

# > Génétique et Pêche

*Synthèse des études génétiques et recommandations en matière de gestion piscicole*



Schweizerische Eidgenossenschaft  
 Confédération suisse  
 Confederazione Svizzera  
 Confederaziun svizra

Office fédéral de l'environnement OFEV



# > Génétique et Pêche

*Synthèse des études génétiques et recommandations en matière  
de gestion piscicole*

## **Impressum**

### **Éditeur**

Office fédéral de l'environnement (OFEV)

L'OFEV est un office du Département fédéral de l'environnement, des transports, de l'énergie et de la communication (DETEC).

### **Auteurs**

Dr. Pascal Vonlanthen: p.vonlanthen@aquabios.ch

Dr. Daniel Hefti: daniel.hefti@bafu.admin.ch

### **Groupe de travail**

Prof. Ole Seehausen, Eawag

Dr. David Bittner, Sektion Jagd und Fischerei des Kantons Aargau

Diego Dagani, BAFU

PD Dr. Carlo Largiadèr, Inselspital

Dr. Bänz Lundsgaard-Hansen, FIBER

Christoph Küng, Fischereiinspektorat des Kantons Bern

### **Référence bibliographique**

Vonlanthen P., Hefti D. 2016: Génétique et Pêche. Synthèse des études génétiques et recommandations en matière de gestion piscicole. Office fédéral de l'environnement, Berne. Connaissance de l'environnement n° 1637: 90 p.

### **Graphisme, mise en page**

Stefanie Studer, 5444 Künten

### **Couverture**

Photo: Michel Roggo

### **Téléchargement au format PDF**

[www.bafu.admin.ch/uw-1637-f](http://www.bafu.admin.ch/uw-1637-f)

Il n'est pas possible de commander une version imprimée.

Cette publication est également disponible en allemand.

© OFEV 2016

# > Table des matières

<b>Abstracts</b>	<b>5</b>		
<b>Avant-propos</b>	<b>7</b>		
<b>1 Résumé et recommandations générales</b>	<b>8</b>		
<b>2 Introduction</b>	<b>10</b>		
2.1 Diversité génétique	11		
2.2 La conservation génétique	12		
2.3 Pourquoi un repeuplement avec des poissons étrangers à la région peut-il être préjudiciable?	12		
2.4 Plasticité et adaptations locales	12		
2.5 Définition des unités de gestion	14		
<b>3 Les truites (<i>Salmo</i> sp.)</b>	<b>15</b>		
3.1 Statut taxonomique	15		
3.2 Études à l'échelle nationale	15		
3.3 Études à l'échelle locale ou régionale	17		
3.4 Synthèse des études génétiques sur la truite et recommandations en matière de gestion piscicole	31		
<b>4 L'ombre (<i>Thymallus thymallus</i>)</b>	<b>34</b>		
4.1 Statut taxonomique	34		
4.2 Étude à l'échelle nationale	34		
4.3 Études à l'échelle locale ou régionale	36		
4.4 Synthèse des études génétiques sur l'ombre et recommandations en matière de gestion piscicole	42		
<b>5 Les nases (<i>Chondrostoma</i> sp., <i>Parachondrostoma toxostoma</i>)</b>	<b>46</b>		
5.1 Statut taxonomique	46		
5.2 Études à l'échelle nationale	46		
5.3 Synthèse des études génétiques sur les nases et recommandations en matière de gestion piscicole	49		
<b>6 Le chevaine et le cavedano (<i>Squalius</i> sp.)</b>	<b>52</b>		
6.1 Statut taxonomique	52		
6.2 Études à l'échelle nationale	52		
6.3 Synthèse des études génétiques sur le genre <i>Squalius</i> et recommandations en matière de gestion piscicole	56		
<b>7 Le chabot (<i>Cottus gobio</i>)</b>	<b>59</b>		
7.1 Statut taxonomique	59		
7.2 Études à l'échelle nationale	59		
7.3 Études à l'échelle locale ou régionale	62		
7.4 Synthèse des études génétiques sur le chabot et recommandations en matière de gestion piscicole	64		
<b>8 Les corégones (<i>Coregonus</i> sp.)</b>	<b>67</b>		
8.1 Statut taxonomique	67		
8.2 Synthèse des études génétiques sur les corégones et recommandations en matière de gestion piscicole	67		
<b>9 Le brochet (<i>Esox</i> sp.)</b>	<b>69</b>		
9.1 Statut taxonomique	69		
9.2 Études à l'échelle nationale	69		
9.3 Études à l'échelle locale ou régionale	70		
9.4 Synthèse des études génétiques sur le brochet et recommandations en matière de gestion piscicole	70		
<b>10 L'omble chevalier (<i>Salvelinus</i> sp.)</b>	<b>71</b>		
10.1 Statut taxonomique	71		
10.2 Études à l'échelle locale ou régionale	71		
10.3 Synthèse des études génétiques sur l'omble chevalier et recommandations en matière de gestion piscicole	71		
<b>11 Le gardon (<i>Rutilus rutilus</i>)</b>	<b>72</b>		
11.1 Statut taxonomique	72		
11.2 Études à l'échelle nationale	72		
11.3 Études à l'échelle régionale	73		
11.4 Synthèse des études génétiques sur le gardon et recommandations en matière de gestion piscicole	74		

---

<b>12 La perche commune (<i>Perca fluviatilis</i>)</b>	<b>75</b>
12.1 Statut taxonomique	75
12.2 Études à l'échelle nationale	75
12.3 Études à l'échelle régionale	75
12.4 Synthèse des études génétiques sur la perche commune et recommandations en matière de gestion piscicole	77
<hr/>	
<b>13 L'épinoche (<i>Gasterosteus aculeatus</i>)</b>	<b>78</b>
13.1 Statut taxonomique	78
13.2 Synthèse des études à l'échelle nationale et régionale	78
<hr/>	
<b>14 Annexes</b>	<b>79</b>
14.1 Méthodes génétiques utilisées	79
14.2 $F_{ST}$ : un indicateur de différenciation génétique	81
<hr/>	
<b>Bibliographie</b>	<b>83</b>
<b>Répertoire</b>	<b>86</b>
<b>Glossaire</b>	<b>89</b>

## > Abstracts

Stocking still plays a key role in fisheries management. In addition to the quantitative aims of stocking, the origin of the fishes to be stocked is important in order to maintain the genetic specificities of the native populations. In this context, it is particularly useful to identify different management units based on the genetic composition of the wild populations. Today, this is possible through the use of modern methodologies based on DNA-analysis. Due to the standardization of these methods, their costs are affordable to fishery managers. The present document proposes a synopsis of all genetic studies performed in Switzerland during the last 15 years in the context of fisheries management. Practical recommendations are given for each of the species included in these studies.

Der Besatz spielt immer noch eine wichtige Rolle bei der fischereilichen Bewirtschaftung. Zusätzlich zu den rein quantitativen Aspekten, muss beim Besatz auch auf die Herkunft der eingesetzten Fische geachtet werden. Die genetischen Eigenheiten der lokal vorhandenen Population darf durch die Besatzfische nicht verändert werden. Daher dürfen nur Fische besetzt werden, die direkt von der lokalen Population abstammen. Anhand von DNA-Analysen kann die genetische Identität der Besatzfische bestimmt werden. Durch die Standardisierung dieser Methoden konnten die Kosten so gesenkt werden, dass sie heute für die Bewirtschafteter verfügbar sind. Das vorliegende Dokument schlägt eine Synthese von genetischen Studien vor, die in der Schweiz in den letzten 15 Jahren im Rahmen der genetischen Untersuchungen der Fischbestände durchgeführt wurden. Es formuliert konkrete Empfehlungen über alle diskutierten Arten.

Le repeuplement joue un rôle prépondérant en matière de gestion piscicole. Hormis les objectifs quantitatifs, l'origine des poissons immergés constitue un facteur clé afin de ne pas péjorer les spécificités génétiques de la population receveuse. Dans ce contexte, il est utile de pouvoir définir des unités de gestion sur la base des spécificités génétiques des populations naturelles. Cela est aujourd'hui possible grâce à des méthodes modernes basées sur l'analyse de l'ADN. La standardisation de ces méthodes a par ailleurs permis d'abaisser considérablement les coûts de ces analyses, les rendant ainsi accessibles aux gestionnaires. Le présent document propose une synthèse de l'ensemble des études génétiques réalisées ces quinze dernières années en Suisse en matière de gestion génétique des populations piscicoles. Il formule également des recommandations pratiques pour toutes les espèces traitées.

**Keywords:**

population genetic, stocking policies, fisheries management, conservation

**Stichwörter:**

Populationsgenetik, Besatz, fischereiliche Bewirtschaftung, Artenförderung

**Mots-clés:**

génétique des populations, repeuplement, gestion piscicole, conservation

Le pratiche di ripopolamento giocano ancor'oggi un ruolo fondamentale nell'ambito della gestione piscicola. Oltre agli aspetti di natura quantitativa, esse devono prestare particolare attenzione all'origine del materiale di ripopolamento, fattore chiave nel mantenimento della composizione genetica specifica di una popolazione locale. In questo contesto, è molto importante poter definire delle unità di gestione sulla base delle specificità genetiche delle popolazioni naturali. Le moderne tecniche di analisi genetiche permettono questo tipo di approccio e, grazie alla standardizzazione dei metodi, sono oggi accessibili ai gestori della pesca. Questa pubblicazione propone una sintesi degli studi in termini di gestione genetica delle popolazioni piscicole effettuati negli ultimi quindici anni in Svizzera. Inoltre, per tutte le specie trattate sono formulate delle raccomandazioni pratiche.

