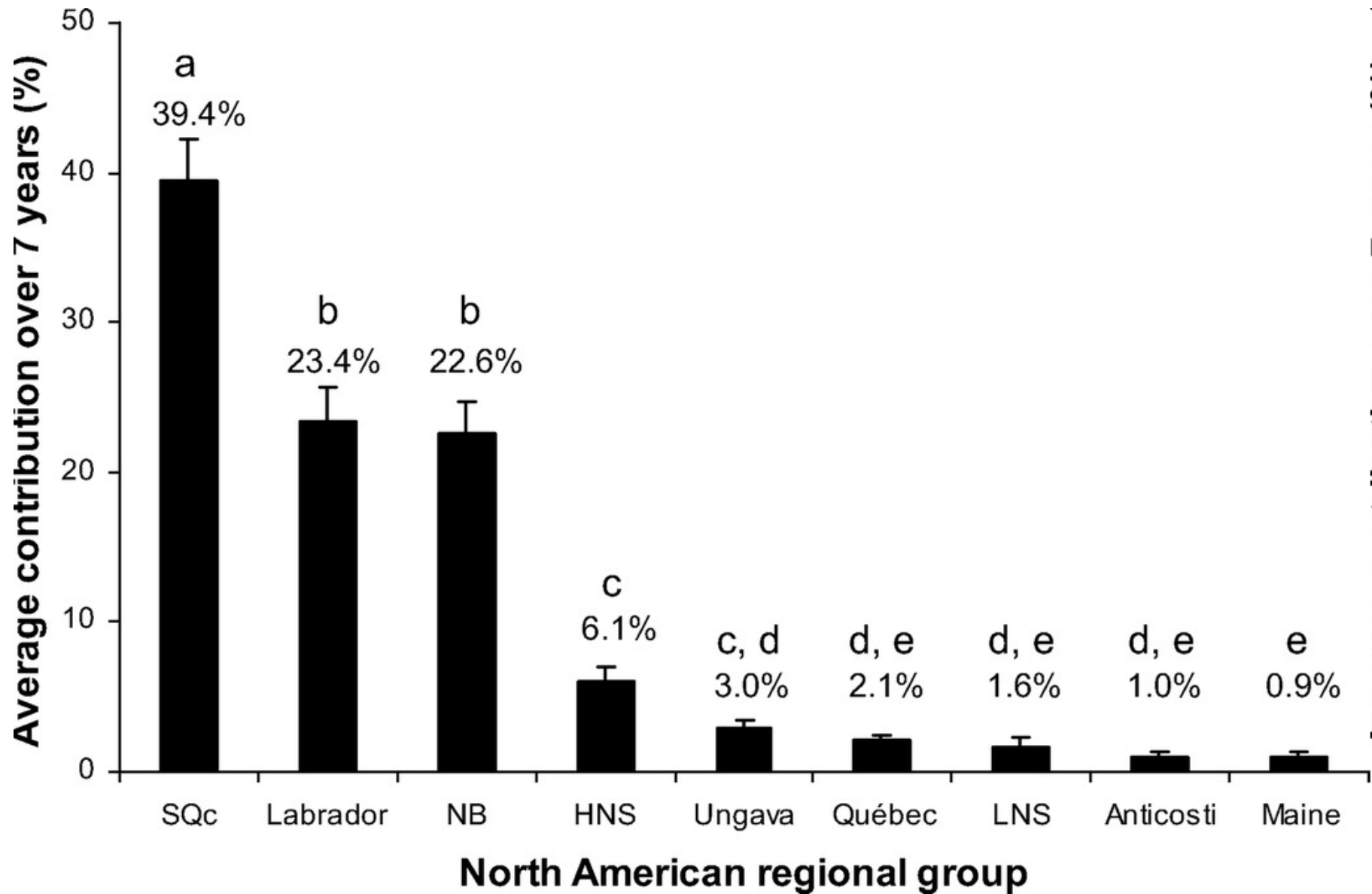
## ➤ Analyses génétiques

- 13 marqueurs microsatellite

Gauthier-Ouellet et al. (2009)



# Contribution moyenne des ESUs nord-américaines à la pêche



# Estimation de la mortalité des saumons de printemps (MSW) et castillons (grilse) de chaque ESU dûe à la pêche en 2002 et 2004

Table 3. Regional statistics and the Greenland fishery mortality of Atlantic salmon for the nine North American regional groups in 2002 and 2004.

