

Analyse de la diversité génétique du saumon atlantique de l'Allier

Guillaume Evanno et Sabrina Le Cam
INRA, UMR ESE, Rennes



Objectifs du projet (2009-2012)

- 1) Identifier l'origine (sauvage / repeuplement) des géniteurs remontant dans l'Allier
- 2) Caractériser la structure génétique spatiale et temporelle de cette population
- 3) Caractériser la diversité génétique du système immunitaire (CMH)

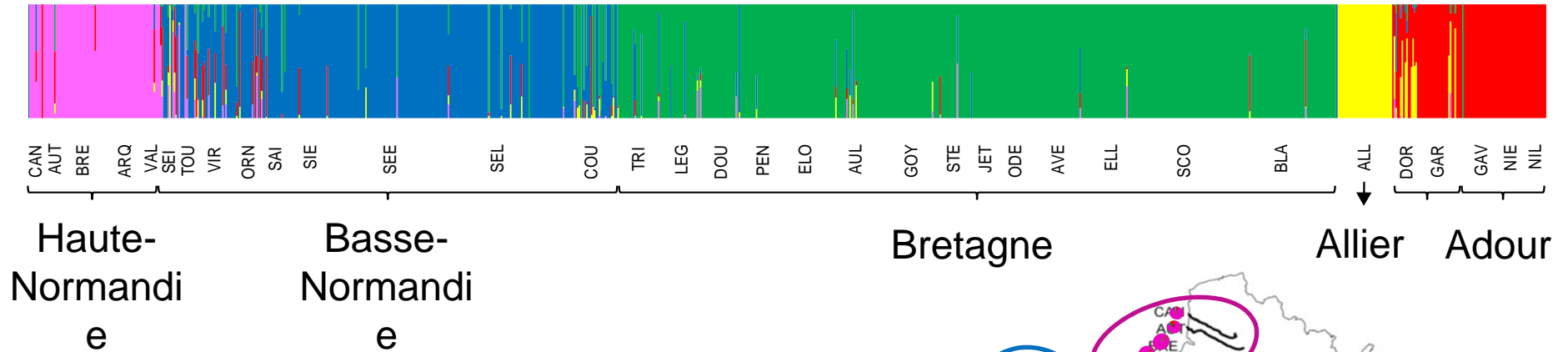


Caractère unique du saumon de l'Allier

- Isolement des sites de reproduction (>700 km de l'estuaire).
- Quasiment 100 % d'individus à long séjour marin (2-3 ans en mer).
- Phénologie de migration : 1ères arrivées en estuaire en automne (1 an avant la reproduction).
- Différenciation génétique forte avec les autres populations européennes.



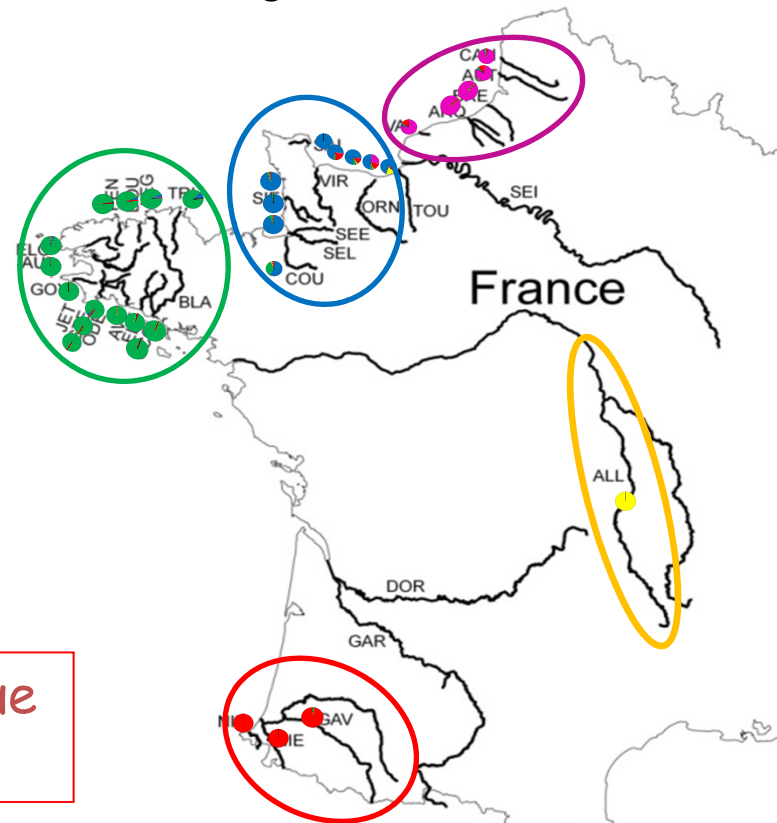
Structure génétique des populations françaises de saumon atlantique