**Parole chiave:**  
**genetica delle popolazioni**  
**ripopolamento, gestione della**  
**pesca, conservazione**

---

## > Avant-propos

Le repeuplement des eaux à l'aide de jeunes poissons élevés en milieu artificiel (alevinage, empoissonnement) vise à conserver les populations indigènes qui vivent dans un milieu dégradé. A terme et dans l'esprit de la Stratégie Suisse de Biodiversité, les habitats du poisson doivent être assainis de manière à renoncer progressivement aux mesures de repeuplement. La renaturation des eaux doit contribuer à atteindre ce but dans les prochaines décennies. Dans l'intervalle, l'exploitation des peuplements piscicoles doit être optimisée afin de minimiser les risques imputables aux repeuplements. Ces risques et incertitudes sont liés aussi bien à l'efficacité des repeuplements que leur impact sur les populations sauvages.

Durant les dernières décennies, les pratiques du repeuplement ont fortement évolué. D'une approche essentiellement quantitative visant à augmenter le nombre de poissons capturables, le repeuplement s'est orienté vers une approche plus qualitative axée sur l'intégrité génétique des populations sauvages et le maintien de leur capacité d'adaptation. Ce changement de paradigme s'explique notamment par les progrès scientifiques réalisés en matière d'analyse du génome. Grâce à de nouvelles technologies, la structure génétique fine de chaque population peut désormais être identifiée et l'effet du repeuplement mesuré. Ces méthodes ont par ailleurs révélé une grande diversité génétique à l'intérieur des espèces ainsi que l'importance de la gestion des stocks piscicoles dans le maintien de ce niveau de diversité.

Les services cantonaux spécialisés disposent aujourd'hui d'outils performants leur permettant de mieux planifier les repeuplements. La présente publication donne une vue générale des connaissances actuelles sur la génétique du poisson et fournit ainsi des bases décisionnelles en matière de gestion piscicole. Elle constitue une aide aux gestionnaires cantonaux dans leur tâche de conservation des populations piscicoles indigènes.

Hans Romang  
Chef de la Division «Espèces, Ecosystèmes, Paysages»  
Office fédéral de l'environnement (OFEV)

# 1 > Résumé et recommandations générales

---

En Suisse, les repeuplements jouent un rôle important dans la pratique actuelle de gestion piscicole. Les cantons fixent les règles de cette gestion et définissent des unités géographiques locales de gestion lorsque cela s'avère nécessaire. Il est cependant indispensable de disposer d'une bonne base d'informations pour pouvoir définir ces unités de façon objective et rationnelle. Or, ces données sont plus ou moins disponibles selon les espèces de poissons considérées.

Le présent document propose une synthèse des principaux travaux de génétique effectués sur les espèces piscicoles de Suisse entre 1999 et 2015. Les données ont été exploitées et présentées de manière pragmatique dans l'optique de fournir une aide à la définition d'unités de gestion. Les recommandations générales formulées dans ce document simplifient donc inévitablement des résultats parfois très complexes. Il est ainsi possible qu'une étude plus approfondie à partir de ces recommandations aboutisse à des conclusions légèrement différentes. Les principes généraux exposés ici aident à définir au niveau cantonal et régional des unités biologiquement fondées pour une gestion des peuplements piscicoles, visant à minimiser les effets potentiellement délétères des repeuplements.

Les différentes études de génétique révèlent que la taille des unités de gestion dépend fortement de la biologie et de l'écologie des espèces piscicoles. Ainsi, les travaux sur le chabot (*Cottus gobio*) montrent des différences génétiques significatives entre populations dans un espace d'à peine quelques kilomètres au sein d'un même cours d'eau. À l'autre extrême, les populations de nase (*Chondrostoma nasus*) présentent une vaste aire de distribution caractérisée par d'importants échanges de gènes pouvant s'effectuer sur plusieurs centaines de kilomètres. Ainsi, les nases de la Singine, dans le canton de Fribourg, et ceux de la Wiese, dans le canton de Bâle-Ville, ne présentent pas de différence génétique significative, alors que cette même Singine abrite plusieurs populations de chabot génétiquement distinctes.

Les résultats compilés dans le présent document montrent **que la gestion piscicole doit être abordée le plus localement possible**, de façon à préserver le patrimoine, la diversité génétique et les adaptations locales des populations.

Les recommandations générales suivantes peuvent être formulées:

- a) Dans les populations qui ne font l'objet d'aucune mesure de repeuplement, les processus tels que le choix du partenaire sexuel pendant la reproduction, ainsi que la sélection dans le milieu, se déroulent de manière tout à fait naturelle. Toute mesure de repeuplement risque de perturber ces processus naturels et d'entraîner une perte de fitness (par l'introduction de maladies ou par perte d'adaptations locales par exemple). **Il convient donc de renoncer totalement aux repeuplements dans les milieux aquatiques où la reproduction naturelle de la population fonctionne.**
- b) Lorsque les repeuplements s'avèrent nécessaires, les géniteurs ou les poissons à introduire doivent provenir d'un endroit géographiquement proche du lieu d'immersion et situé dans le même lac ou cours d'eau. Il faut alors veiller à utiliser suffisamment de géniteurs et à éviter les effets de domestication (souche captive de géniteurs et élevage des juvéniles en pisciculture).
- c) Si, pour des raisons fondées, une gestion locale s'avère impossible, p. ex. dans le cas d'un programme de réintroduction, il est nécessaire de recourir à **des populations sources géographiquement proches vivant dans le même type de cours d'eau.**

Le tableau 1 donne un aperçu des distances géographiques à partir desquelles des différences génétiques significatives peuvent être observées pour les différentes espèces étudiées. Ces indications peuvent aider à définir le périmètre dans lequel rechercher les populations sources utilisées pour les repeuplements et les réintroductions.

**Tab. 1 > Recommandations générales pour la définition des unités de gestion**

Espèces	Unités de gestion	Nombre d'études	Distance géographique à partir de laquelle plus de 80 % des $F_{ST}$ sont significatives
Truites	Échelle locale	15	20 km
Ombre	Échelle locale	5	20 km
Nases	Échelle du bassin versant	1	<100 km
Chevaine et cavedano	Échelle du sous-bassin versant	1	50 km
Chabot	Échelle locale	5	10 km
Coréogones	Spécifique à chaque lac et à chaque espèce*	–	–
Brochet	Spécifique à chaque eau	2	–
Ombre chevalier	Spécifique à chaque lac et à chaque espèce*	2	–
Gardon	Spécifique à chaque eau	2	–
Perche	Spécifique à chaque lac et à chaque espèce*	5	–
Épinoche	Aucune	10	–

\* Dans le cas des coréogones, de l'ombre chevalier et de la perche, plusieurs espèces peuvent vivre en sympatrie et doivent être gérées séparément.

## 2 > Introduction

---

Dans la série des «Informations concernant la pêche», l'OFEV (à l'époque OFEFP) a publié en 2002 un document intitulé «Principes génétiques de conservation et de gestion piscicoles» [1]. Cette publication vise à sensibiliser les acteurs impliqués dans la gestion des populations piscicoles sur l'importance de la génétique, en particulier dans le cadre des programmes de repeuplement («supportive breeding»). Ce document contient notamment des recommandations pratiques sur la manière de prélever un échantillon de géniteurs et de le gérer durablement en captivité, afin de limiter l'impact du repoissonnement sur la diversité génétique de la population sauvage.

La publication de 2002 propose également une synthèse des études génétiques réalisées à l'époque sur la truite (*Salmo* sp.), l'ombre (*Thymallus thymallus*), les corégones (*Coregonus* sp.), l'omble chevalier (*Salvelinus* sp.) et le chabot (*Cottus gobio*). Les techniques d'analyse d'alors, basées sur des marqueurs protéiques (enzymes), étaient principalement utilisées en systématique. Elles n'avaient pas la résolution suffisante pour déterminer la structure génétique fine d'une population, ni pour définir des unités de gestion. Compte tenu des avancées analytiques considérables réalisées depuis lors, il paraît utile d'actualiser la publication de 2002, de présenter une synthèse des études génétiques effectuées jusqu'à aujourd'hui et de transcrire leurs principaux enseignements en termes de gestion durable des peuplements piscicoles.

La structure proposée dans le présent document est organisée par espèce. Chaque chapitre débute par une courte présentation du statut taxonomique de l'espèce ou du groupe d'espèces concerné avant de donner un aperçu des études génétiques réalisées à l'échelle nationale ou européenne. Ces résultats permettent ensuite d'identifier les groupes principaux et de définir des unités de gestion et de conservation, ainsi que leurs relations phylogénétiques. Le chapitre se poursuit par une présentation de la structure génétique des populations à l'échelle locale et régionale. Les unités de gestion et de conservation sont alors détaillées et les mécanismes d'adaptation locale et/ou les phénomènes de spéciation sont identifiés dans la mesure du possible. Le chapitre se conclut par une synthèse des résultats et la formulation de recommandations en matière de gestion piscicole.