Region	% MSW*		Returns* (grilse + MSW)		No. of catches†		Mortality (%)			
	2002	2004	2002	2004	2002	2004	2002		2004	
							MSW	Grilse + MSW	MSW	Grilse + MSW
Maine	53	80	961	1 602	0	47	0.07	0.04	3.54	2.85
New Brunswick	12	24	56 406	63 999	1 138	1 234	● 14.52	1.98	7.51	1.89
Southern Québec	48	40	22 293	49 651	2 387	2 717	● 18.08	9.67	● 12.10	5.19
Québec City	44	62	2 726	2 996	38	171	3.07	1.38	8.47	5.40
Anticosti	21	44	2 428	2 290	36	77	6.68	1.47	7.12	3.25
Higher North Shore	47	72	11 967	14 787	192	362	3.31	1.58	3.30	2.39
Lower North Shore	30	20	5 691	6 603	8	44	0.47	0.14	3.18	0.66
Labrador	12	11	120 688	116 103	831	1 283	5.52	0.68	9.01	1.09
Ungava	33	30	2 313	5 011	152	262	● 16.56	6.17	● 14.96	4.97
Mean							7.59±6.98	2.57±3.22	7.69±4.06	3.08±1.77

Note: MSW, multi-sea-winter.

\*Caron and Fontaine 2003; ICES 2005; Caron et al. 2006.

†Absolute number of salmon caught per region.

- > Fort impact de la pêche sur les individus MSW, femelles en majorité
- > Evolution vers une augmentation des individus castillons ?

# Identification de facteurs de stress par analyse transcriptomique

Le cas des saumons sokeye (*O. nerka*) de la rivière Fraser (Canada)

