

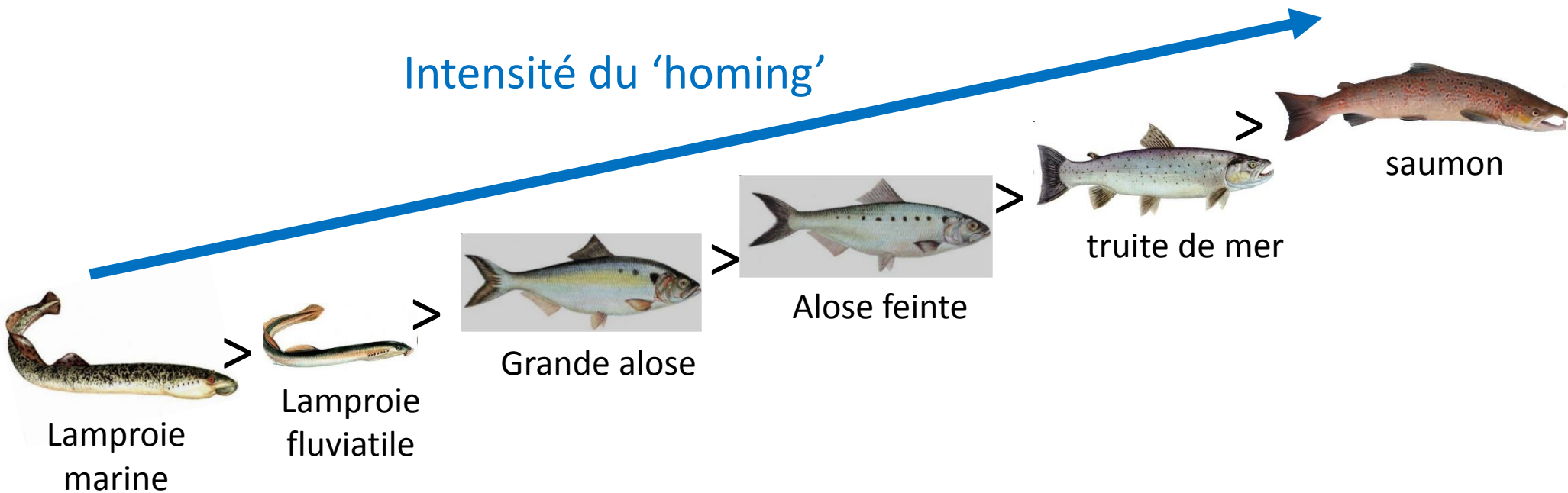
Apport de la génétique pour l'étude des métapopulations de poissons migrateurs

Guillaume EVANNO et Erwan QUEMERE

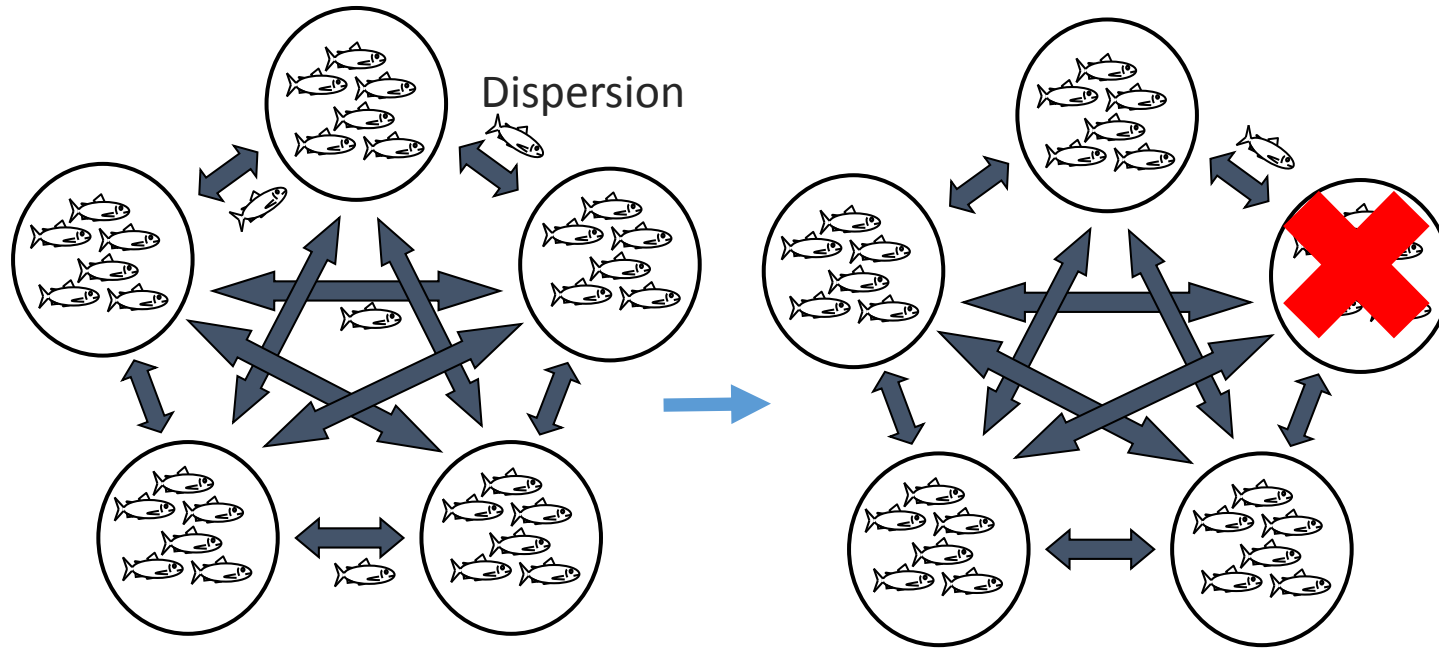


Métapopulation : ensemble de populations connectées par de la dispersion

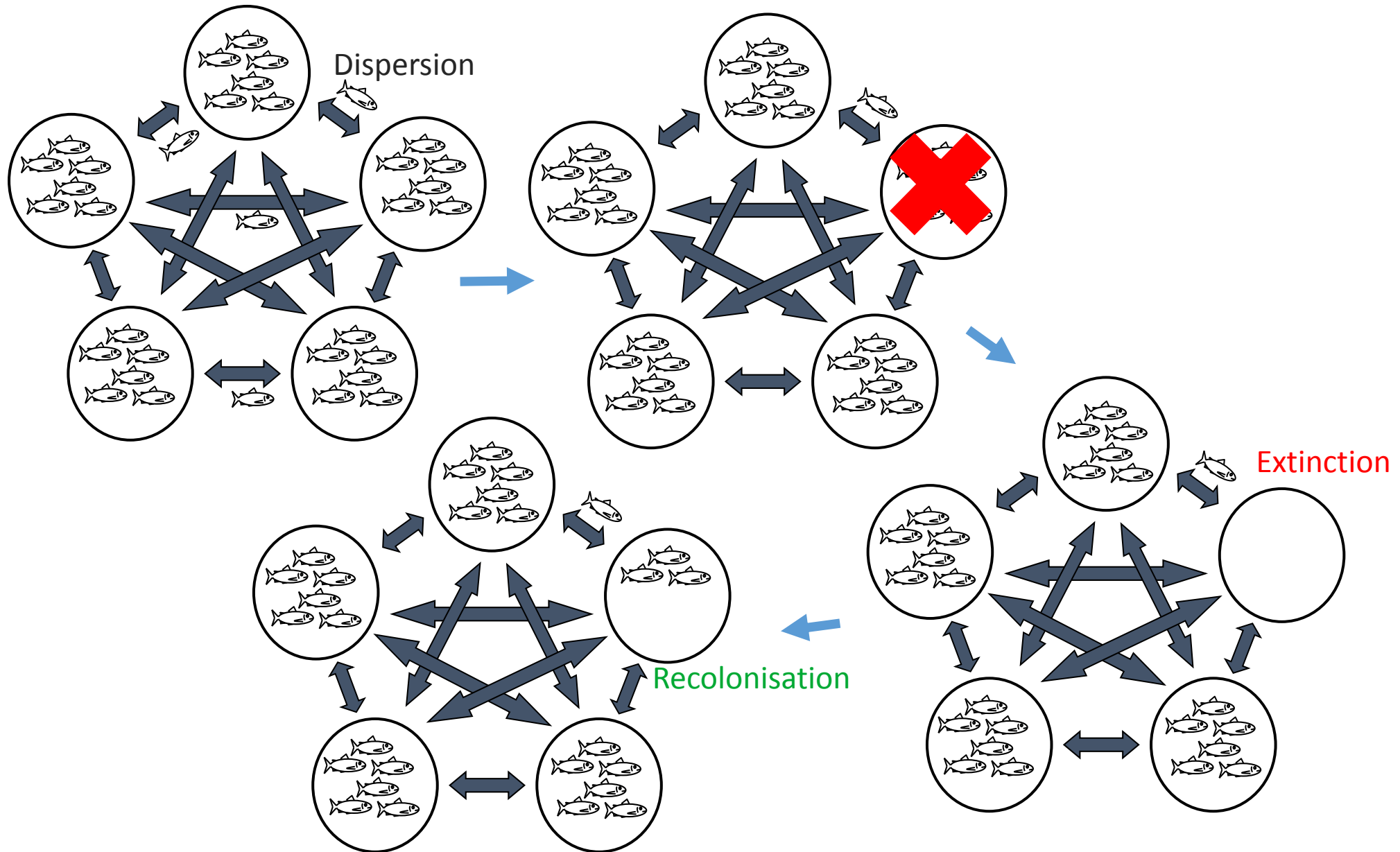
- ▶ Dispersion : reproduction d'un individu dans une population distincte de sa population natale
- ▶ Chez les poissons migrateurs anadromes : importance du 'homing' ou retour à la rivière natale
→ intensité du 'homing' inversement proportionnelle à celle de la dispersion



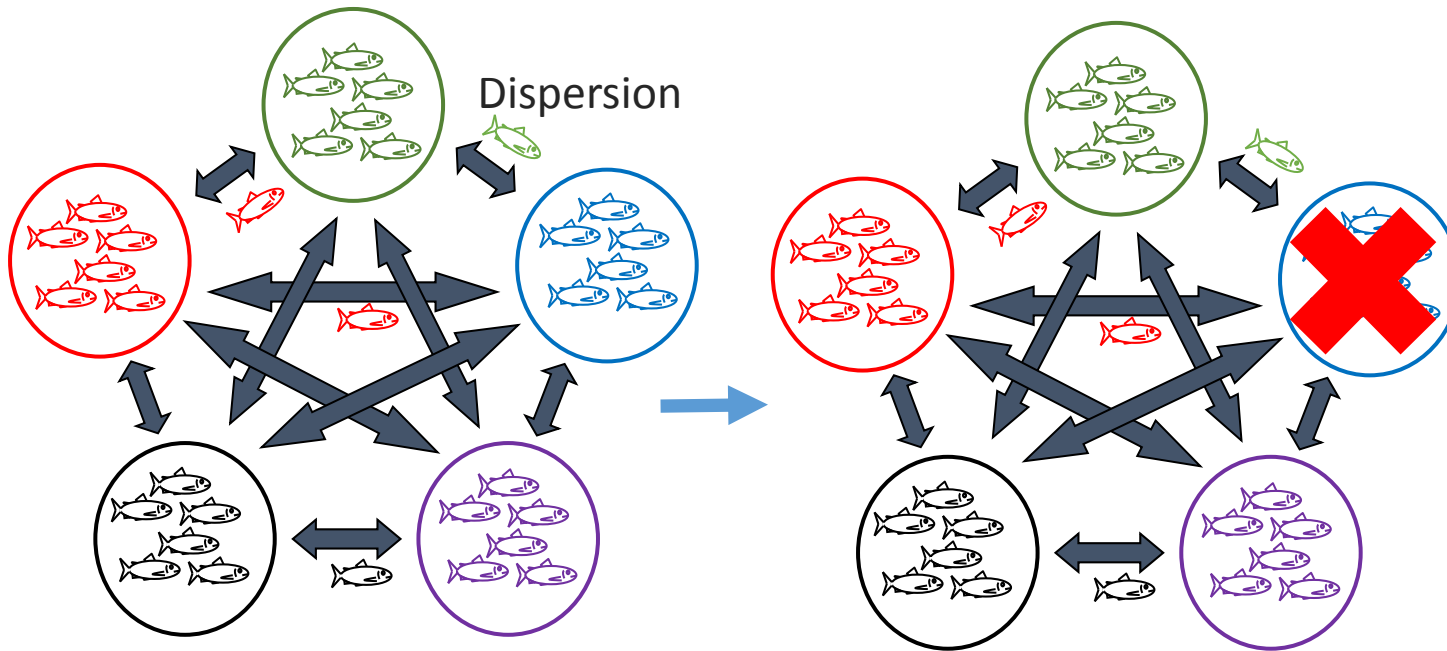
Métopopulations : dynamique d'extinction et de recolonisation



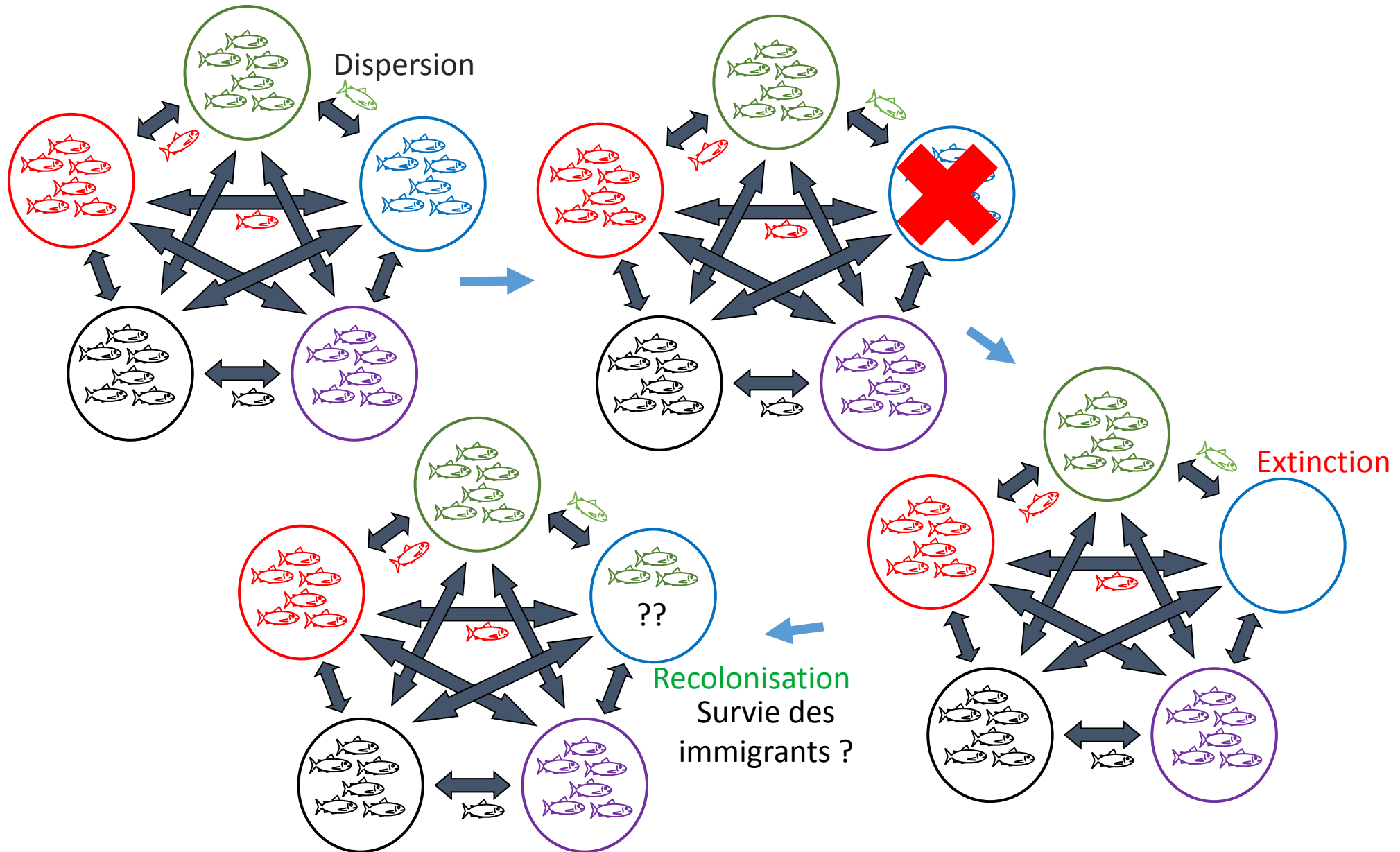
Métapopulations : dynamique d'extinction et de recolonisation