Les principaux termes techniques utilisés dans ce document sont explicités dans le glossaire et dotés d'un hyperlien dans la version numérique. Les méthodes génétiques employées sont brièvement décrites en annexe.

## 2.1 Diversité génétique

### Stratégie Biodiversité Suisse: Objectif n° 4

*«D'ici à 2020, l'appauvrissement génétique est freiné et si possible stoppé. La préservation et l'utilisation durable des ressources génétiques, animaux de rente et plantes cultivées compris, sont assurées.»*

La diversité génétique des organismes vivants constitue un des fondements de la biodiversité globale de notre planète, au même titre que la variété des espèces et des écosystèmes. Elle figure d'ailleurs parmi les dix objectifs de la «Stratégie Biodiversité Suisse (SBS)» approuvés par le Conseil fédéral en 2012. Il est en effet démontré que la diversité génétique joue un rôle fondamental pour la conservation des espèces, ainsi que pour la stabilité et le fonctionnement des écosystèmes.

La diversité des gènes (diversité génétique dans le présent document) observée au sein d'une espèce et de ses populations est le fruit de mutations sur le génome, de recombinaisons, du flux et de la dérive génétique, ainsi que d'adaptations locales aux conditions environnementales (en réponse à la sélection naturelle). Les individus dont les gènes procurent un avantage sélectif sur les autres individus de la population, dans des conditions environnementales définies, présentent un meilleur taux de reproduction. Avec le temps, la fréquence de ces gènes va donc augmenter au sein de la population. La possibilité de s'adapter en permanence aux conditions de l'environnement dépend donc de l'éventail de gènes présent dans la population. C'est pourquoi la diversité génétique est un facteur déterminant pour la pérennité des espèces et leur évolution [2]. En l'absence de toute diversité génétique, aucune adaptation à un changement environnemental n'est possible. Sa préservation représente donc un enjeu majeur en biologie de la conservation. Autrement dit, plus la diversité génétique est grande au sein d'une population, plus sa capacité de résilience est élevée et donc ses chances de survie importantes.

La diversité génétique peut être intra-populationnelle (entre individus de la même population) ou inter-populationnelle (entre individus de différentes populations). Cette dernière représente une mesure de différenciation génétique entre populations couramment utilisée (la valeur  $F_{ST}$ ). Plus les différences génétiques observées entre populations sont importantes, plus la part de la diversité inter-populationnelle est grande par rapport à la diversité génétique totale d'une espèce.

## 2.2 La conservation génétique

Les caractéristiques génétiques d'une population se modifient sans cesse sous l'effet combiné de la sélection naturelle et de la dérive génétique. L'influence de ces facteurs est étroitement liée à la taille de la population. Les petites populations isolées sont particulièrement vulnérables aux effets de la dérive génétique. C'est pourquoi elles sont généralement plus exposées aux effets négatifs de la consanguinité. Cette dernière peut contribuer à la disparition de la population lorsque la diversité génétique est faible et que s'accumulent les allèles délétères.

## 2.3 Pourquoi un repeuplement avec des poissons étrangers à la région peut-il être préjudiciable?

Certains gestionnaires font valoir l'argument selon lequel un repeuplement pratiqué avec des poissons originaires de populations géographiquement éloignées accroît la diversité génétique de la population locale et, par conséquent, augmente ses chances de survie. Dans ce contexte, il est important de préciser qu'un flux génétique artificiel entre populations éloignées ne peut s'avérer bénéfique que lorsque la population locale est exposée à un problème de consanguinité. Si ce n'est pas le cas, cette démarche risque de s'avérer extrêmement préjudiciable. En effet, le mélange entre populations éloignées peut provoquer une perte des adaptations locales et, ainsi, rendre la population plus vulnérable (perte de fitness). Contrairement à ce que l'on observe chez certains grands mammifères menacés, la consanguinité est assez rare chez le poisson vivant en conditions naturelles (le risque de consanguinité se manifeste en élevage).

**L'objectif majeur d'une gestion piscicole durable consiste à préserver les caractéristiques génétiques de chaque population d'une espèce.**

## 2.4 Plasticité et adaptations locales

Les individus d'une même espèce mais provenant de différents cours d'eau présentent souvent des aspects externes (p.ex. morphologie) ou internes (p.ex. physiologie) caractéristiques. La diversité de la robe des truites du bassin versant atlantique observable en Suisse en constitue un bon exemple (fig. 1). Ces différences peuvent s'expliquer soit par la plasticité phénotypique, soit par des différences génétiques.

**Fig. 1** > Échantillons de robes de truite (*Salmo trutta*) observables sur le bassin atlantique helvétique

*Les points, les couleurs et les dessins sont extrêmement variés.*

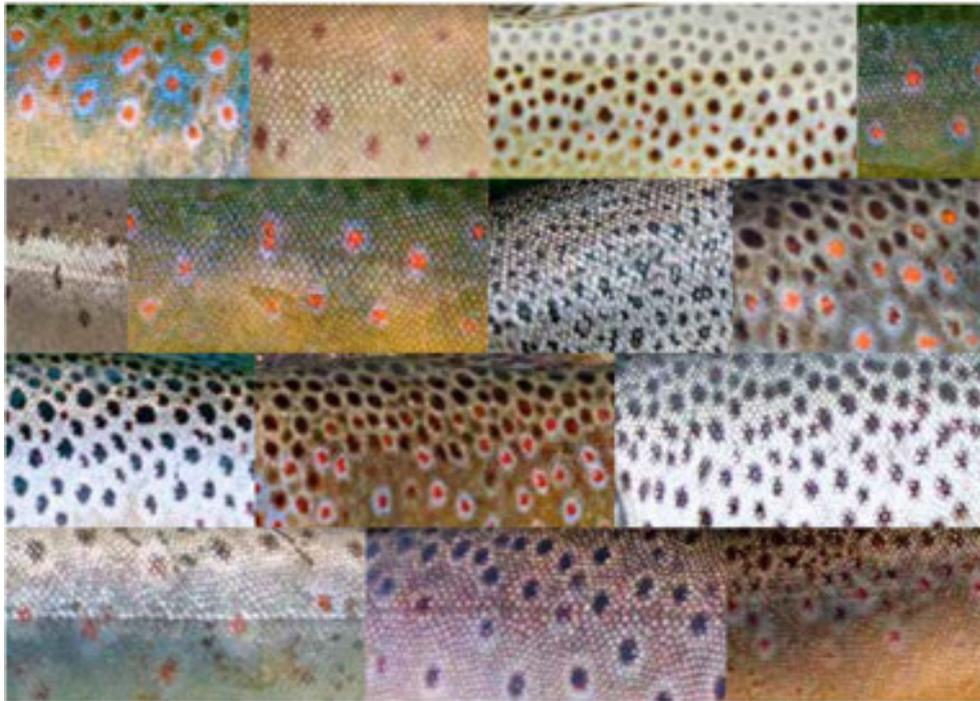


Image tirée de [3]

La plasticité phénotypique exprime la faculté d'un organisme à modifier son phénotype en réponse aux variations de l'environnement sans modification du génome [4]. Les variations morphologiques générées par plasticité phénotypique peuvent améliorer la fitness d'un individu. La plasticité phénotypique n'est toutefois pas transmissible d'une génération à l'autre; en revanche, le degré de cette faculté présente une composante génétique qui peut être héritée [5].

A contrario, un gène donnant un avantage morphologique ou comportemental à un individu a le potentiel d'être transmis d'une génération à l'autre. Au fil du temps et sous l'effet de la sélection naturelle, les génotypes, et donc les phénotypes conférant un avantage sélectif, deviennent de plus en plus nombreux au sein de la population. À terme, ce processus évolutif est à l'origine des adaptations locales inscrites dans le génome.

**Les gestionnaires ont donc également la tâche de préserver les adaptations locales de chaque population en interférant le moins possible avec les processus évolutifs en cours.**

2.5

## Définition des unités de gestion

Par le passé, la gestion piscicole a longtemps été effectuée par espèce, sans tenir compte de l'origine géographique des populations. Ainsi, de nombreux poissons de provenance lointaine ont été introduits dans les eaux suisses. Aujourd'hui, la législation fédérale sur la pêche exige une autorisation de la Confédération pour l'introduction de poissons étrangers à la région (LFSP, art. 6). Sont notamment considérées comme étrangères à la région les populations génétiquement éloignées des populations du lieu d'introduction (OLFP, art. 6, al. 2). Cette autorisation vise entre autres à empêcher le transfert incontrôlé de poissons d'un bassin versant à un autre. Aucune autorisation de la Confédération n'est en revanche nécessaire pour l'immersion de poissons indigènes provenant du même bassin versant que celui du lieu d'introduction (OLFP, art. 8, al. 2). Les unités de gestion basées sur la différenciation génétique ou les adaptations locales doivent donc être définies par les cantons afin de préserver les races locales (OLFP, art. 8, al. 3).

De manière générale, ces principes corroborent les recommandations scientifiques en matière de conservation. La littérature suggère en effet d'utiliser les différences génétiques et les adaptations locales d'une espèce pour définir les unités adéquates de gestion et de conservation [6, 7]. Deux approches emboîtées sont utilisées aujourd'hui:

- > Evolutionary Significant Unit (ESU);
- > Management Unit (MU).