## Genomic Signatures Predict Migration and Spawning Failure in Wild Canadian Salmon

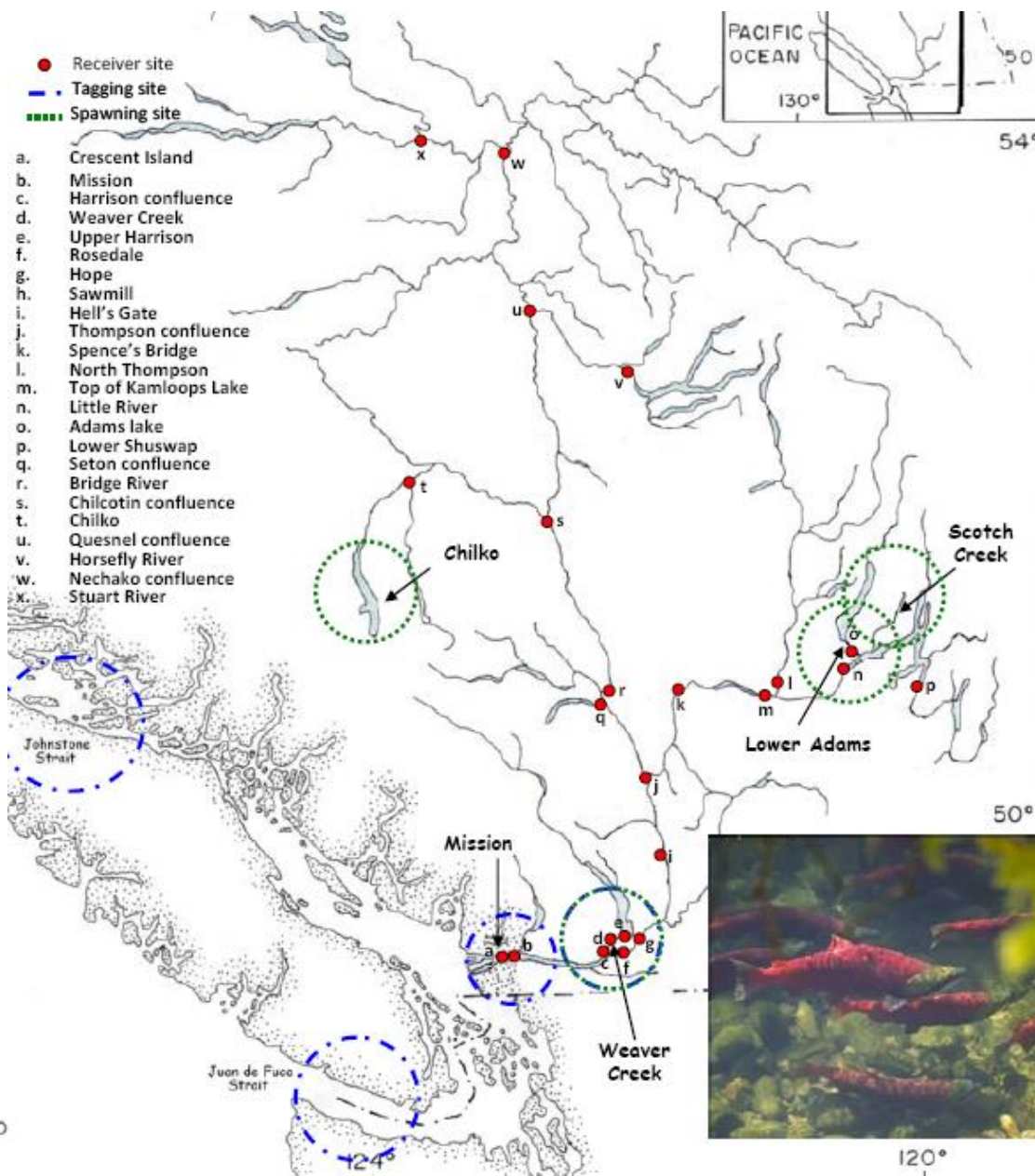


Kristina M. Miller,<sup>1,2\*</sup> Shaorong Li,<sup>1</sup> Karia H. Kaukinen,<sup>1</sup> Norma Ginther,<sup>1</sup> Edd Hammill,<sup>3</sup> Janelle M. R. Curtis,<sup>3</sup> David A. Patterson,<sup>4</sup> Thomas Sierocinski,<sup>5</sup> Louise Donnison,<sup>5</sup> Paul Pavlidis, Scott G. Hinch,<sup>2</sup> Kimberly A. Hruska,<sup>2</sup> Steven J. Cooke,<sup>6</sup> Karl K. English,<sup>7</sup> Anthony P. Farrell<sup>8</sup>

- Echantillonnage  
-> 3 groupes d'individus : mer (n=35), eau douce (n=104) et frayères (n= 23)
- Radio- télémétrie  
-> Individus capturés en mer et en eau douce et suivi de la mortalité
- Analyses transcriptomiques  
-> Puce à ADN (Microarray) de ~16000 gènes sur tous les individus

Miller et al. (2011)