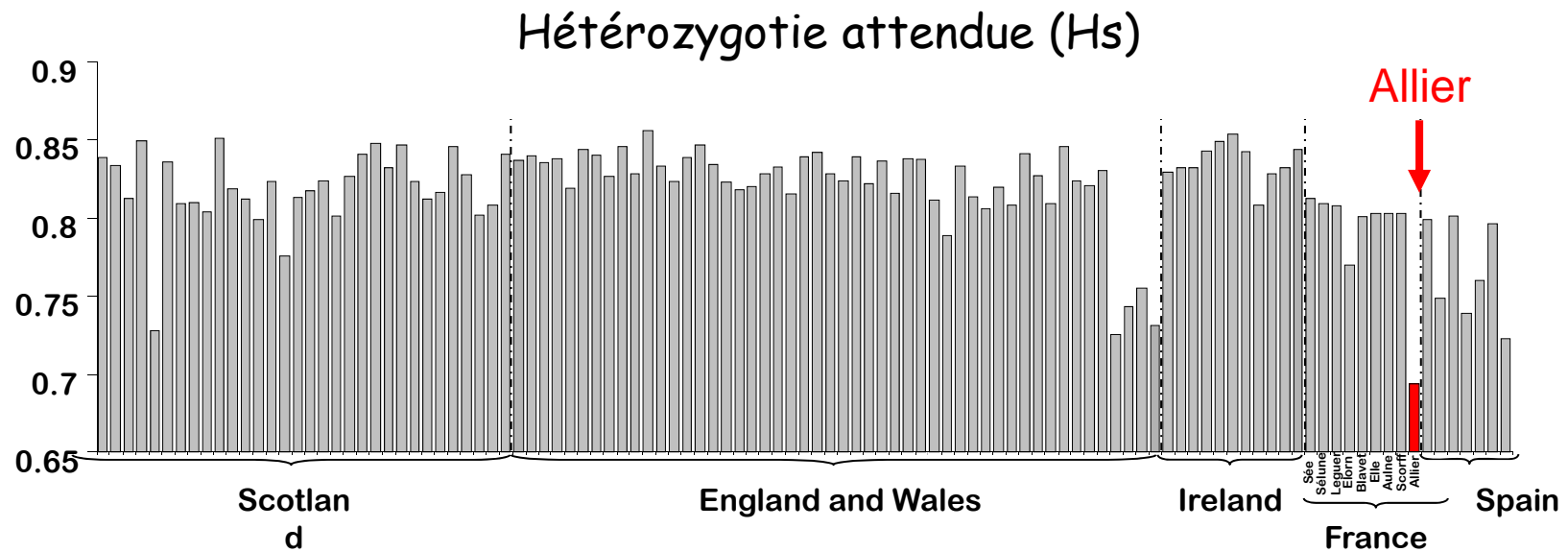
Thèse Charles Perrier (2007-2010) :

- 34 populations
- 977 individus (cohortes 1995-2005)
- Echantillons d'écaillés
- 17 marqueurs microsatellites