Une **ESU** représente une unité de gestion qui contient une composante évolutive de l'espèce. Une différence génétique unique observée sur un marqueur sélectivement neutre (comme un microsatellite) ne suffit donc pas à définir une ESU, qui vise à conserver de manière pérenne le potentiel évolutif de l'espèce [6]. En général, une ESU renferme plusieurs MU.

Une **MU** ne tient pas compte des facteurs écologiques et évolutifs dans sa définition. Elle est en principe définie à partir de différences génétiques entre populations observées sur des marqueurs génétiques neutres [7].

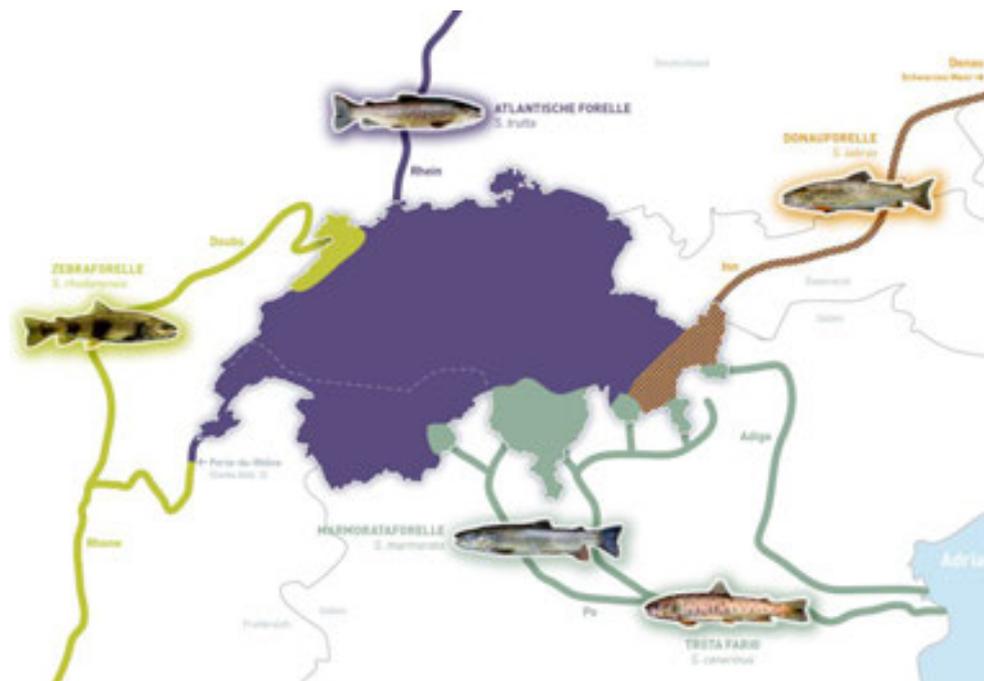
**En pratique, ces recommandations conduisent à une gestion piscicole sur mesure, conçue par espèce, par bassin versant, par cours d'eau, voire même par section de cours d'eau, en veillant à éviter tout transfert artificiel entre unités de gestion par des repeuplements.**

## 3 > Les truites (*Salmo* sp.)

### 3.1 Statut taxonomique

En Suisse, la truite est présente sous la forme de cinq lignées évolutives génétiquement distinctes qui doivent, en termes de gestion, être considérées comme des espèces à part entière (fig. 2) [8]: la truite atlantique (*Salmo trutta*), la truite marbrée (*Salmo marmoratus*), la truite zébrée (*Salmo rhodanensis*), la truite adriatique (*Salmo cenerinus*) et la truite danubienne (*Salmo labrax*).

Fig. 2 > Distribution historique des différentes espèces de truite de Suisse



d'après [3], modifié

### 3.2 Études à l'échelle nationale

La synthèse ci-après a été réalisée à partir des travaux sur la truite menés par l'EAWAG et l'Université de Berne [9–11]. Trente populations provenant de neuf cours d'eau suisses ont été analysées, ce qui représente plus de 850 individus issus des bassins versants du Rhin, du Rhône (sous-bassin du Doubs) et du Pô (Tessin, Adige) (fig. 3).

Fig. 3 &gt; Localisation des 30 populations étudiées [11]



### 3.2.1 Études basées sur la méthode des microsatellites

Au total, 18 loci microsatellites ont été analysés [9], dont dix neutres et huit associés à des gènes (et donc influencés par la sélection naturelle).

Les analyses ont révélé que, globalement, les populations de truites helvétiques peuvent encore être distinguées génétiquement et ce malgré les nombreux mélanges de populations intervenus au fil du temps par l'action de l'homme (repeuplements). Chaque bassin versant montre encore une part plus ou moins importante de souches de truite présentes originellement. Cependant, avec une valeur  $F_{ST}$  moyenne de 0,062, la différence génétique entre les populations est modérée. Les différences génétiques entre populations de bassins versants distincts sont plus élevées qu'entre populations à l'intérieur du même bassin versant.

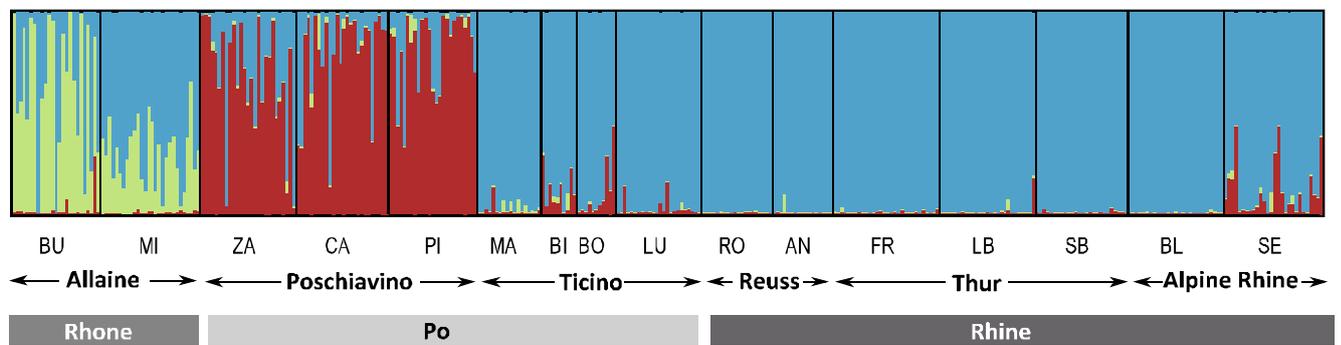
En conclusion, les repeuplements réalisés à large échelle ont affecté l'intégrité génétique des peuplements originels, sans toutefois y éradiquer totalement les espèces de truites natives. Par ailleurs, cinq loci microsatellites associés à des gènes et suspectés de ne pas être neutres montrent des différences parmi les bassins versants. De plus, d'autres microsatellites suggèrent la présence d'une adaptation locale de tolérance à des températures élevées.

### 3.2.2 Études basées sur la méthode des ALFP

Dans la même étude et à l'aide des mêmes échantillons, 229 loci AFLP polymorphes et 369 individus ont également été analysés [9]. Les résultats confirment la distinction des trois bassins versants analysés et l'introgression systématique de la truite atlantique observée à l'aide des microsatellites (fig. 4). En plus, l'étude des AFLP confirme la présence d'une adaptation locale liée à l'altitude parmi les différents bassins versants.

**Fig. 4** > Analyse STRUCTURE (à partir des données AFLP) des différentes populations de truite échantillonnées par grands bassins versants

la couleur bleue correspond à la truite atlantique (*S. trutta*) du bassin versant du Rhin, la couleur rouge à la truite adriatique (*S. cenerinus*) du bassin versant du Pô et la couleur verte à la truite zébrée (*S. rhodanensis*) du bassin versant du Doubs (Allaine).



### 3.3 Études à l'échelle locale ou régionale

#### 3.3.1 Les truites de l'Allaine

Les analyses génétiques effectuées [12] montrent la coexistence de deux espèces de truite dans l'Allaine:

- > La truite zébrée (*S. rhodanensis*), qui est la souche méditerranéenne native dans le bassin du Doubs.
- > La truite atlantique (*S. trutta*), qui y a été introduite.