# Sites d'échantillonnage et localisation des récepteurs radio-téléométriques

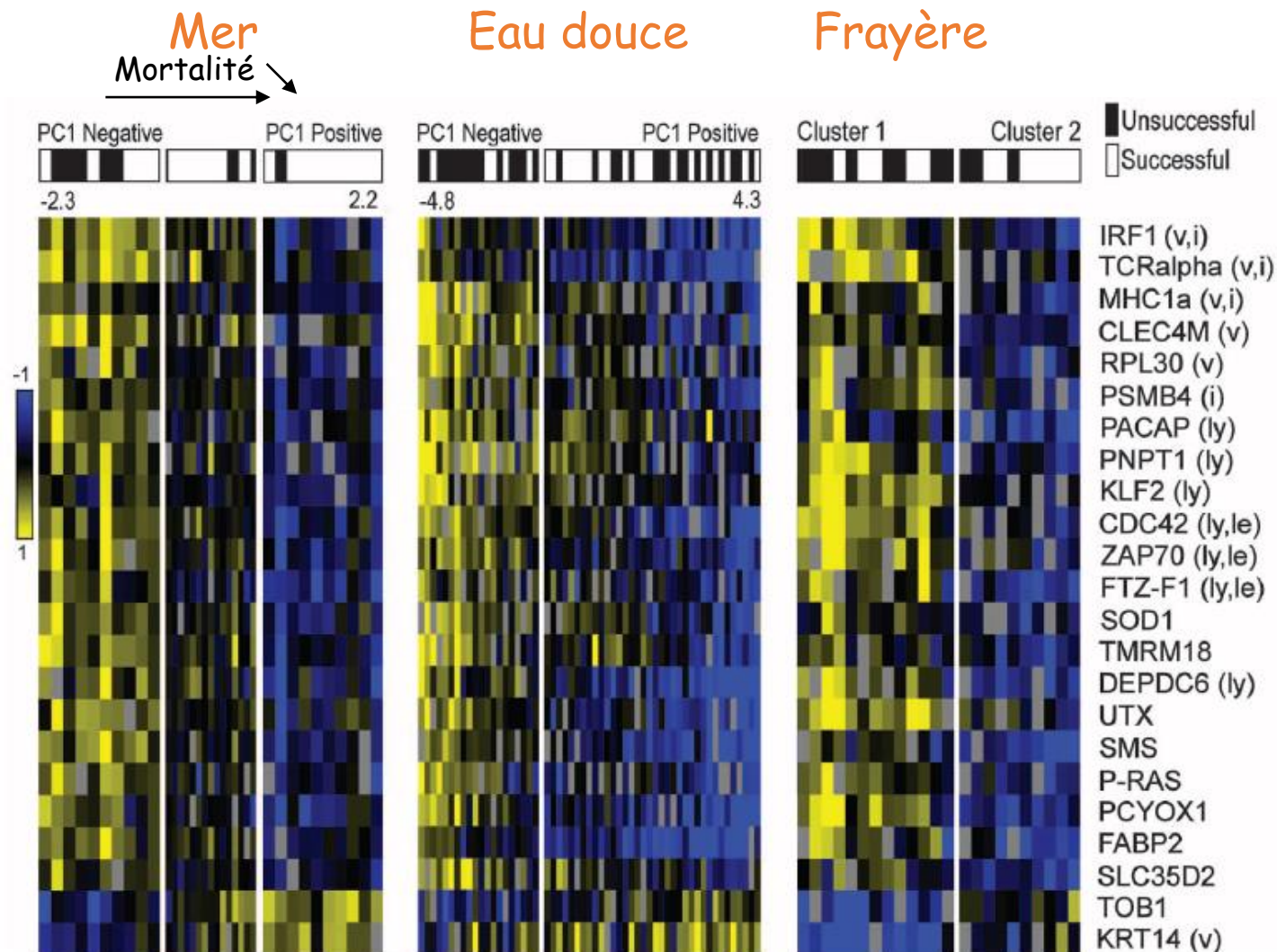


2 Sites de capture en mer et 1 en eau douce

1 Site de capture sur frayère : Weaver creek

Miller et al. (2011)