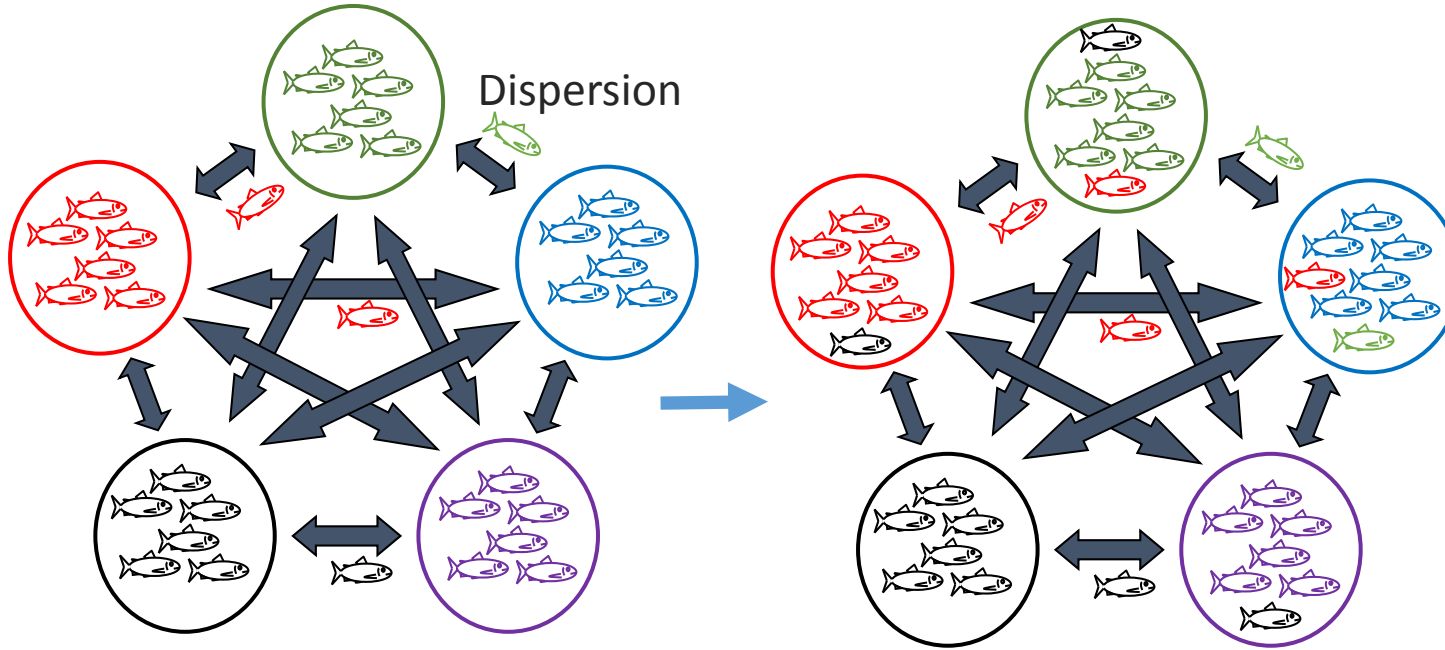
Métapopulations et adaptation locale



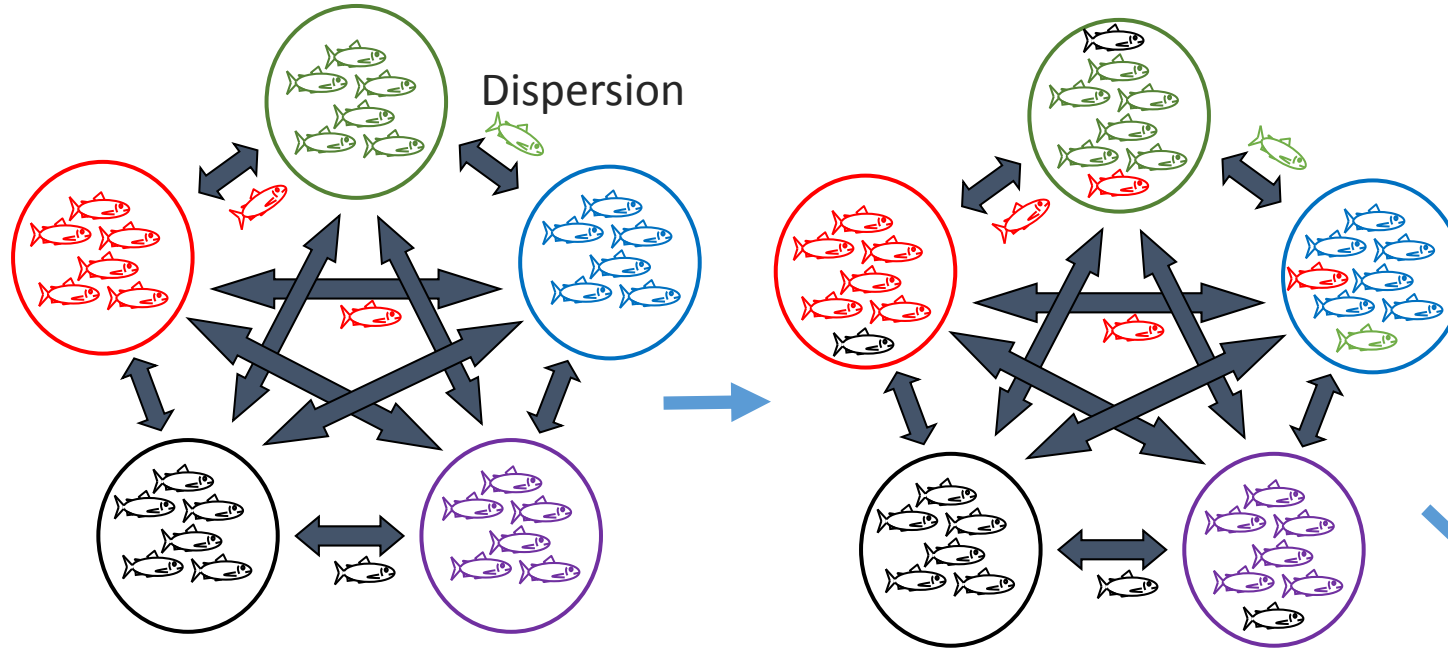
Métapopulations et adaptation locale



Métapopulations : équilibre entre dispersion et adaptation locale



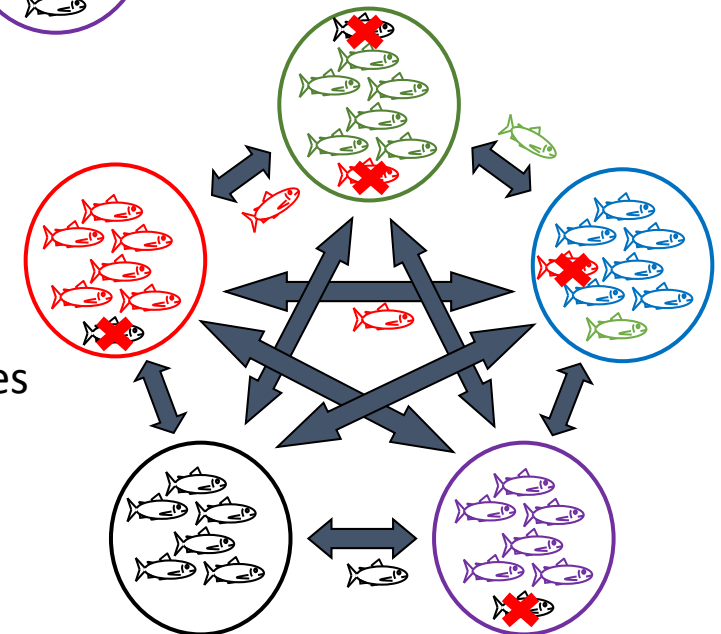
Métapopulations : équilibre entre dispersion et adaptation locale



Si environnement hétérogène et adaptation locale :

Survie et succès reproducteur des immigrants < individus locaux
MAIS

Si environnement changeant : apport de nouveaux variants par les immigrants qui peuvent être bénéfiques à la population locale

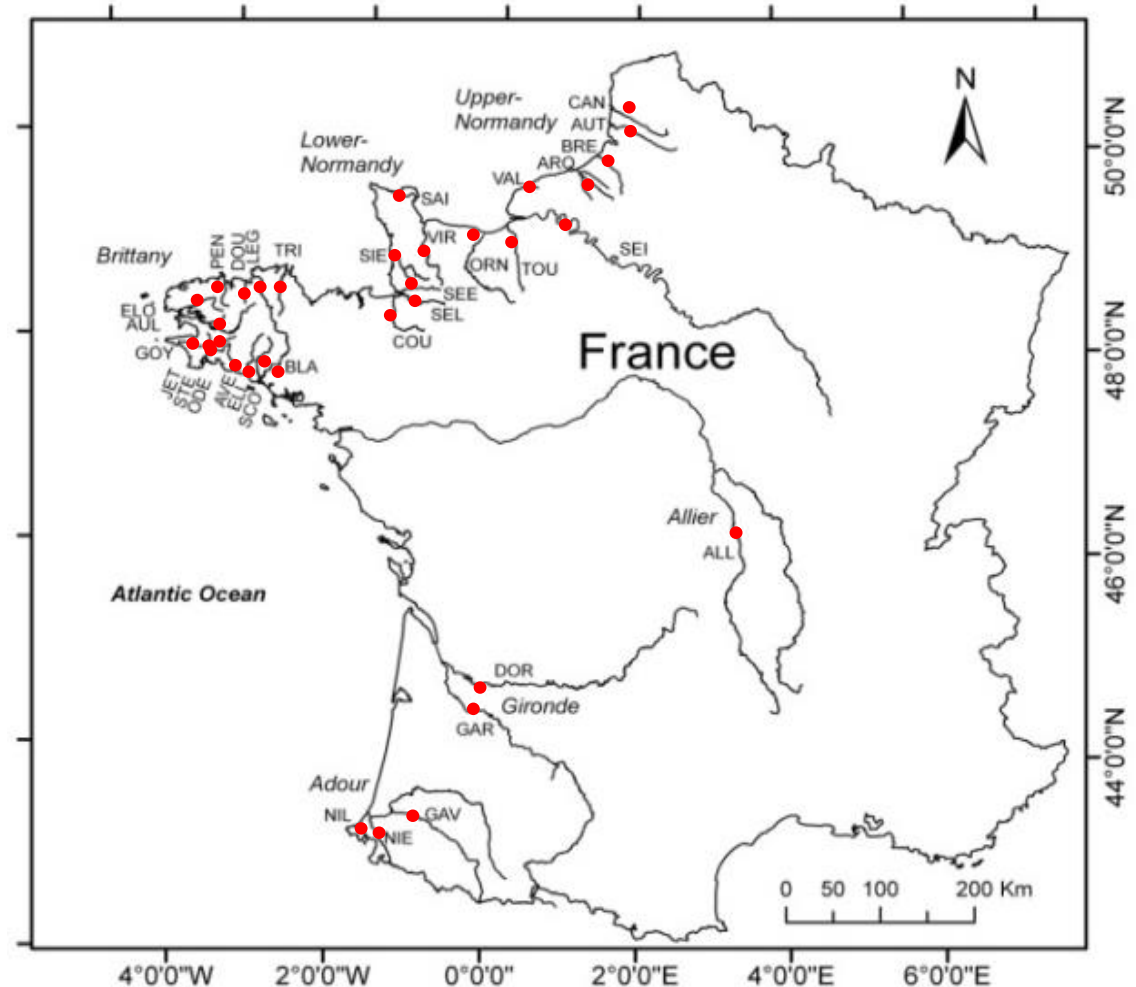


Cas du saumon : une métapopulation de métapopulations ?

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

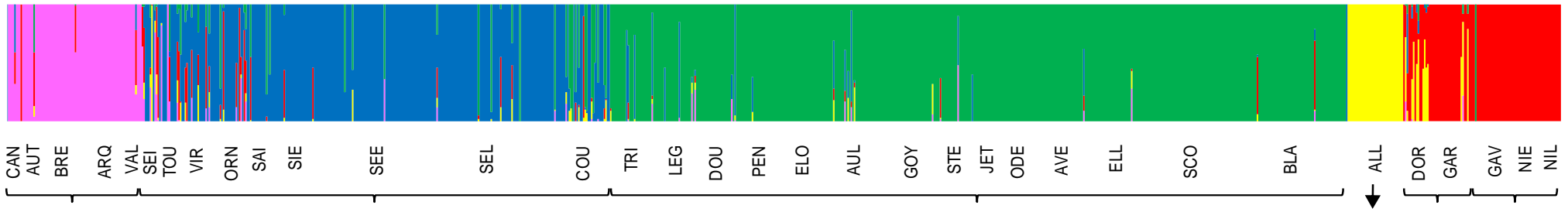


Charles Perrier
(Thèse 2007-2010)



Perrier et al. (2011)

Cas du saumon : une métapopulation de métapopulations ?