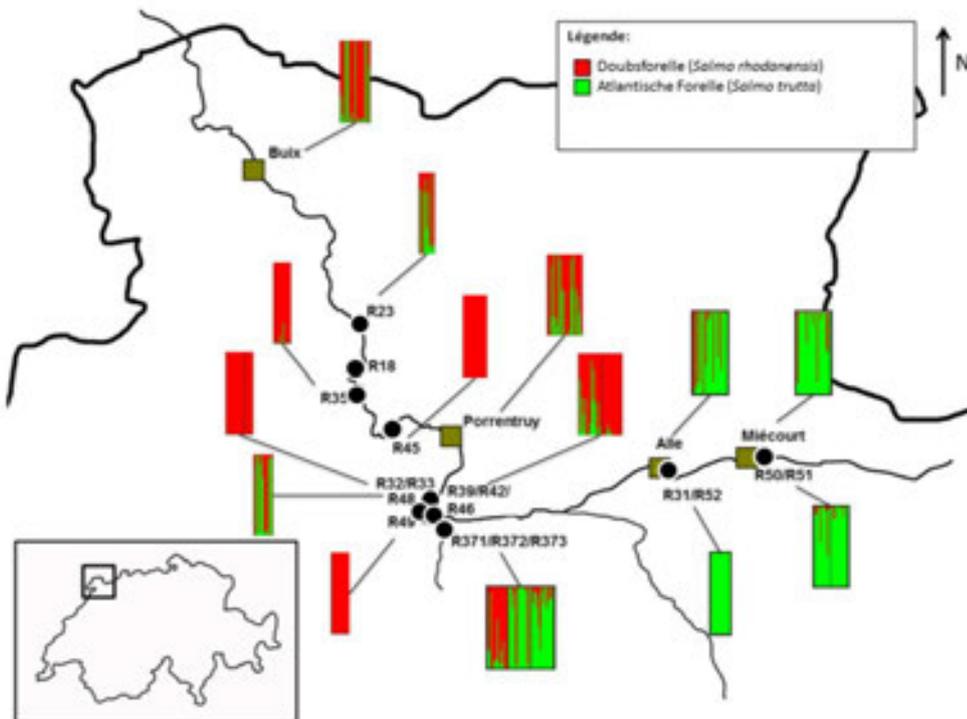
Les deux espèces de truite cohabitent dans la même rivière. Depuis sa source jusqu'à Porrentruy, l'Allaine est dominée par la truite atlantique. Sur le secteur aval, entre Porrentruy et la frontière française, la truite zébrée méditerranéenne (*S. rhodanensis*) est majoritaire (fig. 5). Les données génétiques sont corroborées par l'observation des phénotypes, les adultes atlantiques étant beaucoup plus nombreux en amont qu'en aval. Bien que la reproduction des deux espèces se déroule simultanément et partiellement sur les mêmes frayères, leur taux d'hybridation reste faible. Cela suggère l'existence de mécanismes d'isolement permettant d'éviter une hybridation générale. La nature de ces mécanismes n'a pas encore pu être déterminée. Il faut toutefois noter que l'Allaine n'a pas fait l'objet de mesures de repeuplement en truite de 2001 à 2012.

En matière de gestion, il est donc recommandé:

- > D'éviter tout transfert d'individus au sein du bassin de l'Allaine (de même qu'entre la rivière principale et les affluents).
- > De cesser toute introduction de truites atlantiques ou de toute autre souche non autochtone de l'Allaine dans cette rivière.

**Fig. 5 > Carte des sites de prélèvements**

L'analyse STRUCTURE à l'aide des AFLP est représentée dans les carrés. Chaque barre verticale représente un individu appartenant soit à *S. rhodanensis* (en rouge), soit à *S. trutta* (en vert). Les barres comportant deux couleurs représentent des hybrides ayant des contributions génétiques des deux espèces (d'après [12], modifié).



### 3.3.2 Les truites du Tessin

Historiquement, le bassin du Pô était colonisé par la truite marbrée (*S. marmoratus*) et la truite adriatique (*S. cenerinus*) [8]. Suite à des repeuplements répétés à l'aide de la truite atlantique (*S. trutta*), les populations natives ont été fortement introgressées. Des analyses génétiques ont été effectuées à l'aide de six loci microsatellites afin d'évaluer dans quelle mesure les populations natives de salmonidés subsistent aujourd'hui dans le Tessin [13].

Les résultats montrent que, dans le Tessin et ses affluents (TI sur la fig. 6), la truite native *S. marmoratus* (en jaune dans la fig. 7) a presque disparu et a été remplacée par la truite atlantique (en vert et en rouge dans la fig. 7). Seuls quelques individus avec une proportion élevée de gènes typiques de la lignée *marmoratus* ont pu être observés dans la Melezza.

Par ailleurs, la structure génétique des populations du Tessin et de ses affluents diffère sensiblement de celle des truites de pisciculture (HAT dans la fig. 7), pourtant utilisées pour le repeuplement de cette rivière. Les truites domestiques issues de pisciculture ne semblent ainsi contribuer que faiblement au recrutement des populations sauvages, ces dernières étant essentiellement issues de la reproduction naturelle d'une truite atlantique non indigène. En outre, la diversité génétique des poissons sauvages apparaît significativement plus élevée que celle des poissons issus de pisciculture.

En conclusion, les truites *marmoratus* et *cenerinus* natives du bassin du Pô ont presque complètement disparu des rivières du canton du Tessin. Seuls quelques individus appartenant génétiquement à la truite marbrée ont été capturés dans la Melezza (n° 2, fig. 7). Les truites lacustres capturées dans le Toce/Anza (n° 3, fig. 7) sont bien d'origine marbrée mais présentent de fortes introgressions avec la truite atlantique.

Dans la mesure du possible, ces souches ancestrales devraient être préservées et promues.

Fig. 6 > Sites de prélèvements (points noirs) avec les secteurs de rempoissonnement du Tessin par les piscicultures respectives (lettres majuscules) [13]

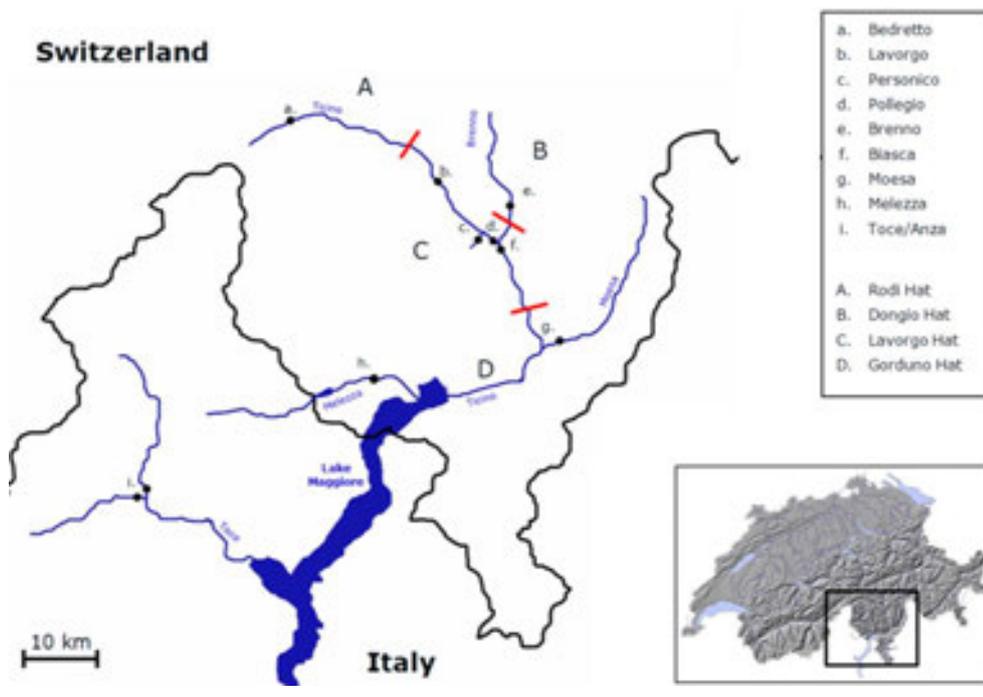
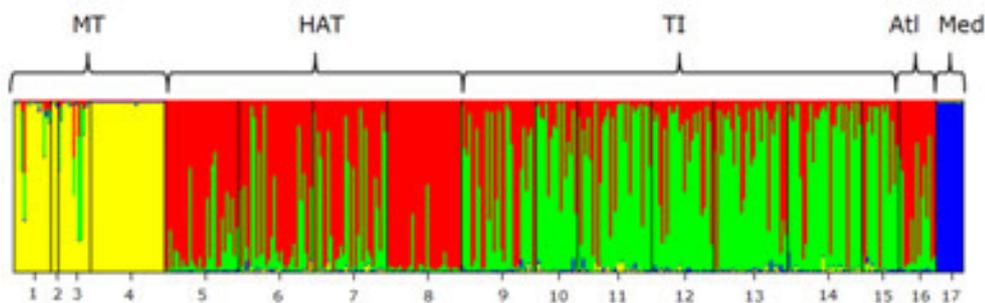


Fig. 7 > Analyse STRUCTURE selon la méthode des ALFP

MT = truite marmoratus (1 = élevage tessinois de marmoratus, 2-3 = affluents du lac Majeur, 4 = souche de référence slovène), HAT = souche de pisciculture tessinoise (5-8), TI = truites du Tessin et de ses affluents (9-15), Atl = truite atlantique (16, Suède), Med = truite méditerranéenne (17, Doubs).



### 3.3.3 Les truites des affluents du lac de Thoune

Au total, 606 truites atlantiques (*S. trutta*) provenant de dix populations du bassin versant du lac de Thoune (fig. 8) ont été analysées à l'aide de onze loci microsatellites [14, 15].

Fig. 8 > Sites de prélèvements dans le bassin du lac de Thoune



Adapté selon [14, 15].

L'étude visait tout d'abord à évaluer les différences génétiques entre les truites présentant un phénotype lacustre et celles présentant un phénotype de rivière, en se basant sur des marqueurs sélectivement neutres. Les résultats ne révèlent aucune différence significative entre les deux écotypes. Les différences génétiques entre truites de rivière issues de différents affluents du lac de Thoune sont plus grandes que les différences génétiques entre truites lacustres et truites de rivière d'un même cours d'eau (Kander).