Structure hiérarchique en 5 groupes



Diversité génétique des populations européennes de saumon atlantique



-> Diversité relativement faible

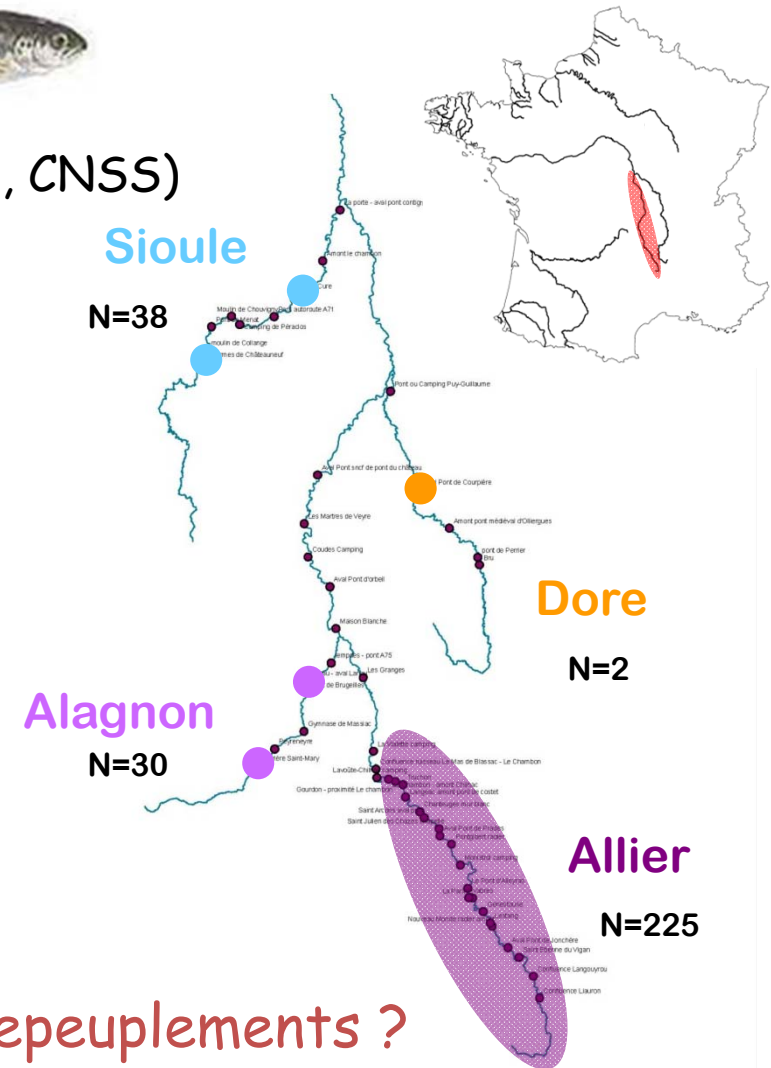
Structuration génétique spatiale des juvéniles : l'Allier *versus* ses affluents



- 30 stations non alevinées
- 295 tacons échantillonnés en 2009 (LOGRAMI, CNSS)
- Génotypage à 15 marqueurs microsatellites

Différenciation génétique (F_{st}) entre l'Allier et ses affluents :

| | Alagnon | Allier | Sioule |
|---------|---------|--------|--------|
| Alagnon | | 0,8%* | 2,15%* |
| Allier | | | 1,1%* |
| Sioule | | | |



Différenciation très faible, effet des repeuplements ?

Caractérisation de la diversité génétique du système immunitaire



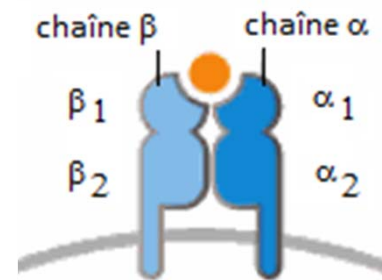
Problèmes sanitaires
observés sur les géniteurs

- Etude du gène du Complexe Majeur d'Histocompatibilité (CMH)
- -> implication dans l'adaptation locale / potentiel évolutif

Evolution de la diversité du CMH de la population de l'Allier en 30 ans ?

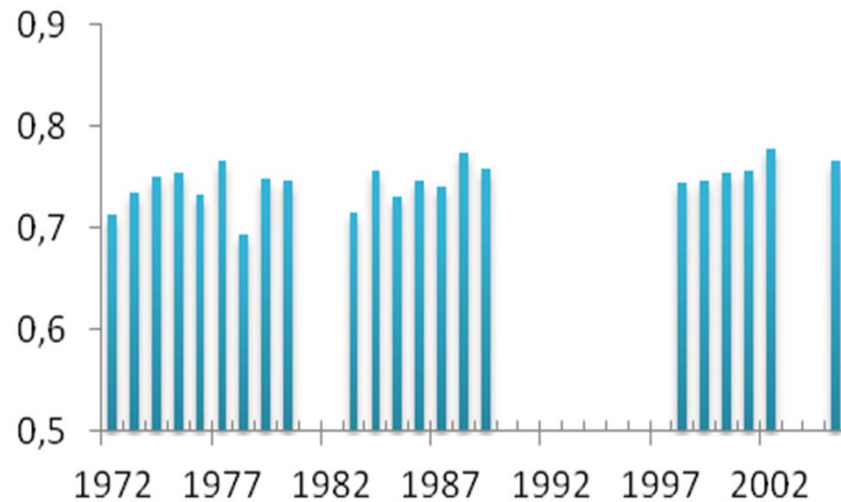
Echantillonnage et analyses moléculaires :