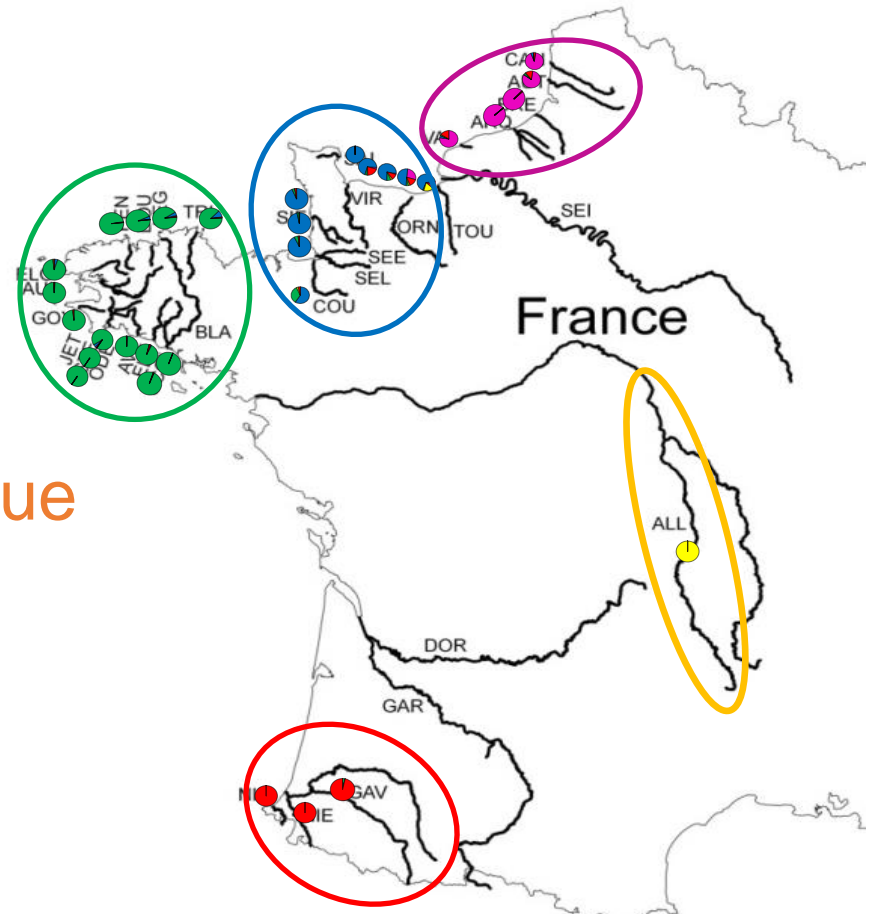


Haute-Normandie

Basse-Normandie

Bretagne

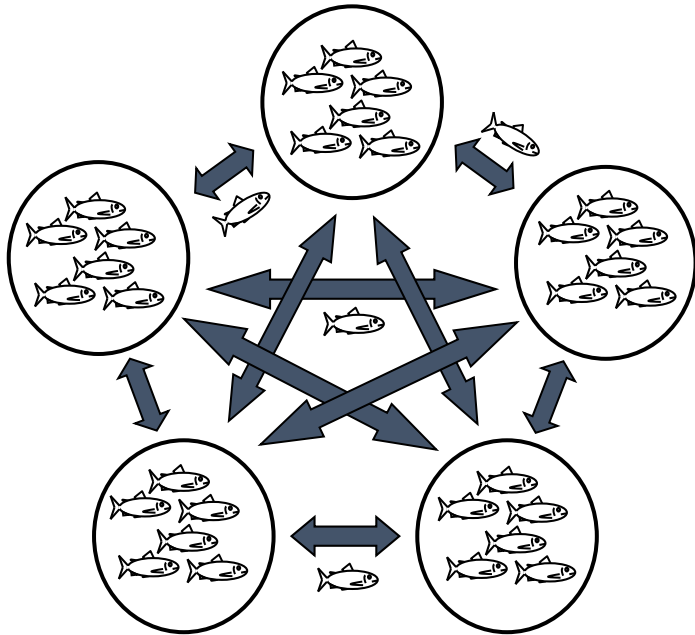
Allier Adour



Structure hiérarchique en 5 groupes

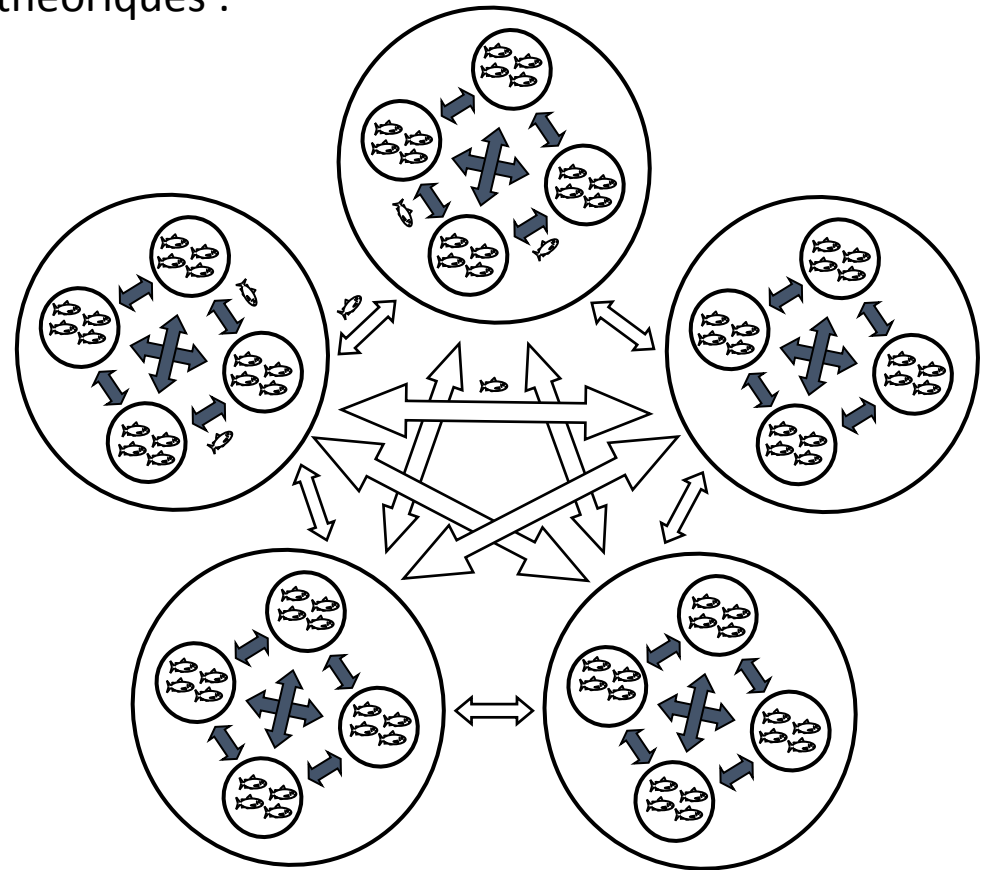
Cas du saumon : une métapopulation de métapopulations ?

Quelques Exemples théoriques :



Modèle en îles :

Métapopulation avec 5 populations



Modèle en îles hiérarchique :

5 Métapopulations avec 4 populations

-> Dispersion **au sein** des métapopulations > dispersion **entre** les métapopulations

Mesure de la dispersion à une échelle locale : projet OriGene

784 ind. (adultes et juvéniles), 18 populations, 60K SNPs



E. Egal



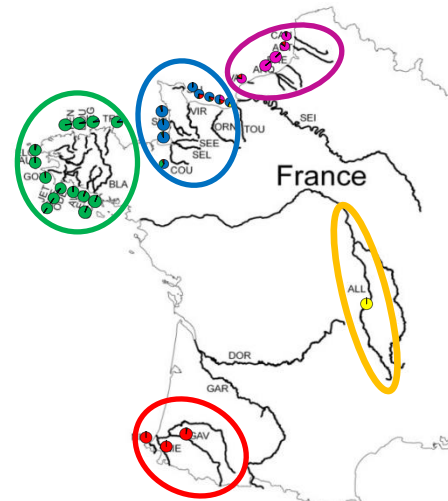
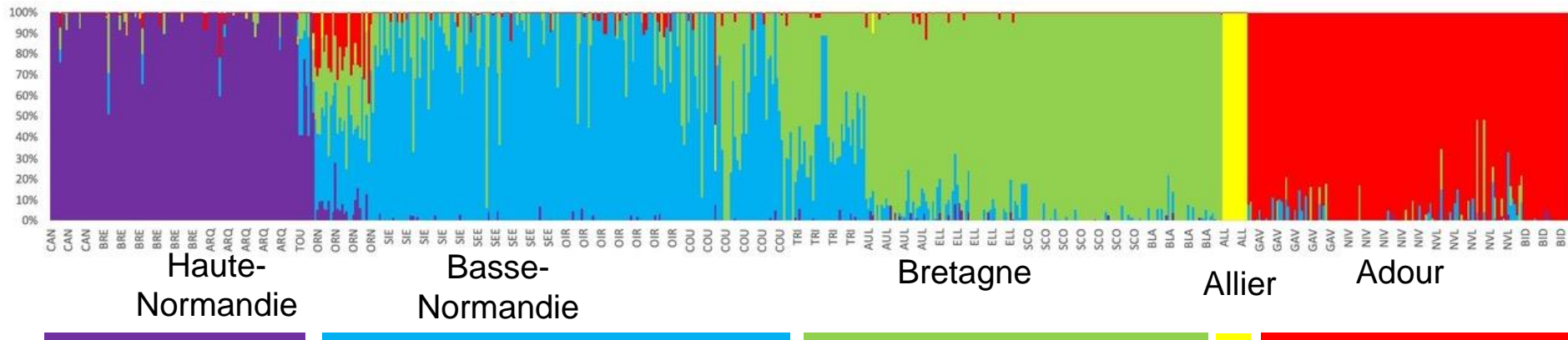
G. Evanno



M. Buoro

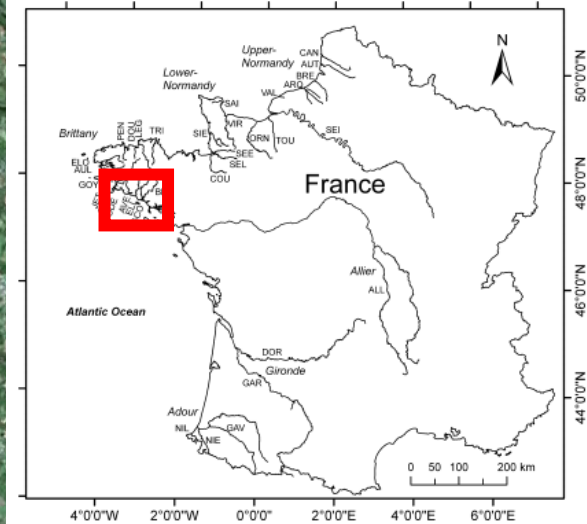


C. Perrier



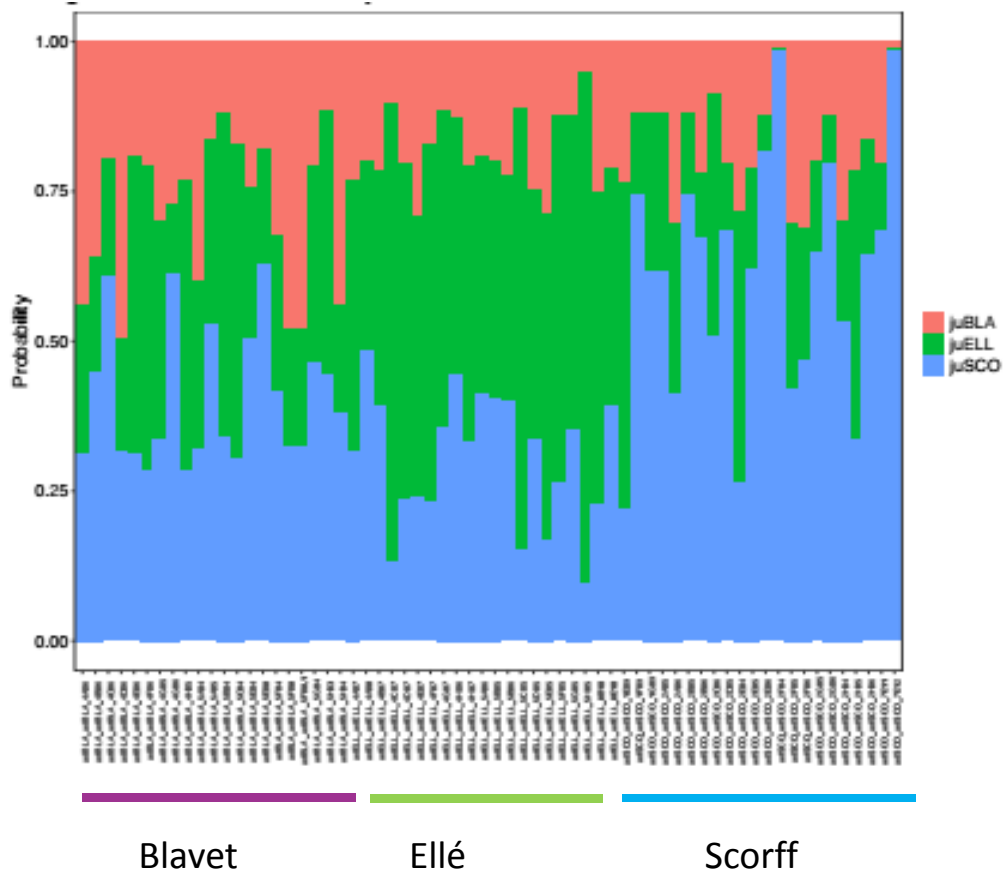
Mesure de la dispersion à une échelle locale : projet OriGene

Cas des échanges entre Ellé, Scorff et Blavet

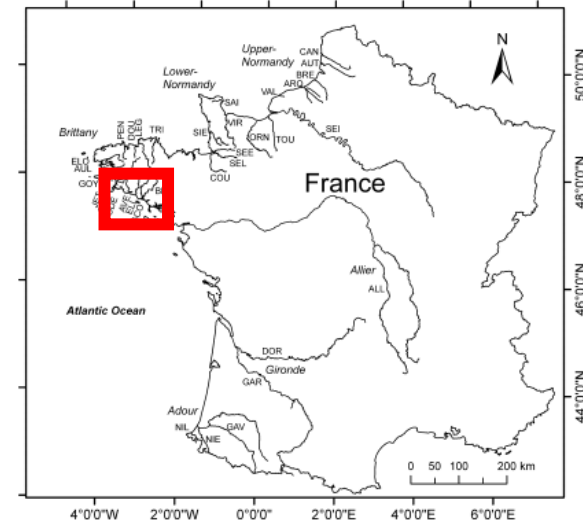


Mesure de la dispersion à une échelle locale : projet OriGene

Assignation d'échantillons adultes à des groupes d'échantillons juvéniles



$F_{st} = 0.005 - 0.007$



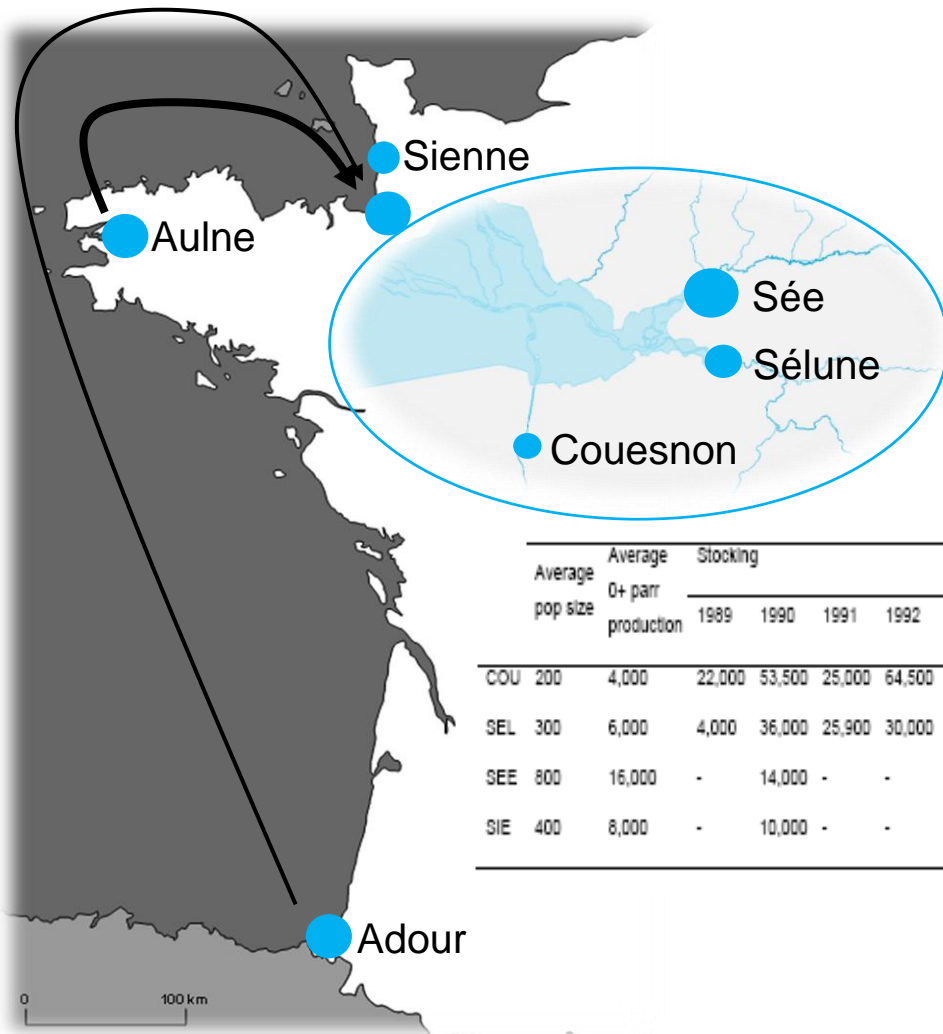
Discrimination des individus du Scorff et de l'Ellé, mais pas de ceux du Blavet : dynamique source/puits ?