L'étude confirme donc l'hypothèse selon laquelle la truite de lac n'est pas une espèce à part entière mais plutôt l'une des formes de la truite atlantique.

Les auteurs ont ensuite analysé l'affinité génétique entre les différentes populations. Les résultats montrent qu'à une exception près, toutes les populations sont génétiquement différenciées les unes des autres. Les écarts sont plutôt faibles et comparables à ceux obtenus dans d'autres études génétiques de truites à l'échelle régionale en Suisse. L'étude démontre également que la souche utilisée en pisciculture est génétiquement différente de la population d'origine de la Kander. Elle révèle un impact contrasté du repeuplement: alors que ce dernier n'a laissé quasiment aucune trace dans certaines populations (Kander et Lombach), de fortes introgressions ont été constatées dans d'autres cours d'eau (Hünibach et Simme). Finalement, l'étude montre que la majorité

des truites lacustres capturées dans le lac sont originaires de la Kander et de la Simme et qu'une part relativement importante provient du bassin du lac de Brienz.

En conclusion, les auteurs proposent que les unités de gestion du bassin versant du lac de Thoune, qui étaient déjà ramenées à l'échelle du sous-bassin versant, soient systématiquement affinées au niveau de chaque cours d'eau (une MU par cours d'eau). Tout repeuplement mélangeant les souches doit être évité. Les auteurs proposent d'améliorer les stocks de géniteurs utilisés en pisciculture, afin d'éviter une perte de diversité génétique provoquée par le repeuplement.

#### 3.3.4 Les truites de l'Aar et de ses affluents

Au total, 603 truites atlantiques (*S. trutta*) provenant de 21 populations du bassin versant de l'Aar entre le lac de Thoune et Berne ont été analysées à l'aide de onze loci microsatellites [16]. L'objectif était de savoir si les truites des différents cours d'eau variaient d'un point de vue génétique et/ou phénotypique.

Les résultats révèlent que, malgré la proximité géographique entre populations (2 à 44 km), 88 % des différences génétiques entre populations comparées deux par deux ( $F_{ST}$ ) sont significatives. Les valeurs  $F_{ST}$  sont cependant assez faibles, mais comparables à celles obtenues dans d'autres études sur la truite en Suisse. Les données génétiques ne montrent aucun signe de déficit en diversité génétique.

En parallèle, l'analyse des phénotypes démontre que 50 % des populations sont morphologiquement distinctes les unes des autres et que les différences phénotypiques sont corrélées avec la pente des cours d'eau, ce qui pourrait s'expliquer par une adaptation aux conditions locales.

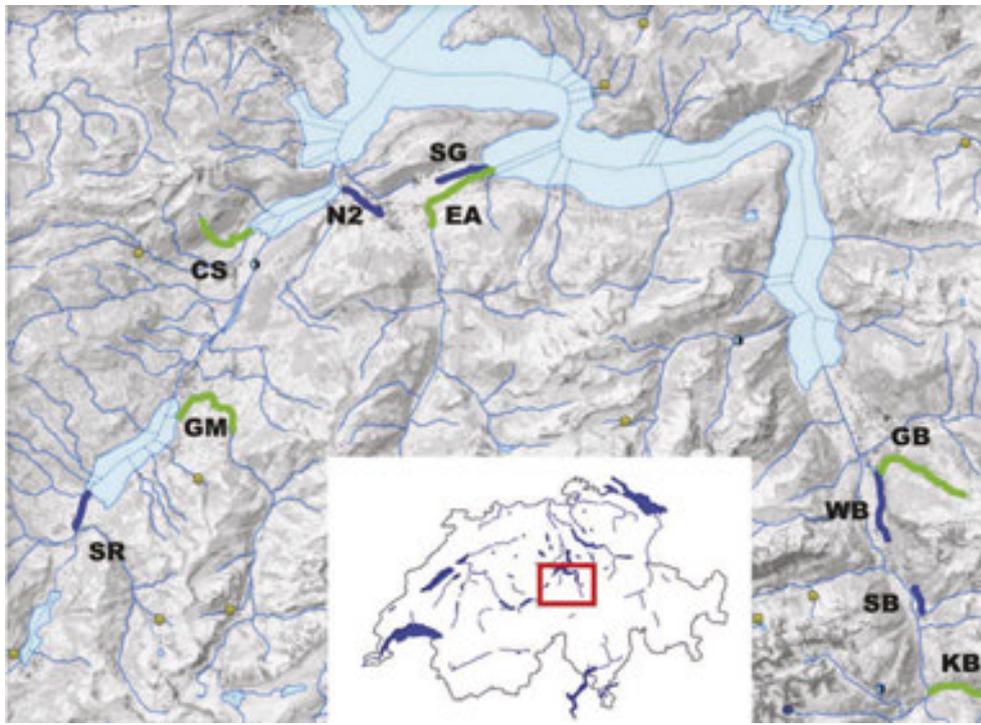
Dans leur publication, les auteurs n'émettent aucune recommandation particulière en matière de gestion. Le canton de Berne applique déjà une approche par sous-bassins versants, voire même par cours d'eau, qui semble porter ses fruits. L'étude confirme les résultats obtenus dans le bassin versant du lac de Thoune [14, 15], qui suggèrent que chaque cours d'eau contribue significativement à la diversité génétique globale et doit donc former une unité de gestion à part entière (MU). L'étude met également en évidence la forte influence de la pente sur la morphologie des truites. Cette observation suggère que les cours d'eau de types différents – se distinguant par exemple par la pente – pourraient abriter des populations de truites spécifiquement adaptées à leurs caractéristiques locales.

### 3.3.5 Les truites du bassin du lac des Quatre-Cantons

Dix populations de truite atlantique (*S. trutta*) du bassin versant du lac des Quatre-Cantons (fig. 9) ont été analysées à l'aide de 14 loci microsatellites [17]. En complément, l'auteur a analysé la coloration, la morphologie et le régime alimentaire de chaque individu. L'objectif de l'étude était de savoir si les truites des différents cours d'eau se distinguaient les unes des autres génétiquement et morphologiquement.

Les résultats révèlent que la plupart des populations sont significativement différentes au plan génétique (tableau 2). Les écarts sont plutôt faibles, mais correspondent à ce qu'indiquent les études similaires réalisées dans d'autres bassins versants en Suisse. L'analyse parallèle des phénotypes révèle de son côté que le type d'alimentation hydrique des cours d'eau a une influence sur la morphologie des truites. Ainsi, les truites vivant dans des rivières principalement alimentées par les eaux souterraines présentent un corps plus trapu et une tête plus courte que celles des milieux à régime pluvio-nival, alimentés par les eaux de surface. Des différences ont également été observées au niveau de la coloration des poissons.

Fig. 9 > Sites de prélèvements dans le bassin du lac des Quatre-Cantons [17]



Tab. 2 > Valeurs  $F_{ST}$  entre les populations du bassin versant du lac des Quatre-Cantons

	N2	CS	SR	GM	EA	WB	GB	SB	KB	SG
N2	-	<0,001	0,009	<0,001	0,036	0,063	0,014	0,009	0,063	<0,001
CS	0,0247***	-	0,018	<0,001	0,027	0,189	0,009	0,108	<0,001	0,045
SR	0,0157**	0*	-	<0,001	0,027	0,036	0,015	0,018	0,018	<0,001
GM	0,0120***	0,0219***	0,0167***	-	<0,001	0,009	0,016	<0,001	0,027	<0,001
EA	0,0205*	0,0121*	0,0108*	0,0231***	-	0,135	0,007	0,018	0,009	0,009
WB	0,0168	0,0217	0,0154*	0,0136**	0,0072	-	<0,001	0,108	0,108	<0,001
GB	0,0350*	0,0155**	0,0331*	0,0219*	0,0158**	0,0197***	-	0,009	<0,001	<0,001
SB	0,0320**	0,0173	0,0129*	0,0170***	0,0149*	0,0118	0,0229**	-	0,603	0,009
KB	0,0122	0,0250***	0,0126*	0,0292*	0,0090**	0,0146	0,0423***	0,0192	-	<0,001
SG	0,0262***	0,0113*	0,0064***	0,0198***	0,0141**	0,0168***	0,0226***	0,0232**	0,0202***	-

\*:  $p < 0,05$ , \*\*:  $p < 0,01$ , \*\*\*:  $p < 0,001$ indiquées en dessous de la diagonale et valeurs de  $p$  au-dessus de la diagonale [17]

Dans le bassin du lac des Quatre-Cantons, chaque cours d'eau contribue à la diversité génétique globale de la truite et constitue une unité de gestion à part entière (MU). L'étude révèle également que la morphologie des truites varie en fonction du type d'alimentation hydrique du cours d'eau dans lequel elles vivent. Cette observation suggère que les truites se sont adaptées différemment aux conditions locales en fonction du type d'alimentation hydrique. Même si, pour l'heure, on ne peut dire si l'adaptation en question est d'origine génétique ou s'explique par une plasticité phénotypique, ces différences entre cours d'eau doivent être prises en compte dans la gestion.

### 3.3.6 Les truites de la Birse

Un total de 585 truites atlantiques (*S. trutta*) issues de 19 populations (dont deux de piscicultures) de la Birse et de ses affluents en amont de Reinach (fig. 10) ont été analysées à l'aide de huit loci microsatellites [18]. L'objectif de l'étude était de savoir si les truites des différents tronçons de cours d'eau et affluents se distinguaient génétiquement.