- 529 individus (écailles 1976-2009)
- 22 cohortes
- 15 loci microsatellites (neutres)
- Séquençage d'un locus du CMH de classe II beta (sous sélection)

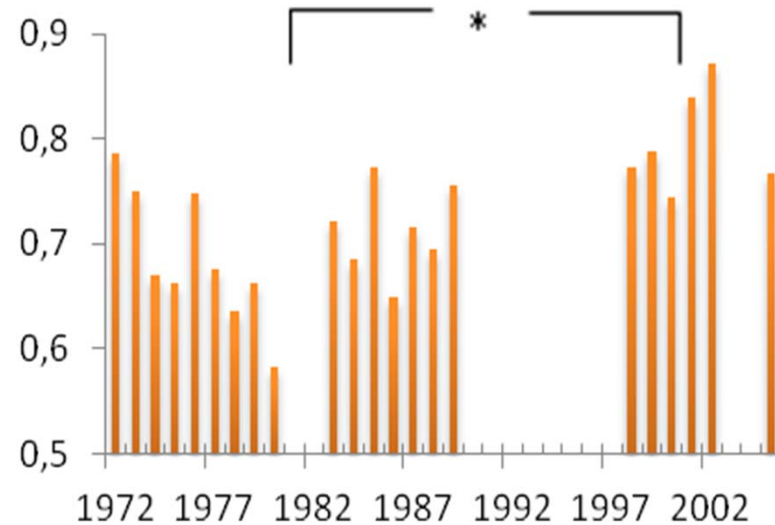


Evolution de la diversité génétique des cohortes de 1972 à 2005

Hétérozygotie (H_s)



Microsatellites
(diversité neutre)



CMH
(diversité sous sélection)

- > Stabilité de la diversité génétique neutre
- > Augmentation significative de la diversité du CMH et changement des fréquences alléliques au cours du temps.