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

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 D+ 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	50,267	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	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

METHODES

Données observées

- 545 échantillons d'écaillés (Couesnon, Sélune, Sée, Sienne, Aulne, Adour,) sur 2 périodes : 1969-1987 et 2002-2003
- Génotypage à 17 marqueurs microsatellites
- Structure génétique entre les populations repeuplées et celles utilisées comme sources de repeuplement
- Taux d'hybridation (admixture) entre populations sauvages et introduites

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

METHODES

Données observées

- 545 échantillons d'écailles (Couesnon, Sélune, Sée, Sienne, Aulne, Adour,) sur 2 périodes : 1969-1987 et 2002-2003
- Génotypage à 17 marqueurs microsatellites
- Structure génétique entre les populations repeuplées et celles utilisées comme sources de repeuplement
- Taux d'hybridation (admixture) entre populations sauvages et introduites

Données simulées

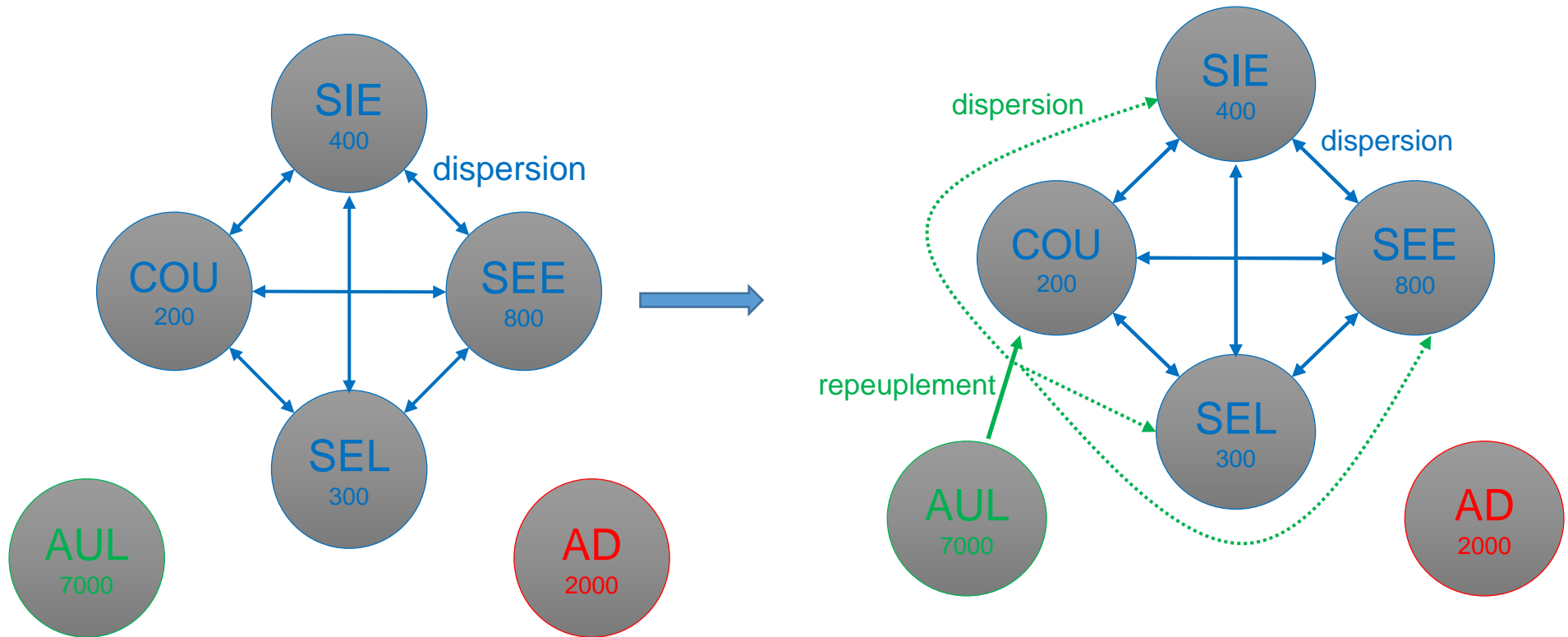
- Simulations individus centrées (NEMO, Guillaume & Rougemont 2006) des 4 populations sauvages et des 2 introduites.
- Variation des taux de survie et de dispersion
- Structure génétique et introgression (F_{st} & admixture)

Comparaison données observées et simulées

- Détermination des paramètres de survie et dispersion les plus probables

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

METHODES : simulations



Pas de repeuplement

exemple de repeuplement
du Couesnon avec l'Aulne

Dispersion 'artificielle': le cas des repeuplements

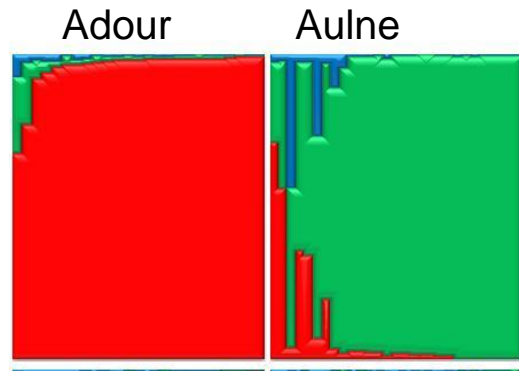
METHODES : simulations

Scenario	Appariement	Taux de survie introduits/sauvage	Dispersion inds sauvages	Dispersion inds introduits
A1		1	0.06	0.06
A2		1	0.06	0.15
A3		1	0.15	0.15
A4		1	0.15	0.24
B1		0.1	0.06	0.06
B2		0.1	0.06	0.15
B3		0.1	0.15	0.15
B4		0.1	0.15	0.24
C1	Monogamie	0.05	0.06	0.06
C2		0.05	0.06	0.15
C3		0.05	0.15	0.15
C4		0.05	0.15	0.24
D1		0.01	0.06	0.06
D2		0.01	0.06	0.15
D3		0.01	0.15	0.15
D4		0.01	0.15	0.24
E1	Polyandrie 20%	0.05	0.15	0.15
E2	Polyandrie 50%	0.05	0.15	0.15

Dispersion 'artificielle': le cas des repeuplements

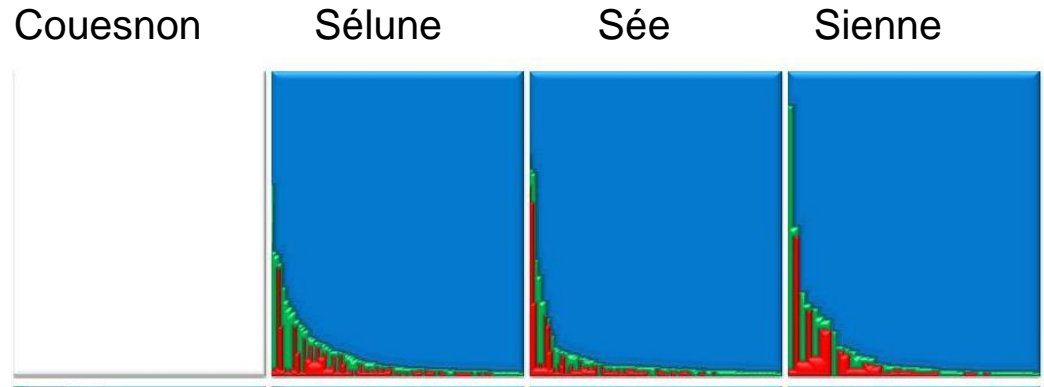
RESULTATS : données observées

Souches de repeuplement



Passé

Populations naturelles



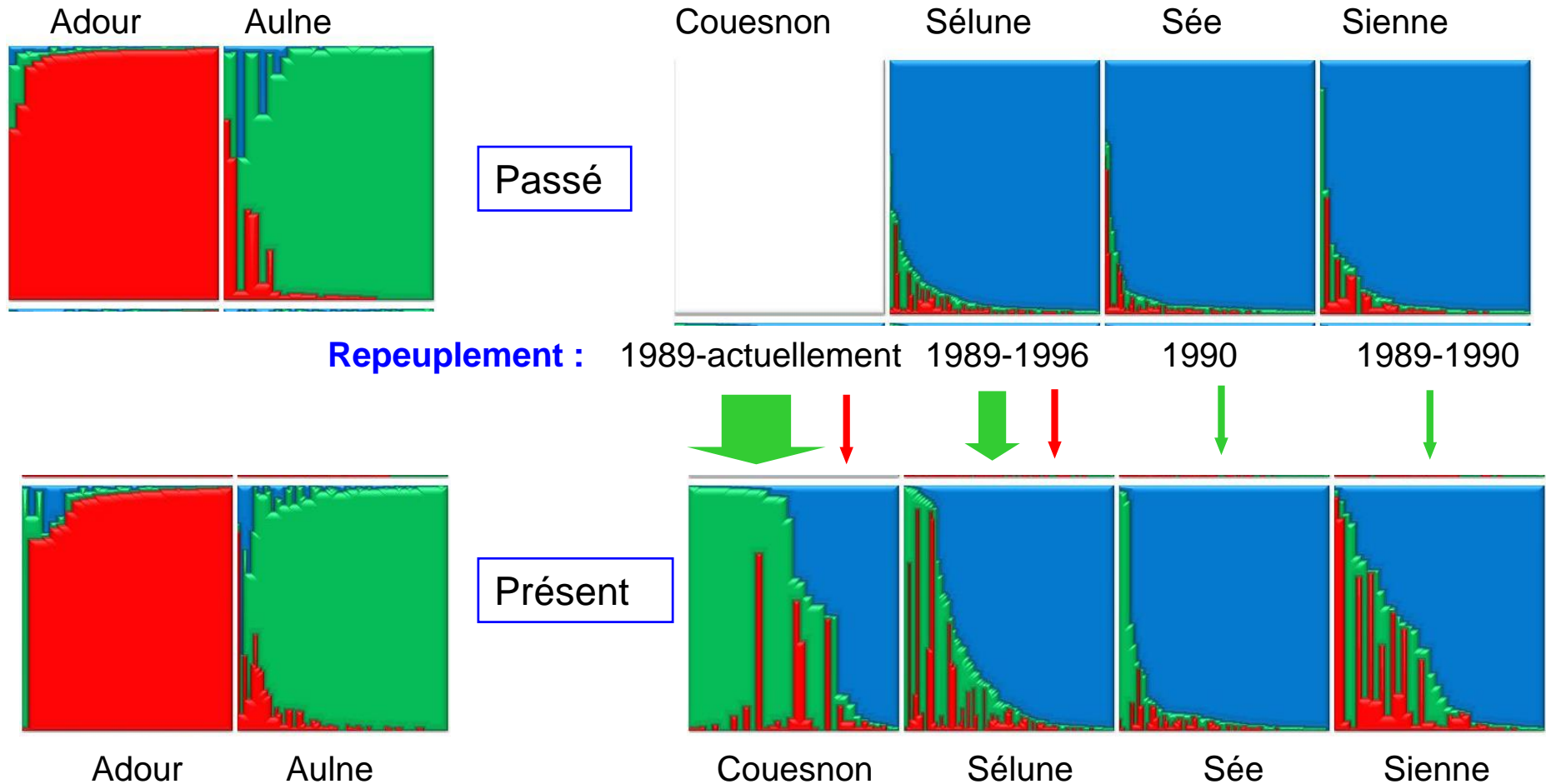
Repeuplement : 1989-actuellement 1989-1996 1990 1989-1990

Dispersion 'artificielle': le cas des repeuplements

RESULTATS : données observées

Souches de repeuplement

Populations naturelles

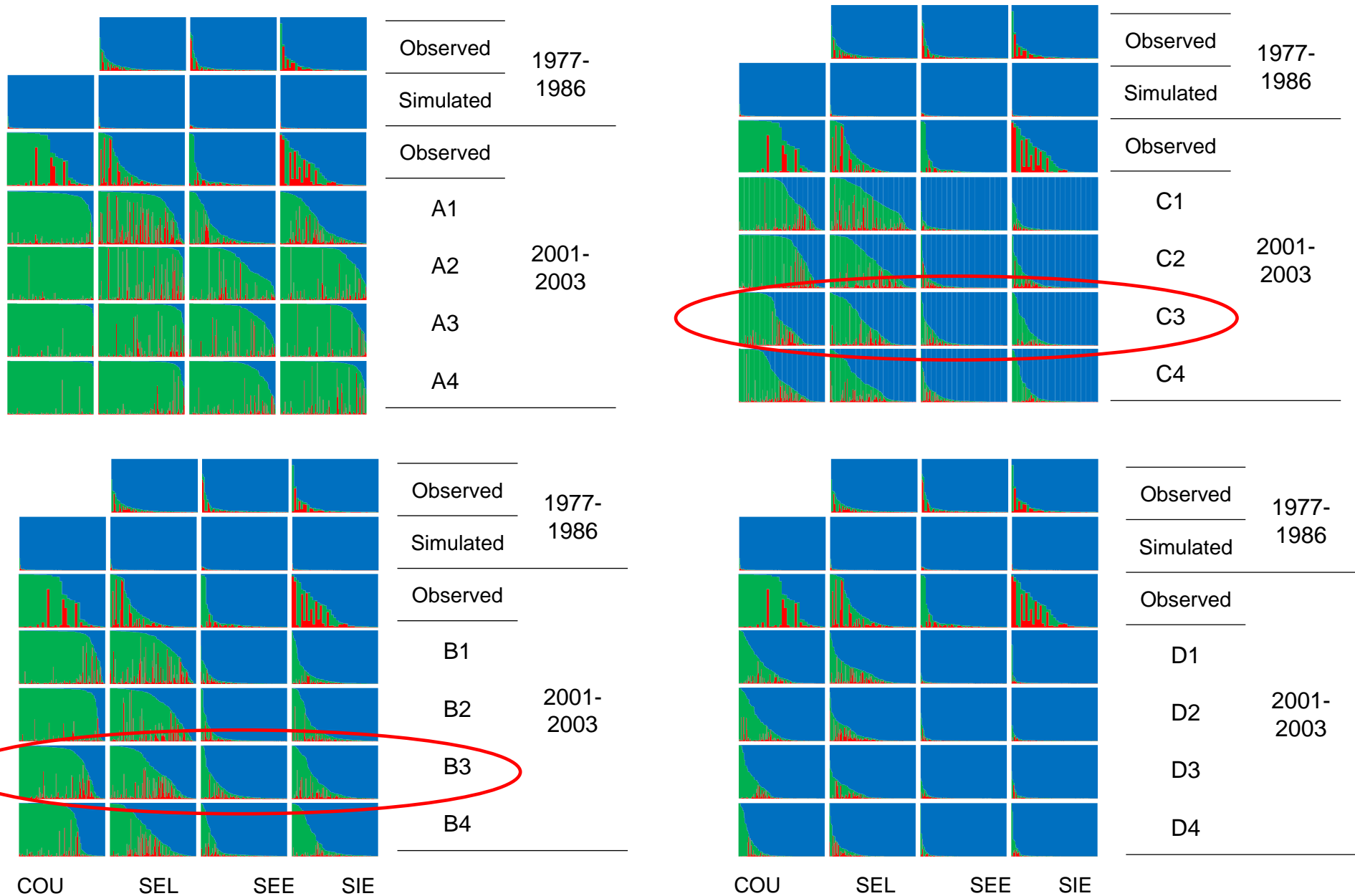


Taux d'admixture
(total = 0,25) :

AULNE	0,53	0,20	0,09	0,16
ADOUR	0,07	0,08	0,03	0,14

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

RESULTATS : comparaison des données réelles et simulées



Perrier et al. 2013

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

Scenario	Appariement	Taux de survie introduits/sauvage	Dispersion inds sauvages	Dispersion inds introduits
A1		1	0.06	0.06
A2		1	0.06	0.15
A3		1	0.15	0.15
A4		1	0.15	0.24
B1		0.1	0.06	0.06
B2		0.1	0.06	0.15
B3		0.1	0.15	0.15
B4		0.1	0.15	0.24
C1	Monogamie	0.05	0.06	0.06
C2		0.05	0.06	0.15
C3		0.05	0.15	0.15
C4		0.05	0.15	0.24
D1		0.01	0.06	0.06
D2		0.01	0.06	0.15
D3		0.01	0.15	0.15
D4		0.01	0.15	0.24
E1	Polyandrie 20%	0.05	0.15	0.15
E2	Polyandrie 50%	0.05	0.15	0.15

Dispersion 'artificielle' : le cas des repeuplements

- Quelques conclusions sur les effets des repeuplements sur la distribution de la diversité génétique au sein et entre les populations françaises de saumon :
 - > diminution de la différenciation entre populations
 - > introgression / hybridation importante dans certaines populations
 - > survie des individus introduits < individus sauvages (x 10-20) et forte dispersion à l'échelle locale des individus introduits (mais à un niveau similaire aux inds sauvages)