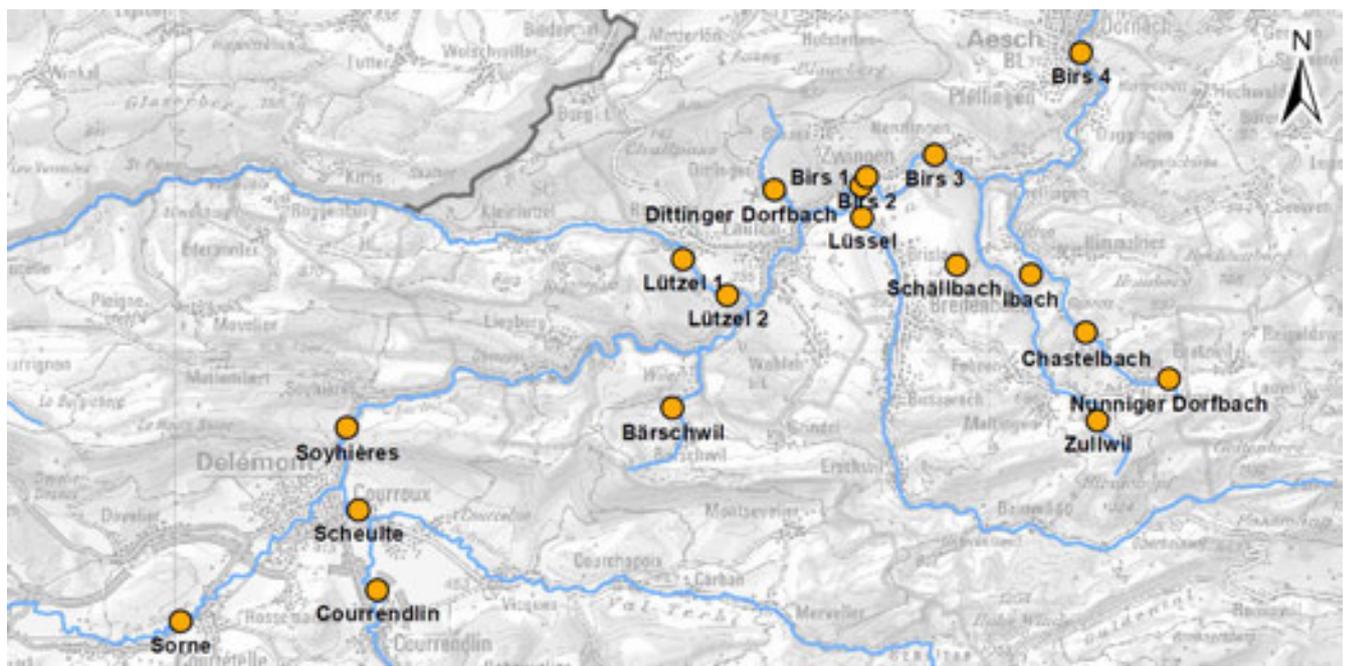
Les analyses révèlent que, d'un point de vue génétique, la plupart des populations (74 %) ne se distinguent pas les unes des autres. Les valeurs  $F_{ST}$  (non publiées, mais mises à disposition pour ce document) sont cependant similaires à celles observées ailleurs en Suisse ( $F_{ST}$  de 0 à 0,07). Le manque de robustesse statistique de l'analyse basée sur seulement huit loci pourrait expliquer les résultats.

En plus de la structure géographique, les auteurs ont tenté de vérifier si des facteurs génétiques (consanguinité) pouvaient être à l'origine de déformations observées sur les truites de la Birse. Cette hypothèse n'a pas pu être confirmée.

En conclusion, aucune structuration géographique significative n'a pu être observée dans le haut bassin versant de la Birse. D'après les auteurs, cette situation serait une des conséquences d'un repeuplement massif sans respect de la spécificité des différents cours d'eau du bassin versant. Ainsi, la Birse semble aujourd'hui représenter une seule

unité de gestion (MU) fortement artificialisée par le repeuplement. Cette conclusion doit cependant être relativisée compte tenu du peu de loci analysés et des valeurs similaires des  $F_{ST}$  par rapport aux autres études génétiques sur la truite en Suisse.

**Fig. 10** > Sites de prélèvements dans le bassin de la Birse



Adapté selon [18]

### 3.3.7 Les truites des lacs de Sils et de Poschiavo

En 2012, une campagne de prélèvements a été menée dans les lacs de Sils et de Poschiavo dans le cadre du «Projet Lac». Au total, 62 truites rassemblant les différents phénotypes observés (fig. 11) ont été analysées à l'aide de plus de 20000 loci SNP [19]. L'objectif de l'étude était de savoir si plusieurs espèces de truite pouvaient coexister au sein d'un même lac.

Fig. 11 &gt; Phénotypes observés dans le lac de Poschiavo en 2012 [19]



Dans le lac de Poschiavo, l'étude a révélé une forte hybridation entre les différentes espèces de truite des trois bassins versants (Pô, Danube et Rhin). Les individus n'ont pas pu être assimilés à l'une des quatre espèces de truites vivant potentiellement dans le lac (*S. trutta*, *S. cenerinus*, *S. marmorata*, *S. labrax*). En revanche, un lien entre phénotype et génotype a pu être identifié. Il convient en conséquence de mettre en place une politique de gestion piscicole favorisant le développement de génotypes typiques de la station.

Dans le lac de Sils, deux populations de truite génétiquement différenciées ont pu être identifiées. L'une appartient à la lignée des truites atlantiques (*S. trutta*) et l'autre à celle du Danube (*S. labrax*). Le lac de Sils semble donc abriter deux truites génétiquement distinctes qui ne s'hybrident apparemment pas. Aucun lien n'a cependant pu être mis en évidence entre le phénotype et le génotype. En l'absence de documents historiques ou d'informations qui auraient permis de définir quelle truite est autochtone, il est recommandé par précaution de gérer séparément les deux espèces.

### 3.3.8 Les truites des Grisons et du Tessin

Dans le cadre du «Progetto Fiumi», 722 truites issues de 23 populations des bassins du Rhin alpin, de l'Inn, du Poschiavino et du Tessin (fig. 12) ont été analysées à l'aide de treize loci microsatellites et, pour une partie d'entre elles, à l'aide d'ADN mitochondrial [20]. L'objectif était d'étudier la diversité génétique et phénotypique et de caractériser les rapports entre ces deux types de diversité.

**Fig. 12** > Sites de prélèvements dans les bassins versants du Rhin alpin, de l'Inn, du Poschiavino et du Tessin [20]

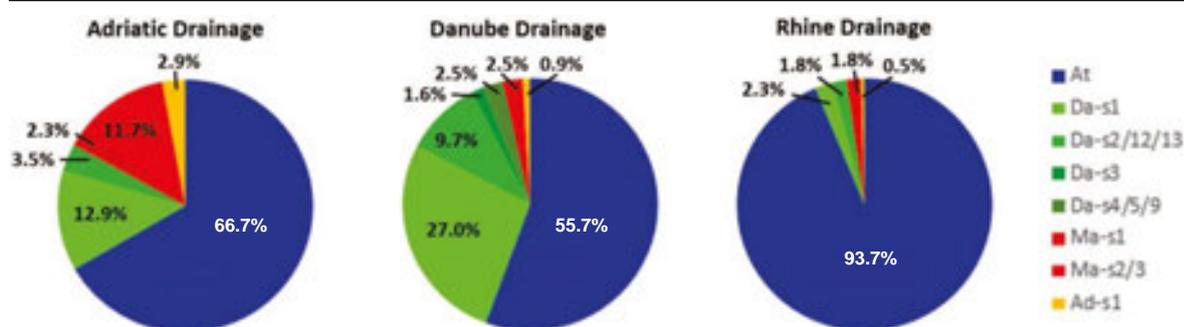


Les résultats montrent la présence concomitante de gènes de la truite atlantique et de la truite danubienne en Engadine (fig. 13). Les deux espèces (*S. trutta* et *S. labrax*) se sont cependant très fortement hybridées. La situation est donc quelque peu différente de celle décrite par les analyses du génome des truites du lac de Sils (cf. chapitre 3.3.7). Comme dans l'étude du «Projet Lac», aucune corrélation n'a pu être observée ici entre les loci investigués et les composantes morphologiques des truites.

Ce travail fournit peu d'indications sur les différences génétiques entre les populations à l'intérieur des bassins versants. Les données de  $F_{ST}$  ne sont disponibles que pour les populations d'Engadine. Ces valeurs révèlent que 19 des 45 différences génétiques mesurées sont significatives. Les valeurs  $F_{ST}$  sont comprises entre 0 et 0,05, soit une fourchette comparable à celle d'autres études effectuées en Suisse sur la truite. La part de différences significatives est cependant relativement faible.

**Fig. 13** > Distribution des haplotypes d'ADN mitochondrial dans les trois bassins versants étudiés

Les haplotypes d'ADN mitochondrial de la truite atlantique (*S. trutta*) sont représentés en bleu, ceux de la truite danubienne (*S. labrax*) en vert, ceux de la truite marbrée (*S. marmoratus*) en rouge et ceux de la truite adriatique (*S. cenerinus*) en orange. Il apparaît nettement que les bassins danubien et adriatique abritent de très nombreux haplotypes alloctones [20].