# Mortalité des individus de chaque groupe en lien avec l'expression génique

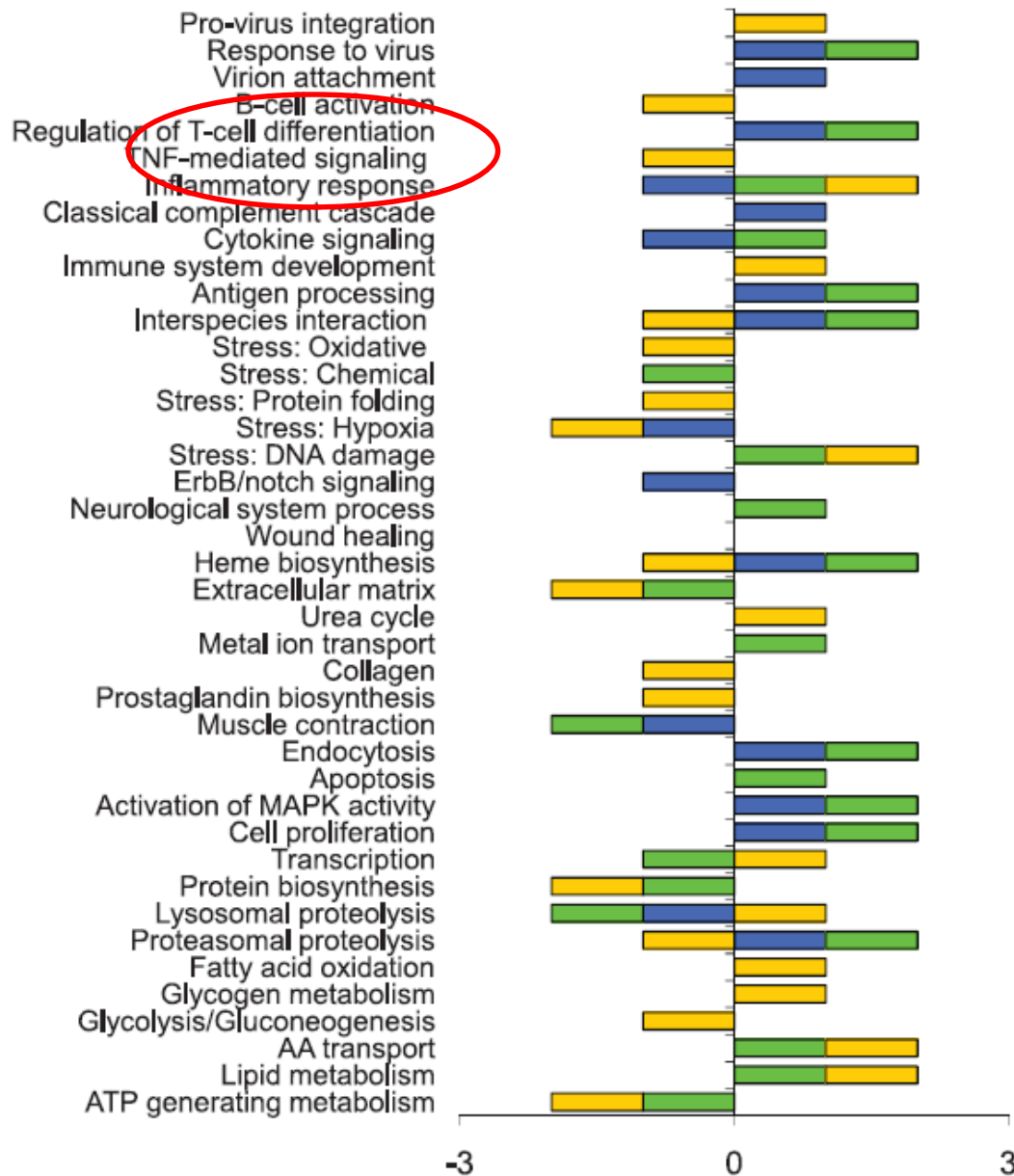


Gènes **sur-exprimés** et **sous-exprimés**

-> Analyse en composantes principales de l'expression génique : PC1 associée à forte mortalité (valeur négatives)

Miller et al. (2011)