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

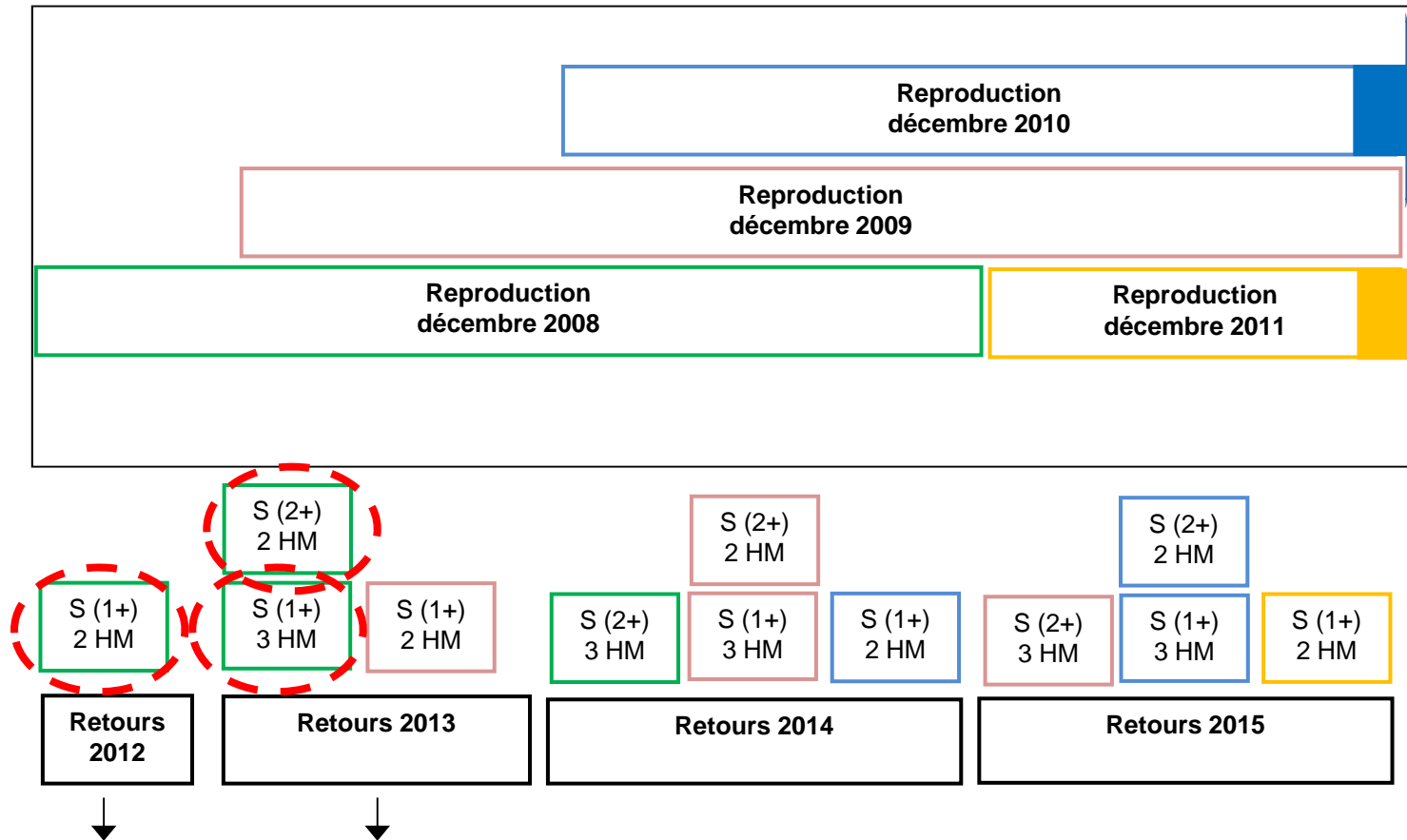
- Rempoissonnements réalisés par le CNSS
- -> smolts marqués (retours très faibles)
- -> embryons + alevins **non marqués**

Quelle est la proportion des individus issus de la pisciculture parmi les individus adultes qui remontent sur l'axe Loire / Allier ?
-> Mesure 58 Plagepomi 2009-2013

Méthodes :

-> Génotypage (15 marqueurs microsatellites) des géniteurs enfermés et sauvages utilisés en 2008 (2056 femelles et 560 mâles enf.) puis d'adultes capturés à Vichy et sur la Sioule à partir de 2012.

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



Individus « assignables » :
2012 : n = 24 sur les 93 ind. Capturés
2013 : n = 39 sur les 63 ind. Capturés

-> Nécessité de poursuivre ce programme sur plusieurs années

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

- Sur 21 Individus 1ED2EM de la cohorte 2009 échantillonnés en 2012 : 9 issus du CNSS

- > 43% (5 capturés à Vichy et 4 sur la Sioule en 2012)

- Sur 39 Individus 2ED2EM et 1ED3EM de la cohorte 2009 échantillonnés en 2013 : 15 issus du CNSS

- > 39% (résultat préliminaire à valider avec la base de croisements)

-> FAIBLE NOMBRE D'ECHANTILLONS : Nécessité de poursuivre ce programme sur plusieurs années, analyses en cours des 2ED3EM de la cohorte 2009 capturés en 2014 et si possible analyse de la cohorte 2010.

Résumé et conclusions

- Diversité génétique neutre relativement faible mais temporellement stable de la population.
- Changements temporels de fréquences alléliques au CMH potentiellement dus à des variations dans la communauté de pathogènes et / ou au repeuplement.
- Proportion significative d'individus issus des repeuplements parmi les géniteurs ayant une nageoire adipeuse intacte mais nombre d'échantillons faible : Nécessité d'un suivi pluriannuel pour confirmer cette tendance.
-> L'utilisation uniquement de géniteurs sauvages pour les déversements sur l'Allier apporterait un double bénéfice : 1) pour la population, 2) pour la gestion (meilleure efficacité d'assignation).

Remerciements

- Les financeurs



- Les partenaires gestionnaires