Métapopulations et hybridation : le cas des aloses

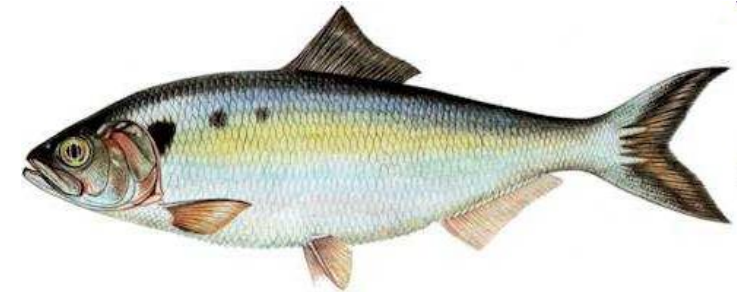
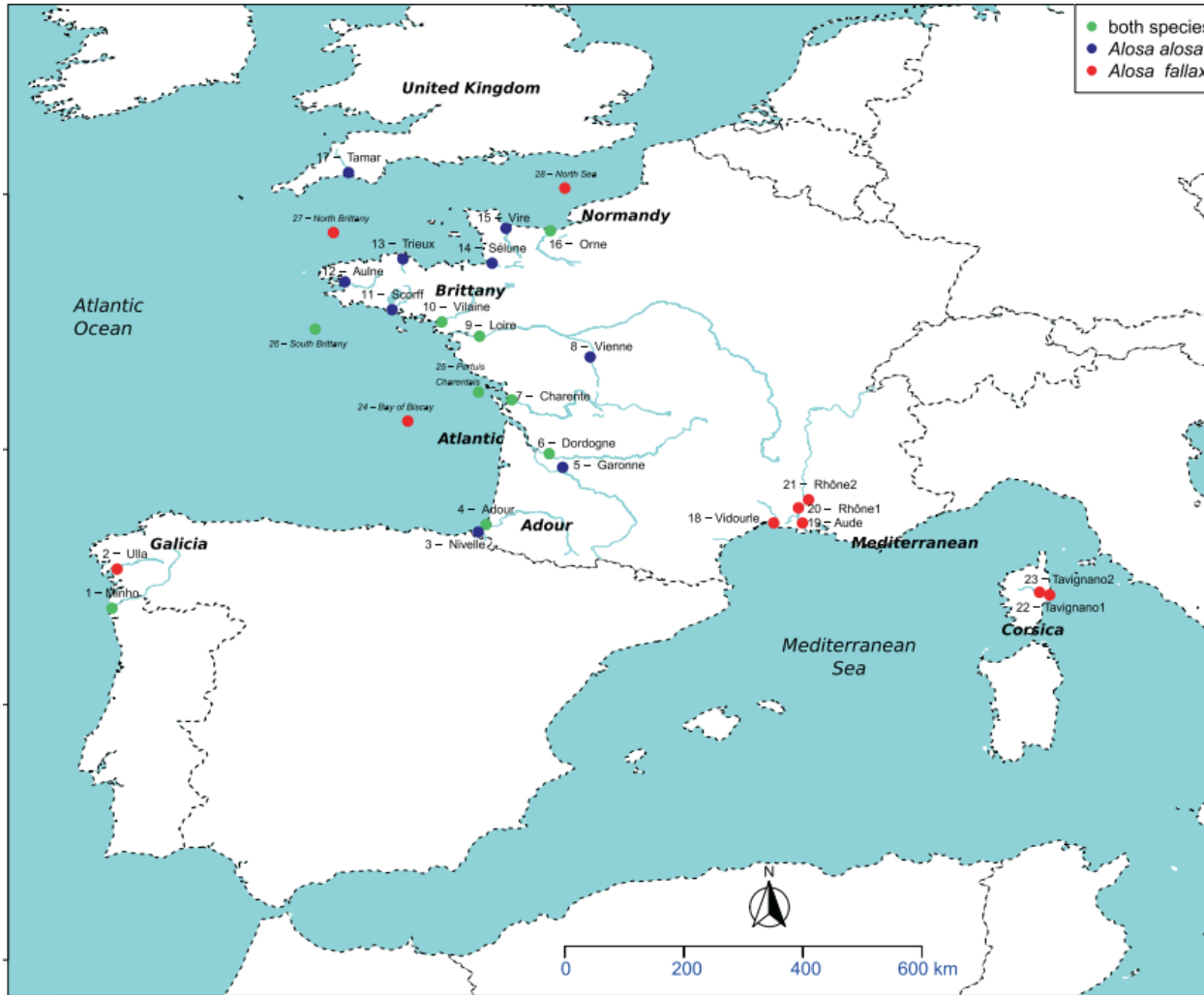
706 individus, 20 populations, 5 sites en mer, 13 microsattellites



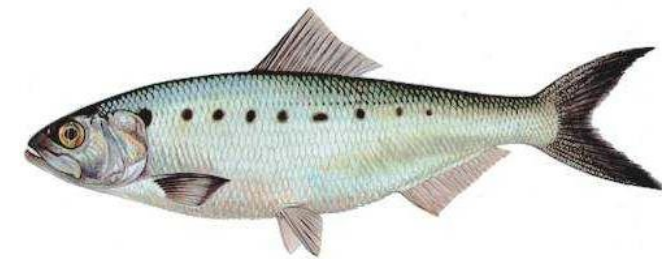
Q. Rougemont



S. Launey



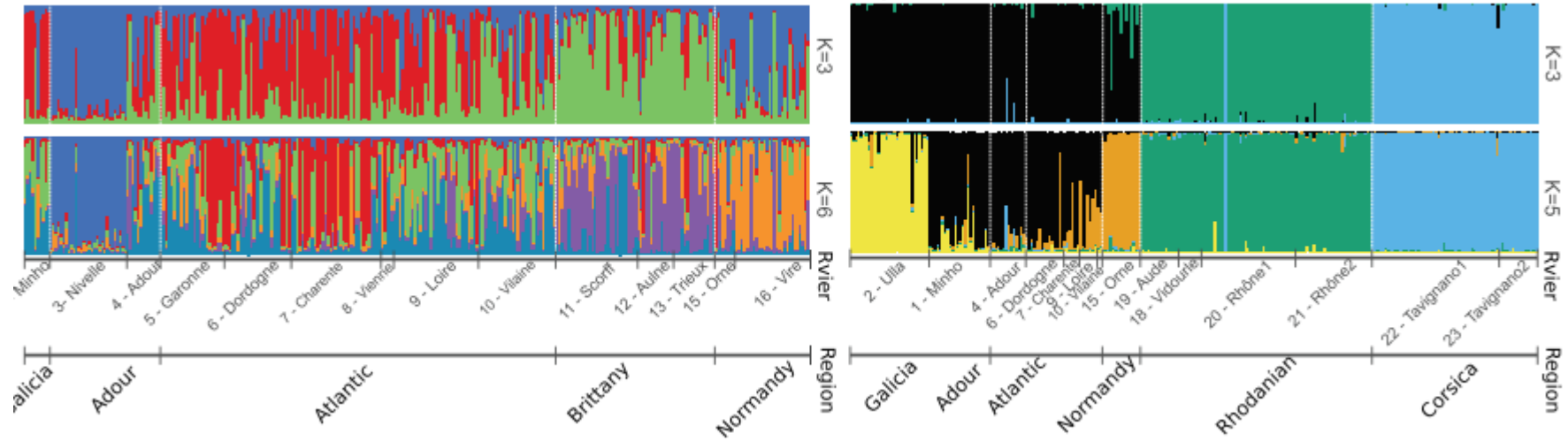
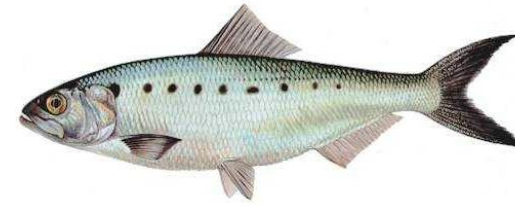
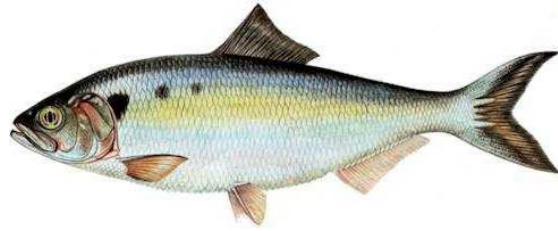
Grande alose



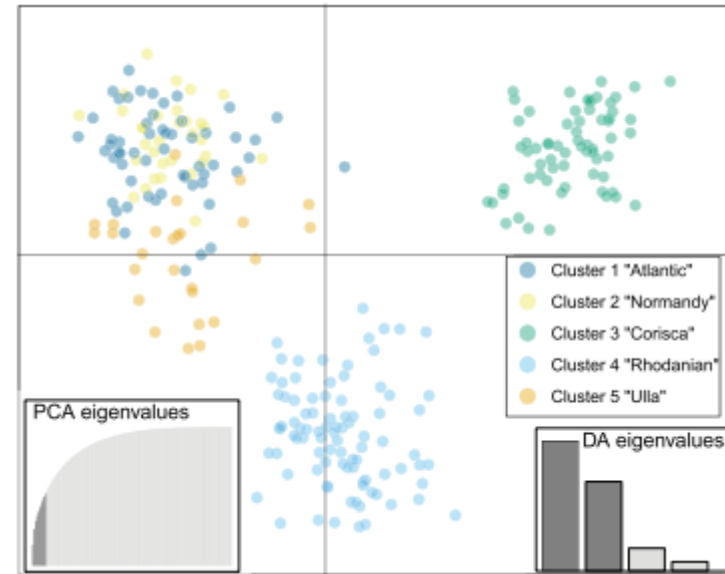
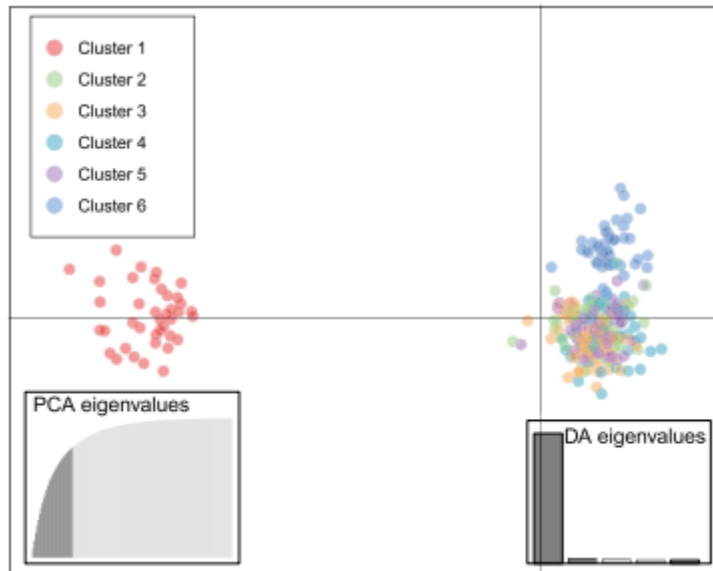
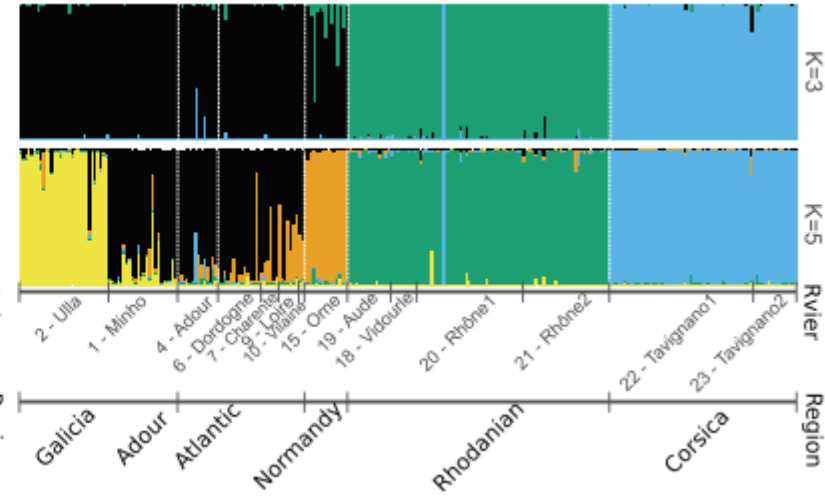
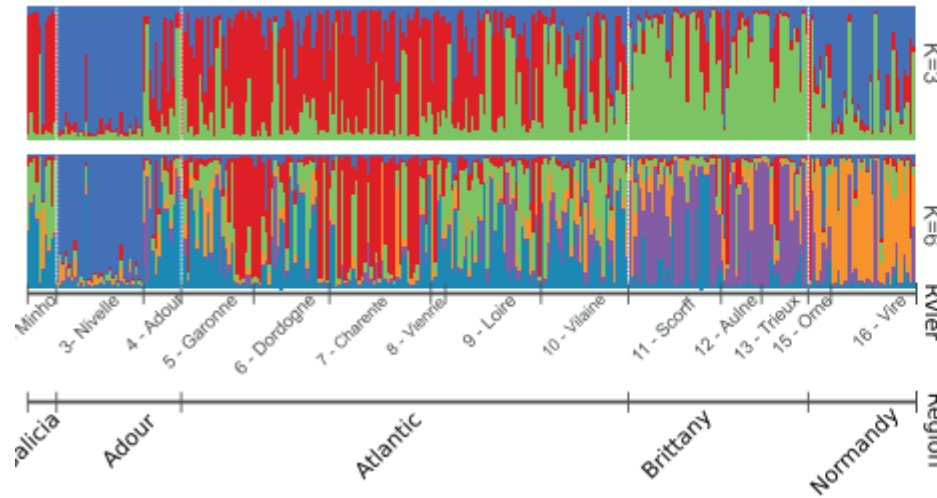
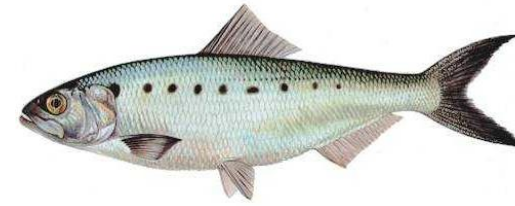
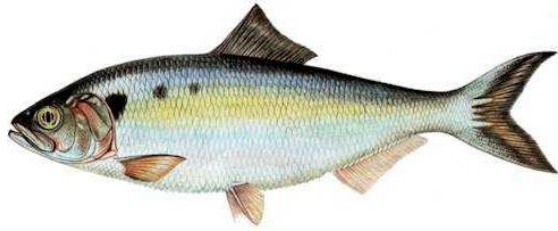
Alose feinte

Rougemont et al. 2022

Métapopulations et hybridation : le cas des aloses



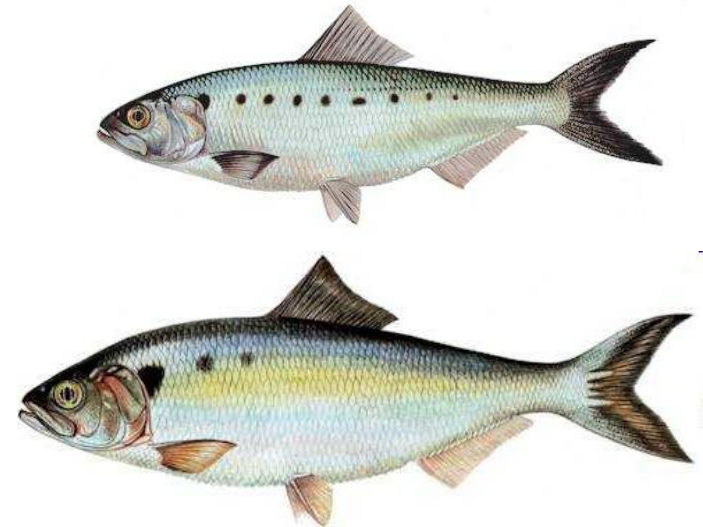
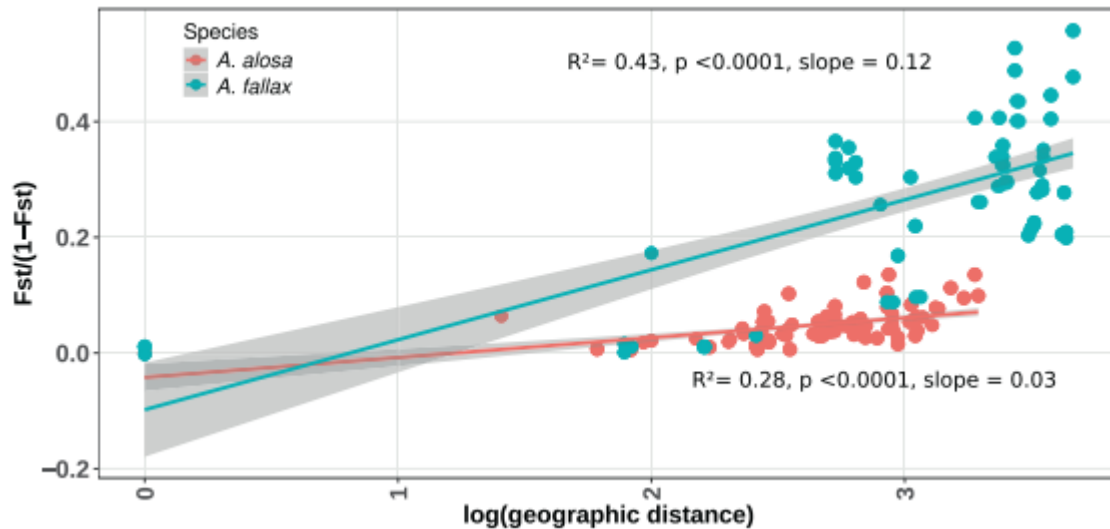
Métapopulations et hybridation : le cas des aloses