# Identification des gènes impliqués dans la mortalité en mer, eau douce et sur les sites de frai

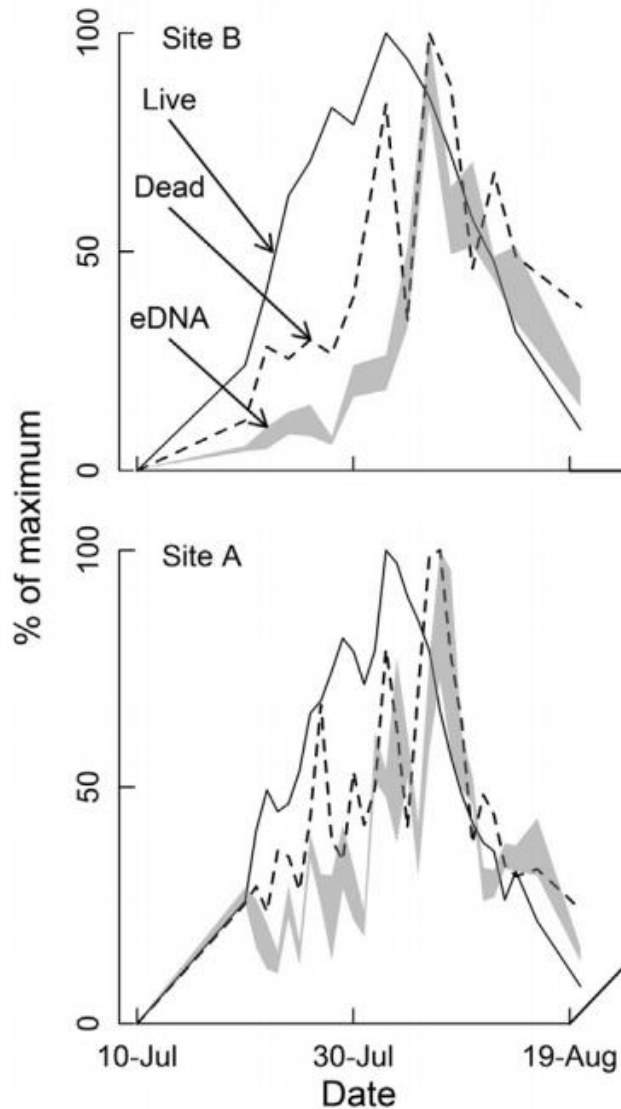


-> Mortalité due à un virus infectant les individus en mer ?

-> Signature génomique de l'infection 1 mois avant la mort et durant tout le séjour en rivière

Miller et al. (2011)

# L'ADN environnemental : l'avenir du suivi des poissons migrateurs ?



Contents lists available at [ScienceDirect](https://www.sciencedirect.com)

Biological Conservation

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/biocon](http://www.elsevier.com/locate/biocon)

Biological Conservation 220 (2018) 1–11

Concentrations of environmental DNA (eDNA) reflect spawning salmon abundance at fine spatial and temporal scales

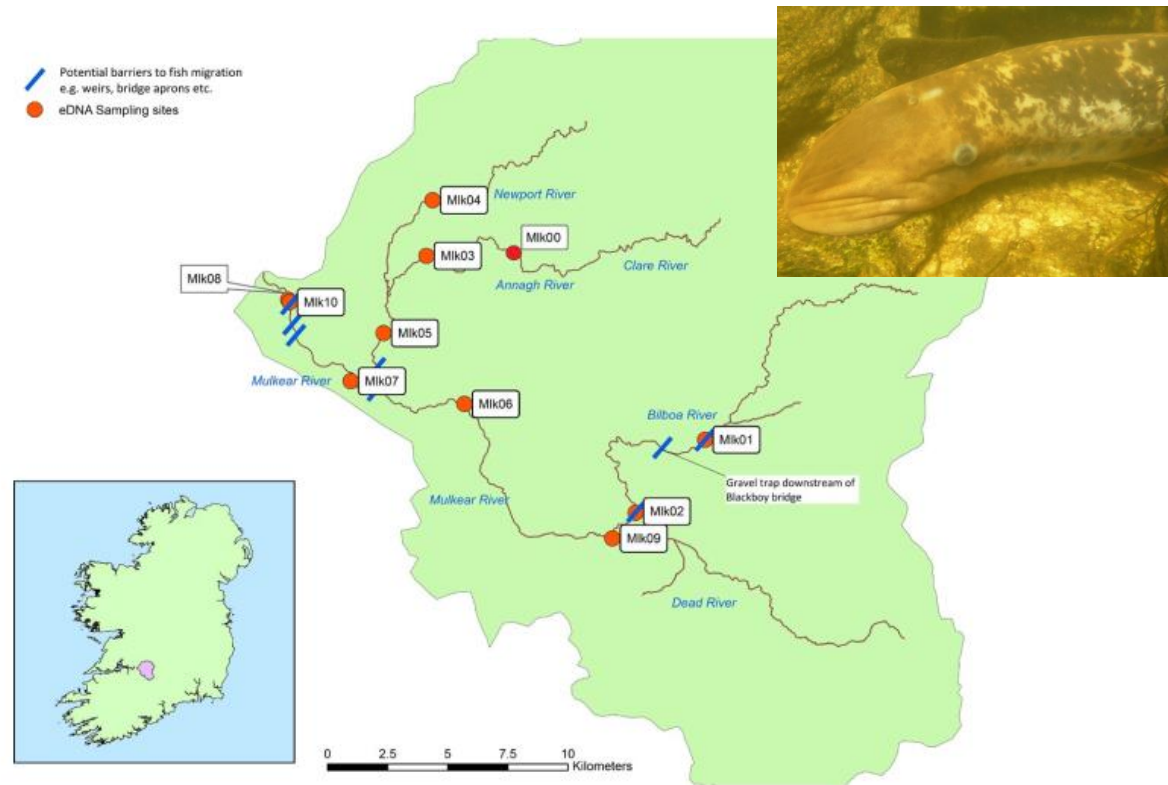
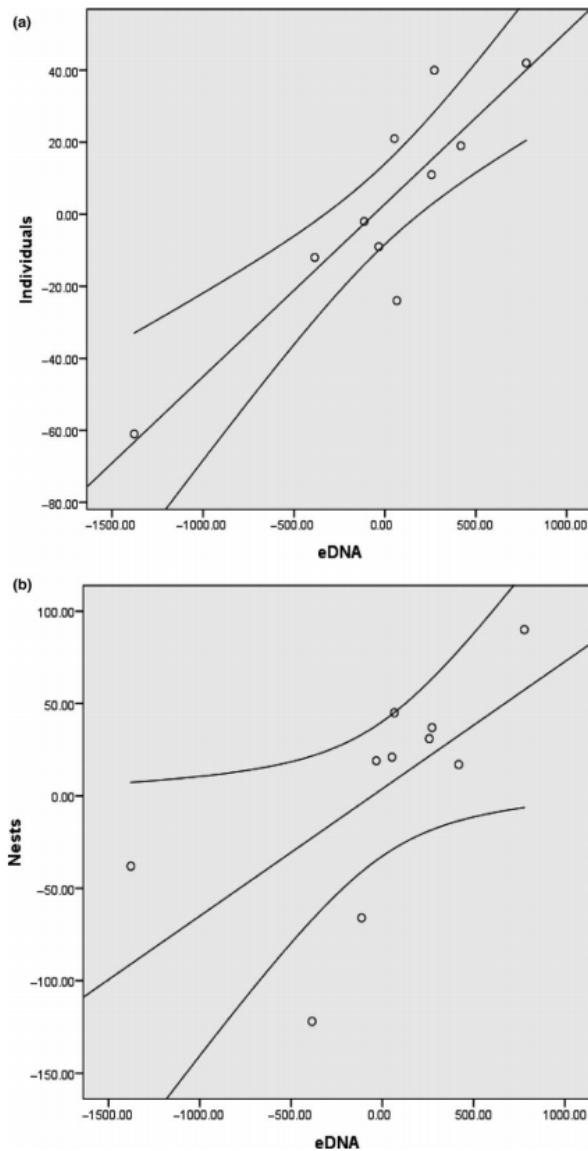
Michael D. Tillotson<sup>a,\*</sup>, Ryan P. Kelly<sup>b</sup>, Jeffrey J. Duda<sup>c</sup>, Marshal Hoy<sup>c</sup>, James Kralj<sup>b</sup>, Thomas P. Quinn<sup>a</sup>

-> Evolution parallèle de l'ADNe et de l'abondance des saumons au cours du temps





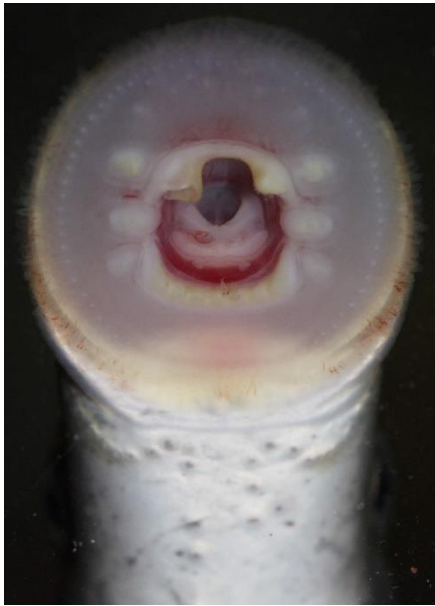
# L'ADN environnemental : l'avenir du suivi des poissons migrateurs ?



-> Corrélation positive entre concentration de l'ADNe et abondance chez la lamproie marine.

Bracken et al. (2019)

**FIGURE 5** Significant positive correlation between eDNA concentration (pg/L) and (a) counts of individuals (Pearson's  $R = 0.886$ ,  $p < 0.01$ ) and (b) nest counts (Pearson's  $R = 0.644$ ,  $p < 0.05$ ) from below Annacotty weir (Mulkear) throughout the spawning season for years 2015-2017



**Merci de votre attention**