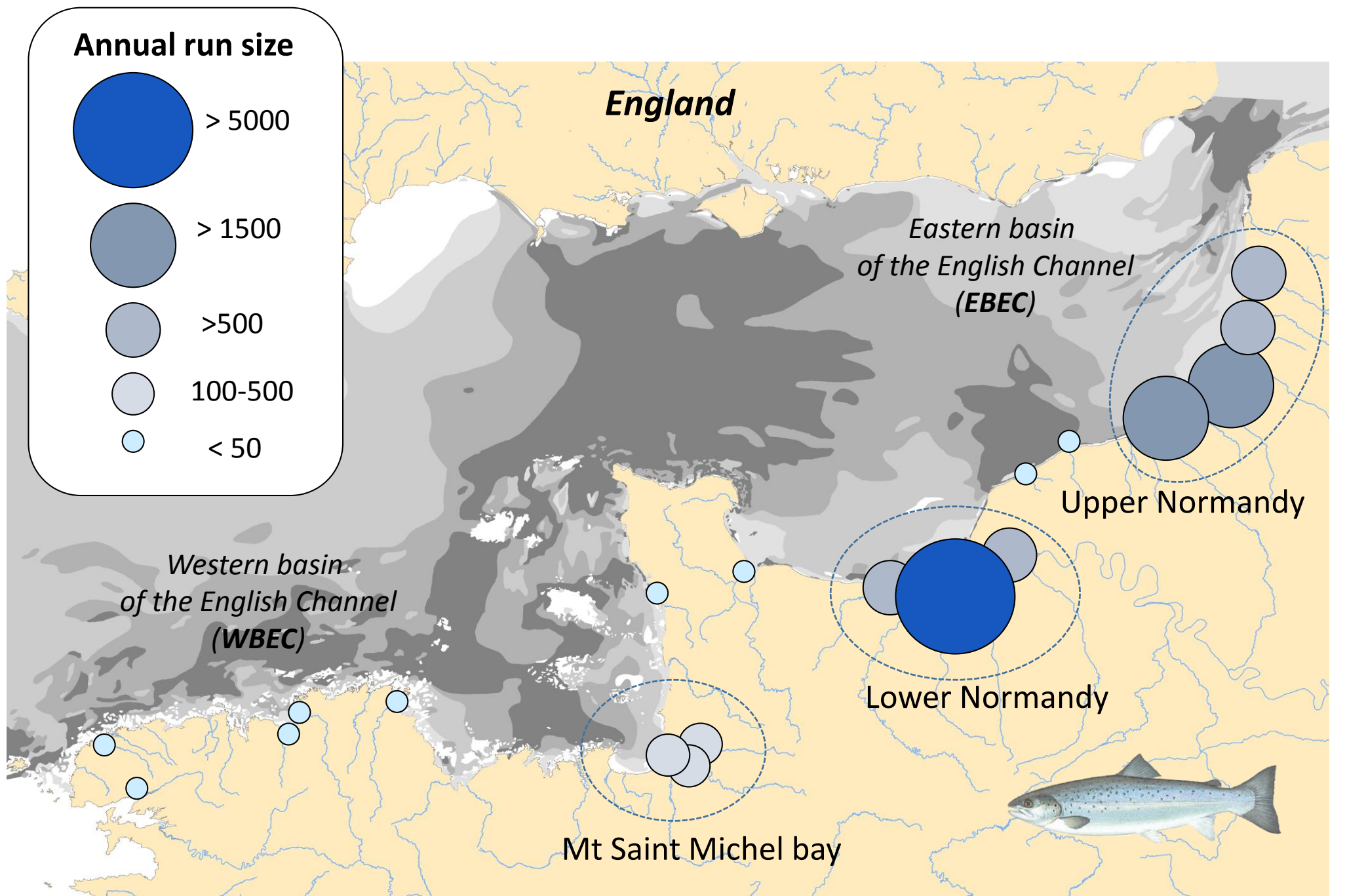


Rougemont et al. 2022

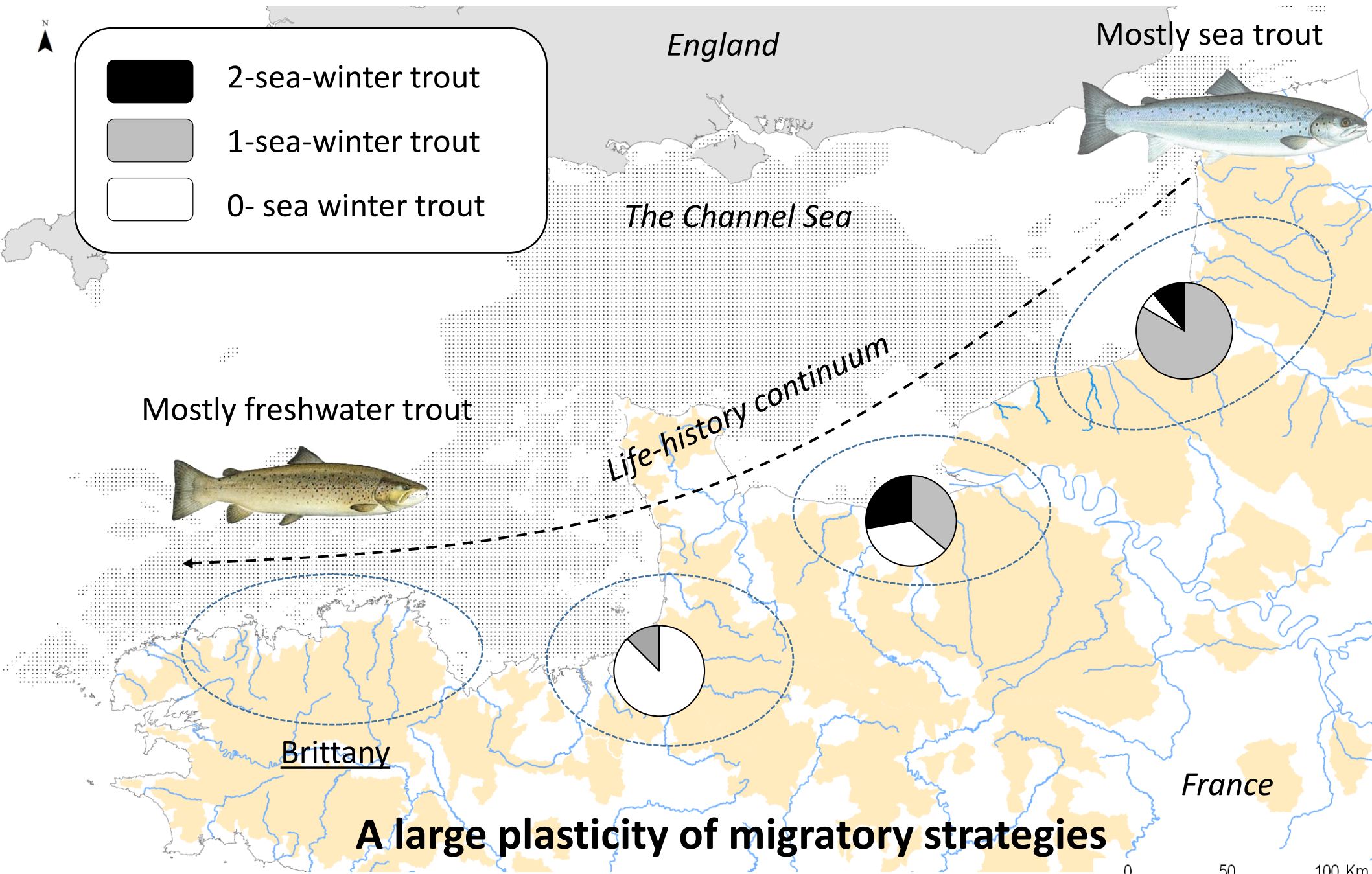
Métapopulations : le cas des aloses

Isolement par la distance : des patrons différents entre les 2 espèces
-> des modes de dispersion différents ?





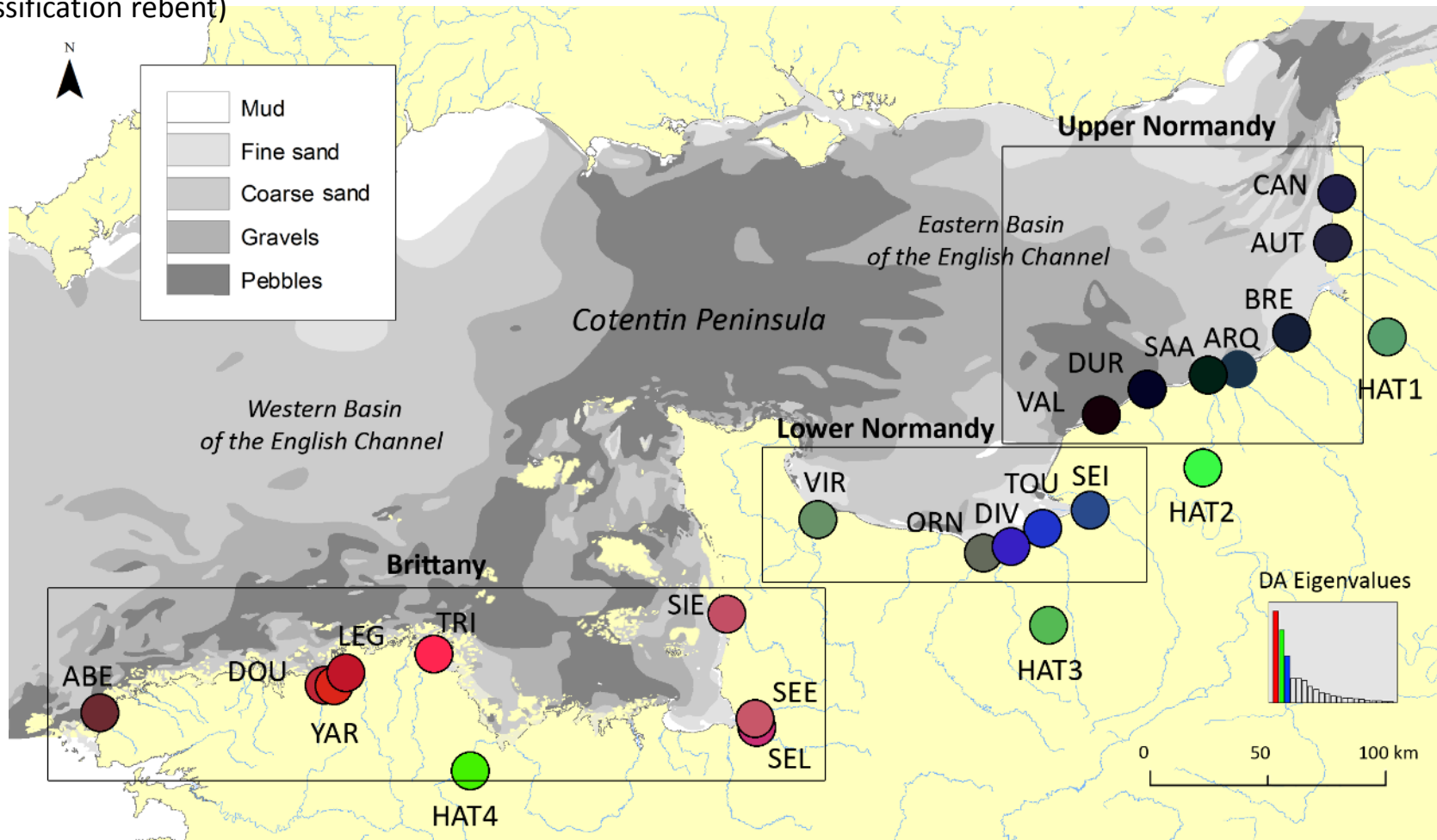
Influence of migratory strategies on genetic structure



A large plasticity of migratory strategies

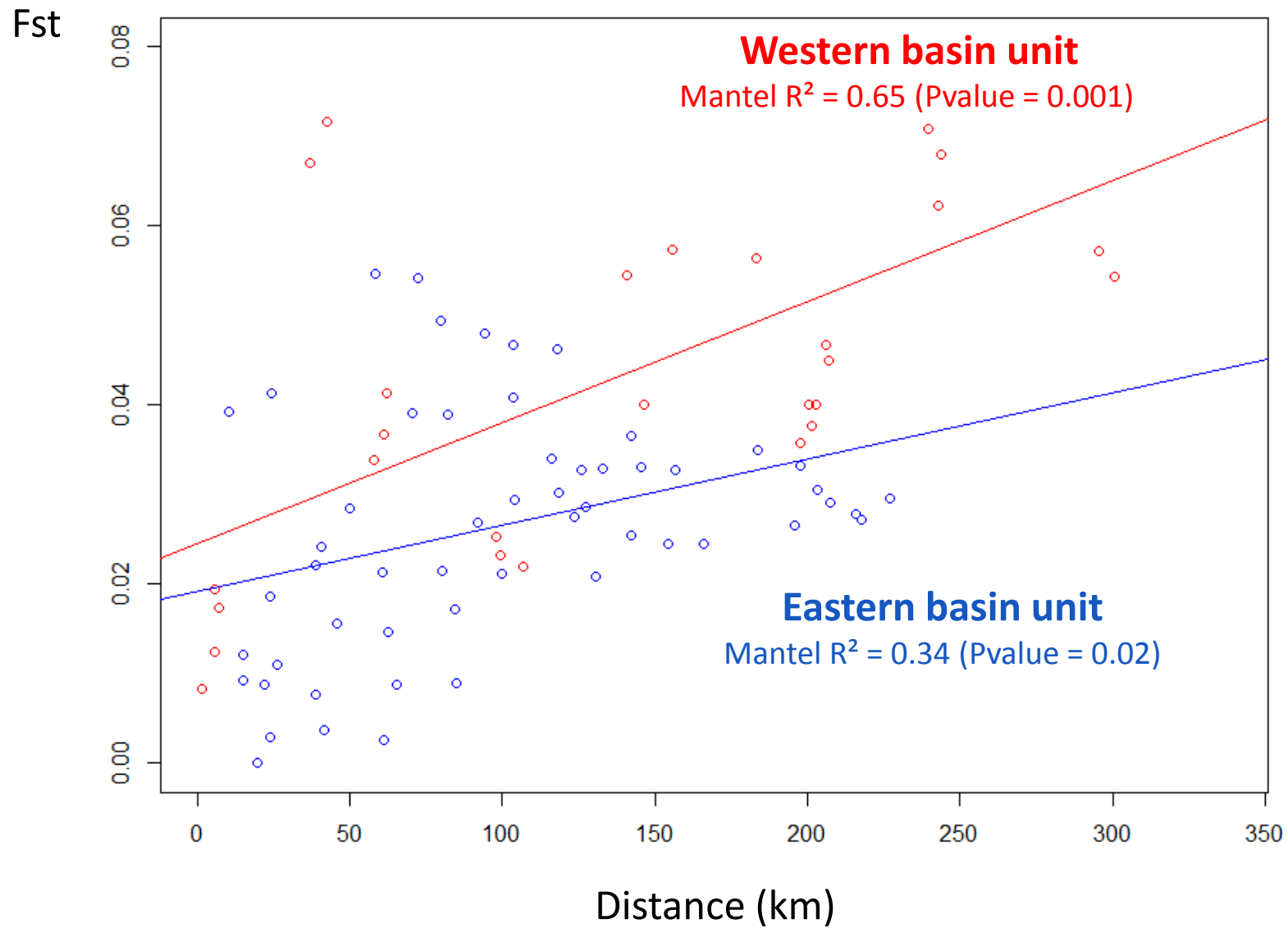
Influence de la connectivité du paysage marin sur la structure génétique des populations de truites de mer la Manche (*Salmo trutta*)

Substrat (classification rebent)



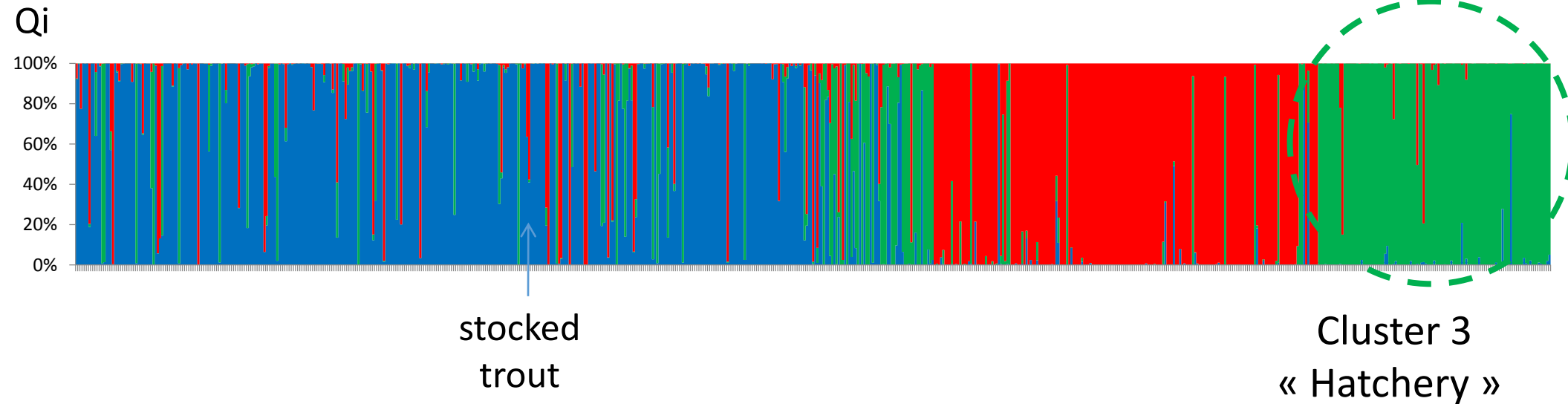
Influence des habitats marins benthiques et de la profondeur sur les patrons de flux de gènes

Isolement par la distance



Influence of stocking

Individual clustering result with DAPC for K=3 (optimal number of K)



> **Admixture coefficient (Q_i) with the « Hatchery » cluster ~ level of introgression**

69 trout (11%) exhibit $Q_i > 70\%$

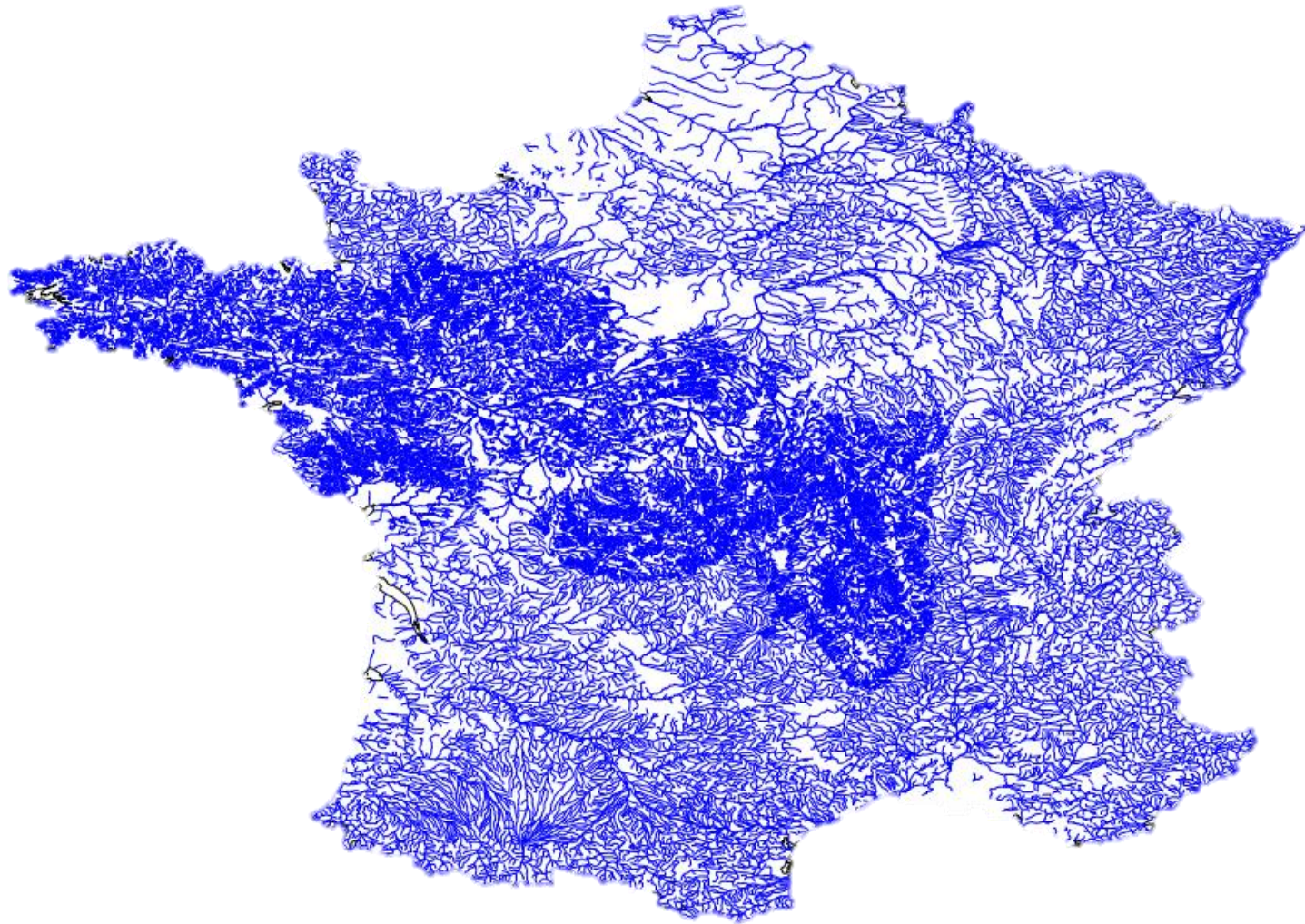
18 trout (3%) are partly admixed (Q_i between 30 and 70%)



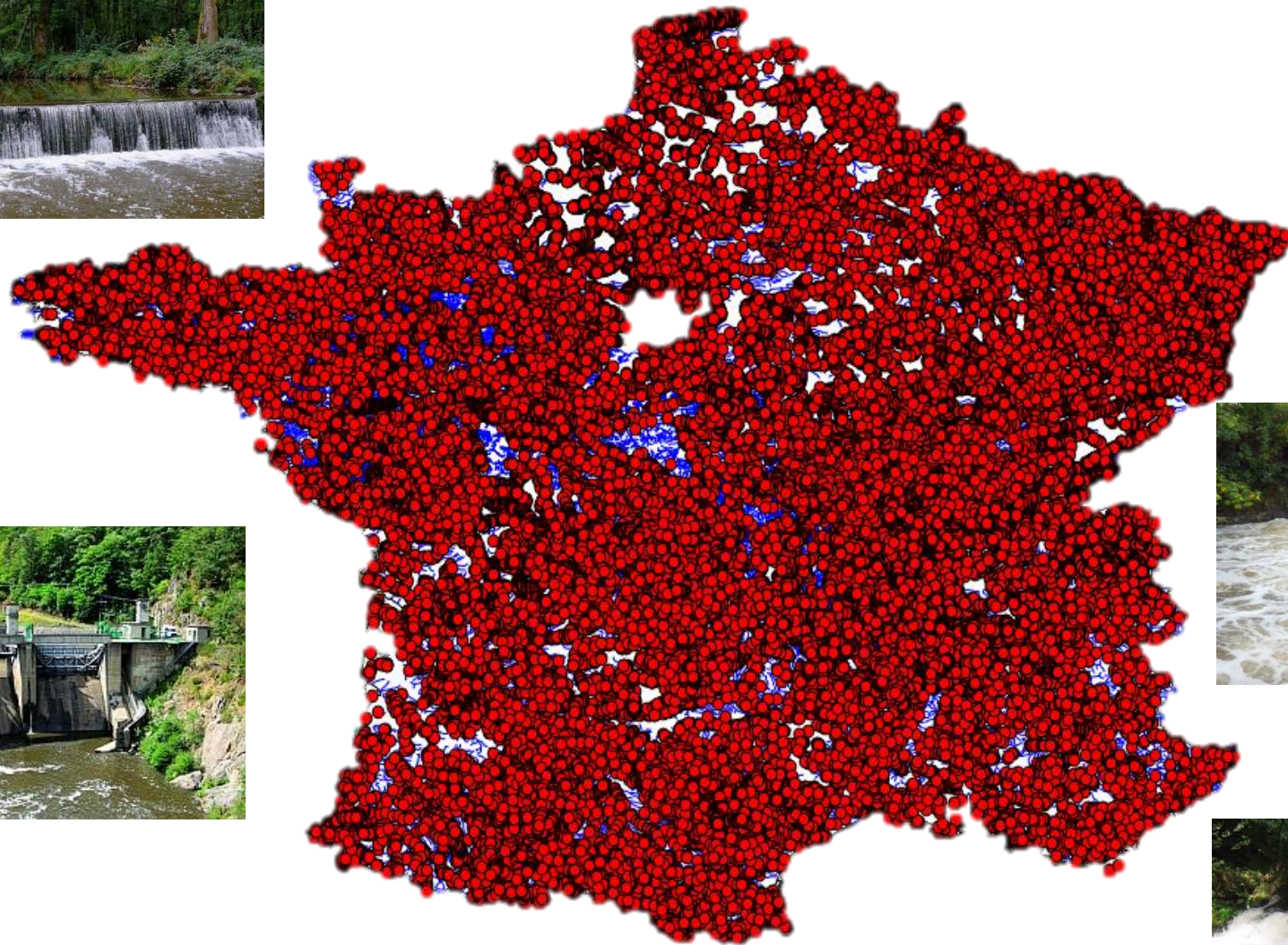
Removed from
the dataset

At the population level, introgression remained relatively low : 14 of 20 populations with $Q_m < 10\%$ (except in two rivers with $Q = 46$ et 77%)

Effet de la fragmentation des cours d'eau sur la dispersion



Effet de la fragmentation des cours d'eau sur la dispersion



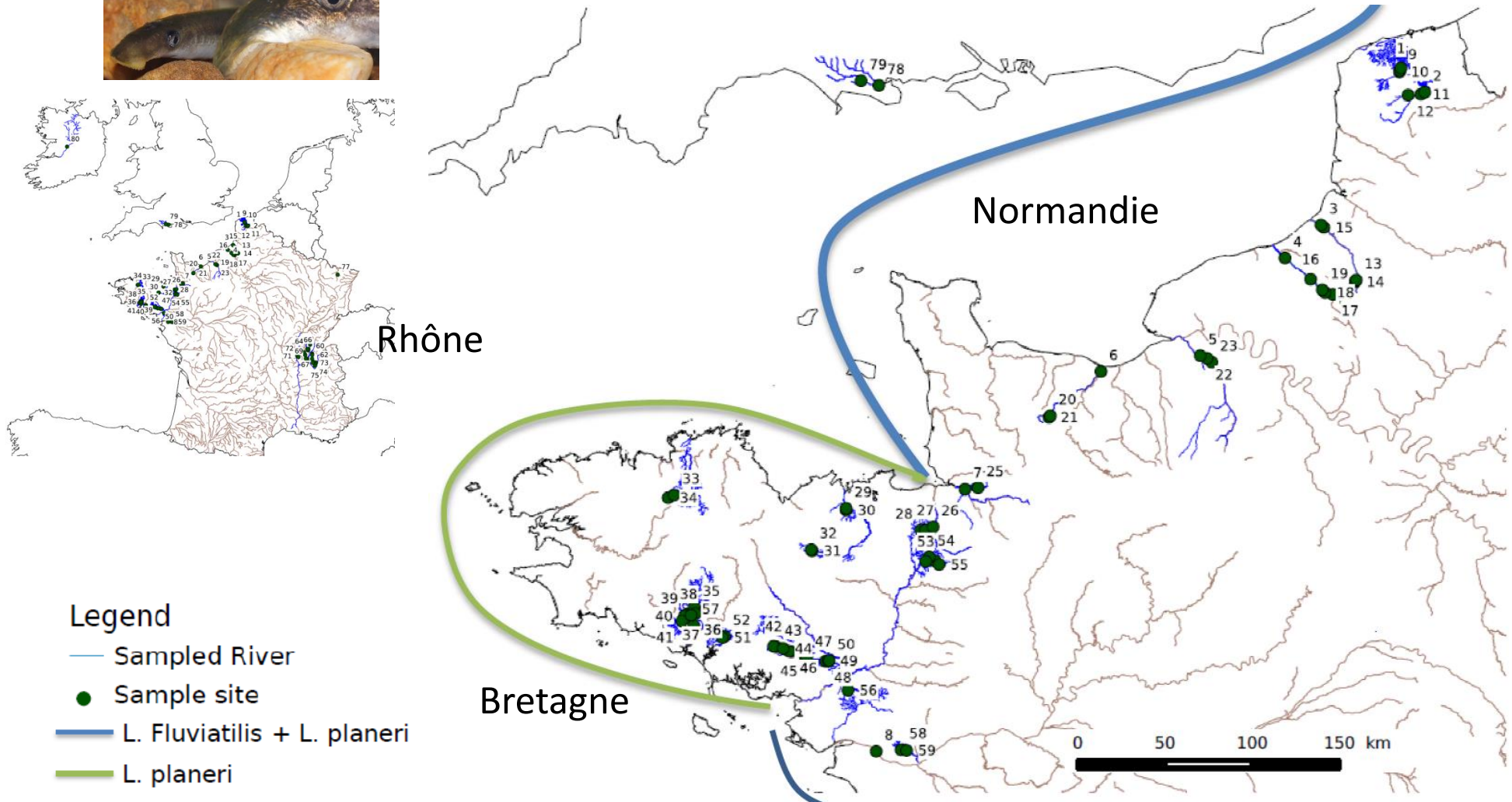
> 60,000 obstacles (barrages, seuils...) sur les cours d'eau en France...

Effet de la fragmentation des cours d'eau sur la dispersion : cas des lamproies fluviatiles et lamproies de Planer

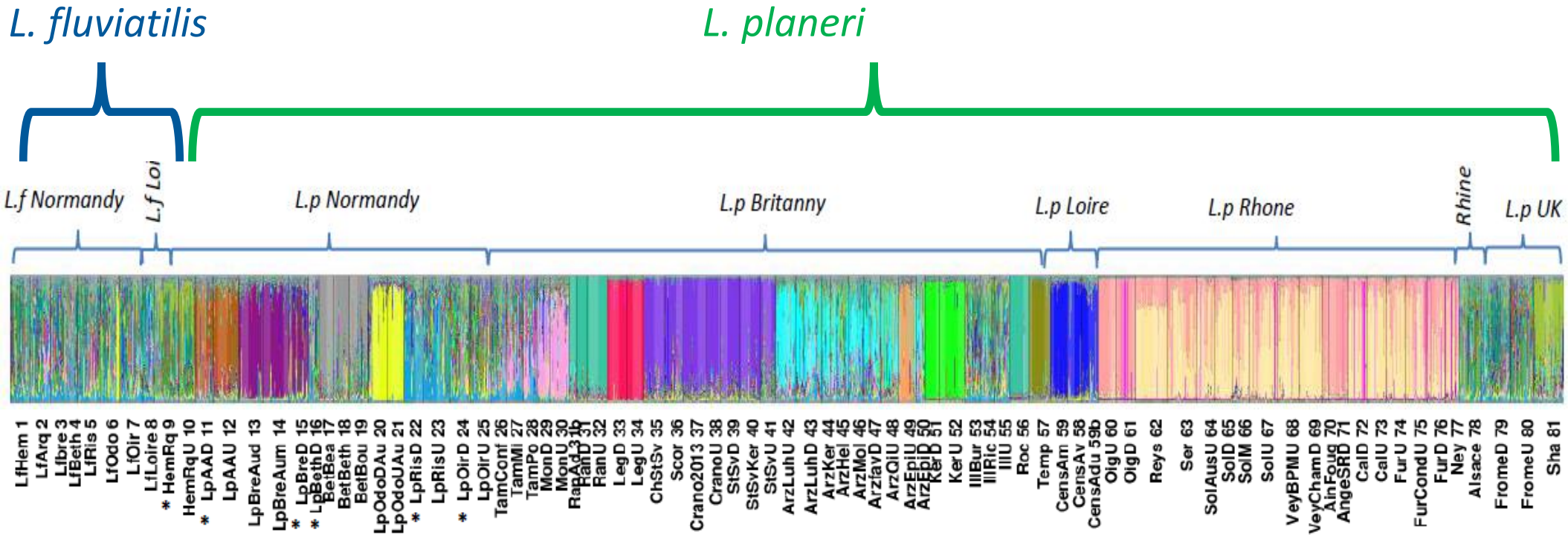


Q. Rougemont V. Dolo

- 2268 individus, 81 sites dans 29 cours d'eau (2059 *L. planeri* et 209 *L. fluviatilis*)
- Individus collectés dans des paires de sites séparés par entre 0 et 4 obstacles à la migration (0,5 to 5 mètres).



Analyse de regroupement ('clustering', K=20)

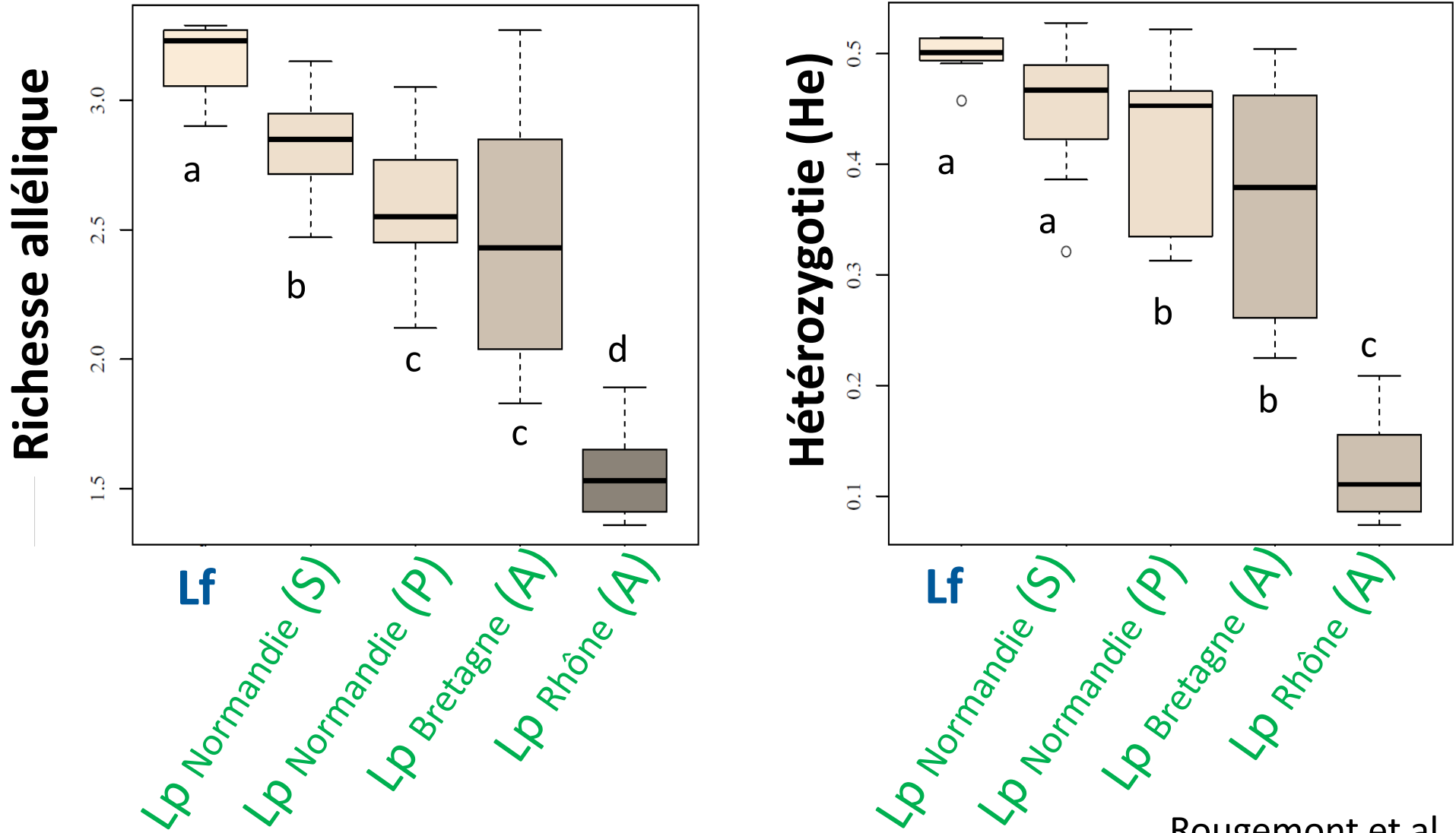


-> Dispersion *L. fluviatilis* >> dispersion *L. planeri*

Rougemont et al. 2021

La lamproie fluviatile : un réservoir de diversité génétique pour la lamproie de Planer ?

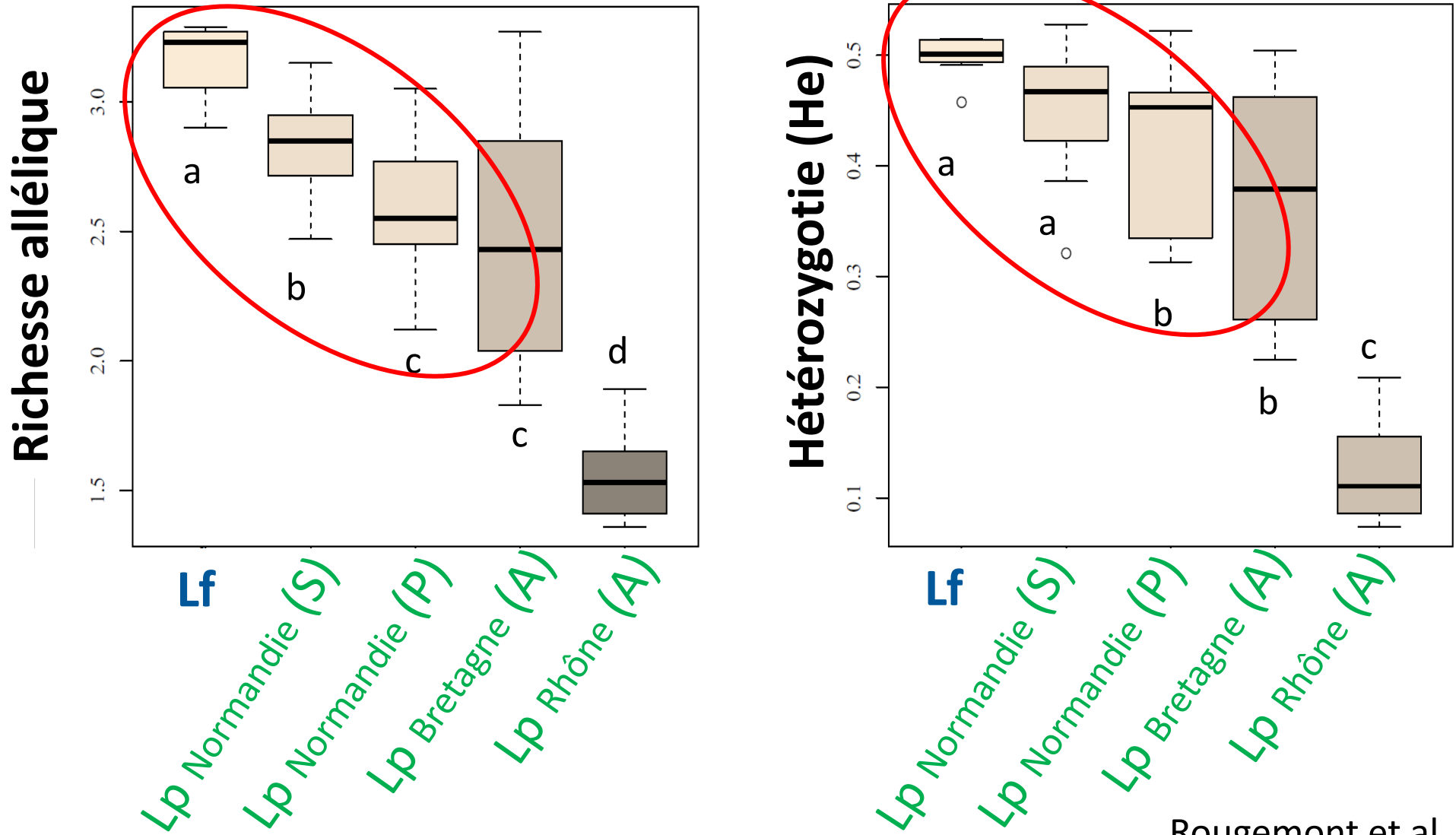
-> Comparaison de la diversité entre écotypes, en sympatrie (S) et allopatrie (A)



Rougemont et al. 2021

La lamproie fluviatile : un réservoir de diversité génétique pour la lamproie de Planer ?

-> Comparaison de la diversité entre écotypes, en sympatrie (S) et allopatrie (A)



Rougemont et al. 2021

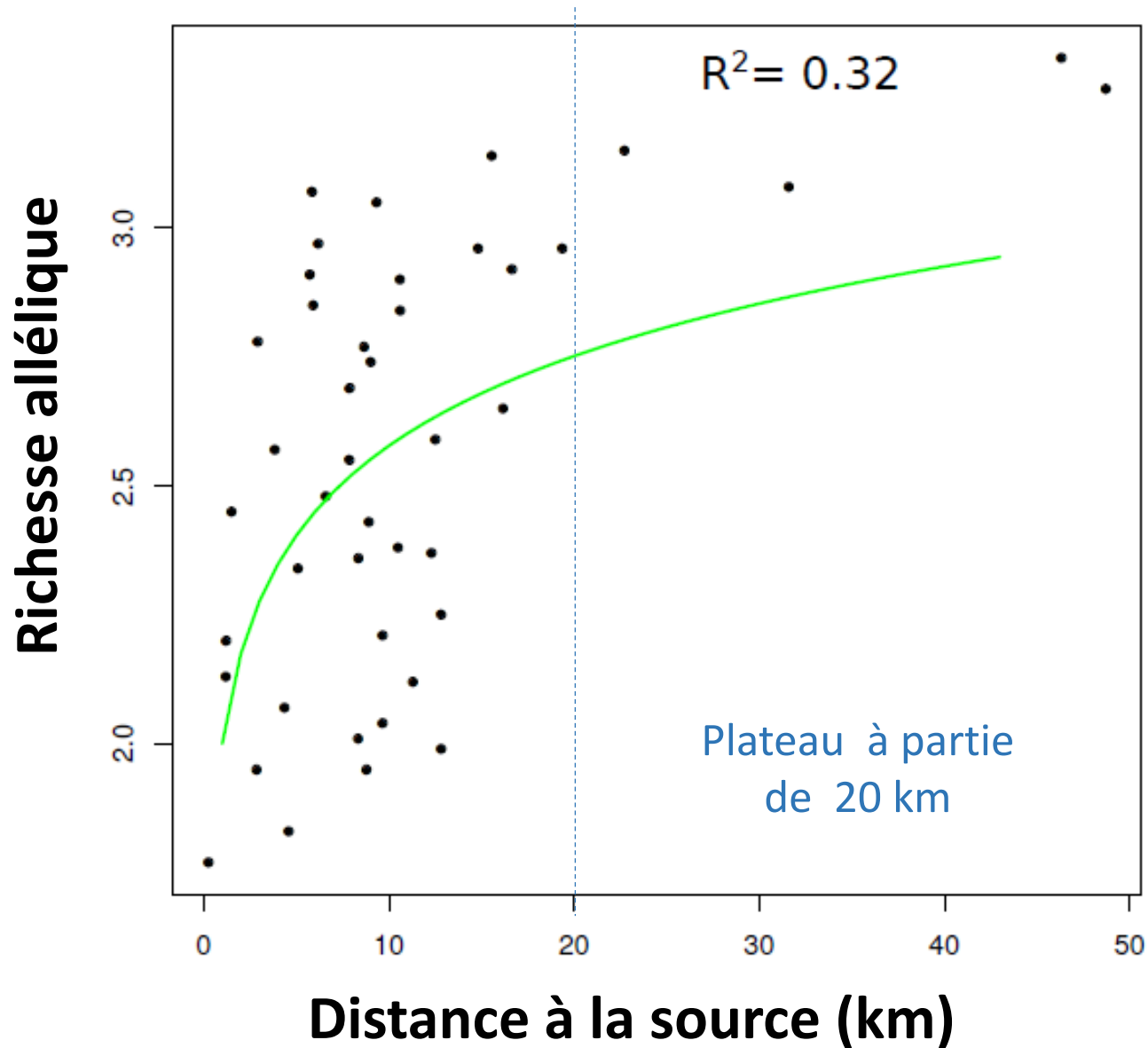
Effet des obstacles sur la structure et la diversité génétique des populations de *L. planeri* ?

Analyse de 25 paires de populations indépendantes : Fst moyen = 0,025 (0 to 0,09)

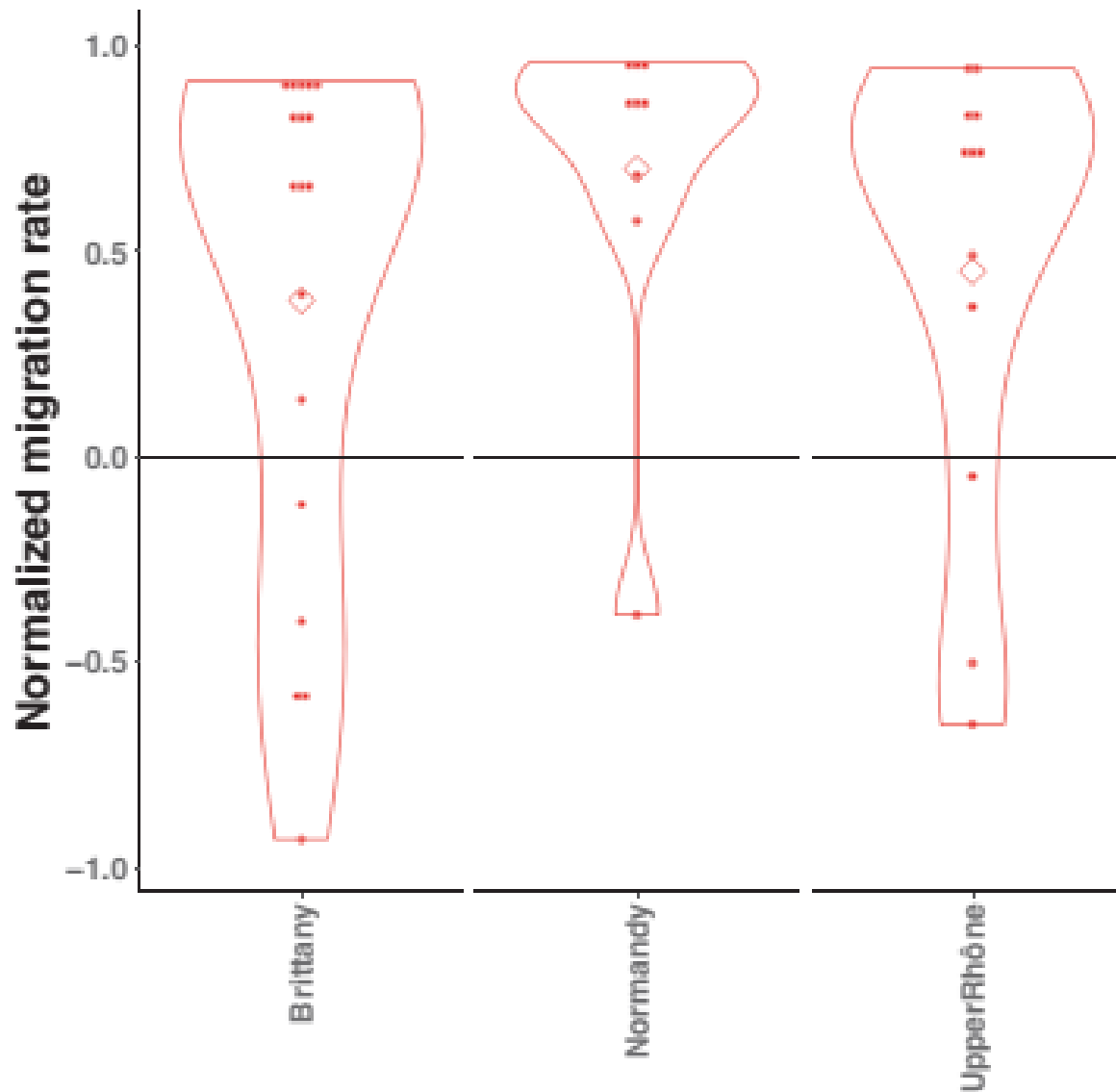
effect tested	Fst/(1-Fst)			Ar Differential			He differential		
	AIC	Estimate	P	AIC	Estimate	P	AIC	Estimate	P
	-88.35			-15.75			-96.06		
obstacle height	-95.21	-0,014	0.6778	-14.31	-0,007	0.043	-96.61	-0,008	0.092
number of obstacles	-94.61	-0,006	0.5877	-12.30	-0,073	0.019	-96.31	-0,034	0.083
distance	-96.63	-0,00001	0.8867	-22.85	0,004	0.7152	-97.55	-0,001	0.130
distance to the source	-72.05	-0,0007	< 0,001	-14.01	-0,006	0.039	-96.42	-0,0003	0.086

➡ PAS d'effet clair des obstacles sur les patrons de diversité et structure génétique !

La diversité génétique diminue dans les populations de *L. planeri* en amont des cours d'eau



Une explication : un flux de gènes asymétrique vers l'aval



-> Dérive des larves de lamproies lors des crues malgré les obstacles ?

Rougemont et al. 2021

Résumé

- Diversité génétique élevée des populations de *L. planeri* en sympatrie avec *L. fluviatilis* -> effet bénéfique du flux de gènes entre écotypes ?
- Effet modéré des obstacles à la migration sur la diversité et structure des populations de *L. planeri* -> Effet de la dévalaison des larves (ammocètes)?



Merci de votre attention