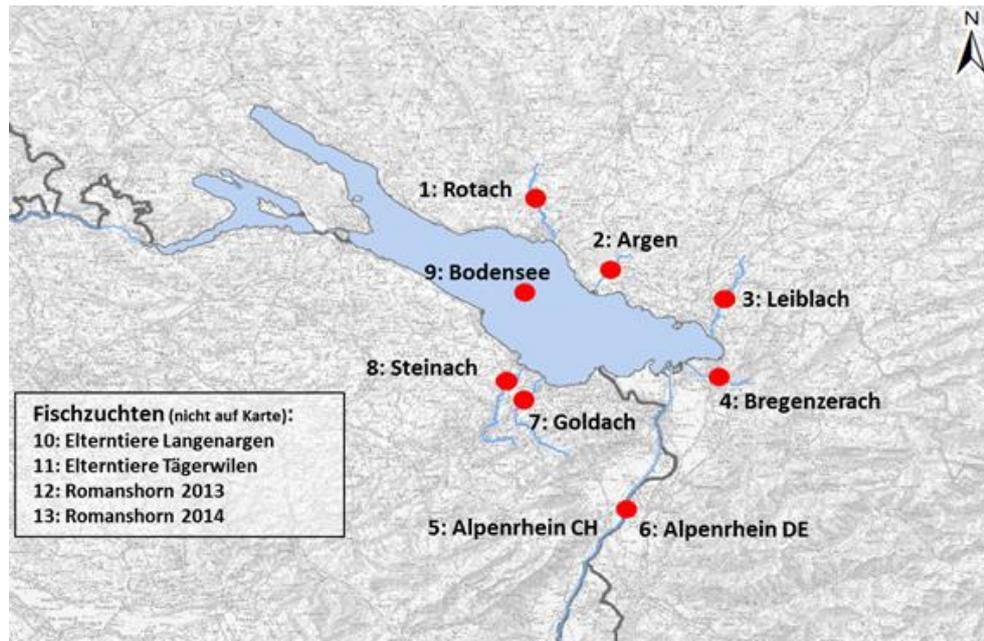
### 3.3.9 Les truites lacustres du bassin du lac de Constance

Cette étude a porté sur 351 truites atlantiques capturées dans le cadre du prélèvement de géniteurs dans sept affluents du lac de Constance: Rotach, Argen, Leiblach, Brengenerach, Rhin alpin, Goldach et Steinach [21]. En complément, 32 truites lacustres issues du stock de géniteurs de Romanshorn, 31 truites issues du stock de géniteurs de la Simmi, 39 truites de rivière issues du stock de géniteurs du Liechtensteiner Binnenkanal et 22 truites de rivière issues de la Nafla ont fait l'objet d'investigations (Fig. 14). La structure des populations a été caractérisée par l'analyse de neuf loci microsatellites. Les séquences d'ADN mitochondrial ont par ailleurs été examinées afin de déterminer l'origine des truites lacustres et de retracer l'histoire de la colonisation du lac de Constance après les dernières glaciations.

L'étude comparative des truites lacustres remontant dans les différents affluents révèle une structuration génétique marquée par une majorité de différences significatives entre les populations (Tab. 3). Dans l'ensemble, les truites lacustres des affluents austro-germaniques ont plus de similitudes génétiques entre elles qu'avec les truites lacustres prélevées côté helvétique. Il apparaît d'autre part que les géniteurs à l'origine

du stock captif de truites lacustres de Romanshorn sont génétiquement différents des truites de lac observées dans tous les affluents étudiés.

Fig. 14 > Sites de prélèvements dans le bassin du lac de Constance [21]



L'étude a par ailleurs révélé que les truites lacustres du lac de Constance présentent principalement des haplotypes atlantiques (*S. trutta*) même si trois individus arborent un haplotype danubien (*S. labrax*) et un individu un haplotype marbré (*S. marmoratus*). Les auteurs en déduisent donc que le lac de Constance aurait été colonisé à partir de deux refuges différents après le recul des glaciers et que les truites lacustres sont ensuite entrées en contact dans le lac. Il ne semble cependant pas exclu que la présence d'haplotypes danubiens soit imputable à des repeuplements massifs effectués avec des truites lacustres d'origine parfois inconnue suite à l'effondrement du stock de truites lacustres à la fin des années 1980.

En conclusion, ces résultats indiquent que tous les affluents étudiés du lac de Constance abritent une population génétiquement distincte et doivent constituer autant d'unités de gestion indépendantes (MU). En revanche, aucune différence notable n'a été observée entre différents sites au sein d'un même cours d'eau.

**Tab. 3 > Comparaison par paire (basée sur neuf loci microsattellites) entre truites lacustres de plusieurs affluents et du stock de géniteurs de Romanshorn**

Les valeurs  $F_{ST}$  sont indiquées en dessous de la diagonale. Les valeurs de  $p$  sont indiquées en dessus de la diagonale. Les numéros correspondent aux numéros des populations échantillonnées dans la figure 14. Pour le tableau  $F_{ST}$ , plusieurs sites d'un même cours d'eau ont été rassemblés.

Populations	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 Rotach	-	p<0,001											
2 Argen	0,032	-	p<0,05	p<0,01	p<0,01	n.s.	p<0,01	p<0,05	p<0,01	p<0,001	p<0,01	p<0,001	p<0,001
3 Leiblach	0,015	0,012	-	p<0,001									
4 Bregenzerach	0,013	0,017	0,013	-	p<0,001								
5 Alpenrhein CH	0,015	0,022	0,018	0,012	-	p<0,001							
6 Alpenrhein DE	0,030	0,013	0,030	0,024	0,015	-	p<0,001						
7 Goldach	0,044	0,019	0,017	0,037	0,031	0,036	-	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001
8 Steinach	0,025	0,015	0,013	0,021	0,025	0,024	0,00951	-	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001
9 Bodensee SF	0,015	0,017	0,013	0,016	0,011	0,028	0,02241	0,01664	-	p<0,001	p<0,001	p<0,001	p<0,001
10 Elterntiere Langenargen	0,014	0,061	0,033	0,029	0,029	0,063	0,06992	0,05145	0,02879	-	p<0,001	p<0,001	p<0,001
11 Elterntiere Tägerwilen	0,019	0,033	0,025	0,027	0,029	0,035	0,02597	0,00781	0,01665	0,04694	-	p<0,001	p<0,001
12 Romanshorn 13	0,028	0,056	0,026	0,034	0,044	0,057	0,05909	0,04687	0,03748	0,05177	0,5923	-	p<0,001
13 Romanshorn 14	0,038	0,055	0,036	0,045	0,045	0,075	0,07885	0,07139	0,04318	0,03155	0,07407	0,06144	-

### 3.3.10 Les truites du canton d'Argovie

Un total de 2687 truites atlantiques du canton d'Argovie (492: pisciculture, 2061: cours d'eau et 134: plan d'eau) ont été analysées à l'aide de 12 loci microsattellites afin d'identifier les principales unités de gestion. Les premiers résultats indiquent des différences génétiques entre populations, comparables à celles observées dans d'autres bassins versants. Des recommandations en matière d'unités de gestion sont proposées dans le rapport final d'évaluation [22].

### 3.4 Synthèse des études génétiques sur la truite et recommandations en matière de gestion piscicole

#### 3.4.1 Échelle nationale

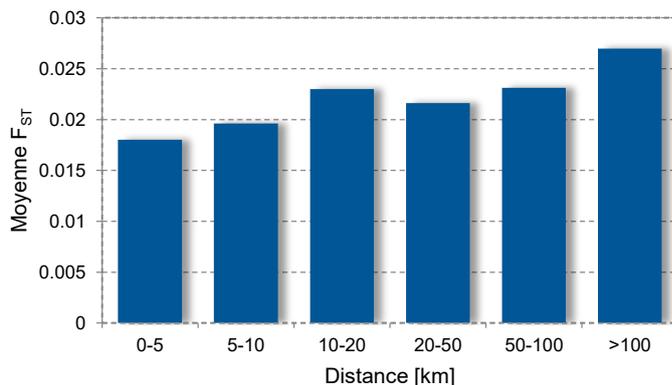
Les espèces de truites européennes ont été décrites par Kottelat et Freyhof en 2007 [8]. Les études génétiques au niveau national montrent que, malgré l'introduction massive de souches allochtones, les unités génétiques natives de chaque bassin versant restent identifiables.

*Malgré les repeuplements massifs effectués jusque dans un passé récent, les différentes espèces indigènes de truite en Suisse (*S. trutta*, *S. rhodanensis*, *S. labrax*, *S. marmoratus*, *S. cenerinus*) sont encore identifiables génétiquement. Elles doivent donc être prises en compte dans la définition des unités de gestion à l'échelle nationale. Ces unités, prévues par la loi, ne doivent pas être mélangées, afin de conserver les espèces de truite typiques du bassin versant, ainsi que les processus évolutifs en cours.*

#### 3.4.2 Échelle régionale

À l'échelle régionale, les études montrent que les différences génétiques entre populations sont faibles ( $F_{ST}$  entre 0 et 0,07). Il apparaît également que la distance génétique augmente légèrement en fonction de la distance géographique entre les populations (fig. 15).

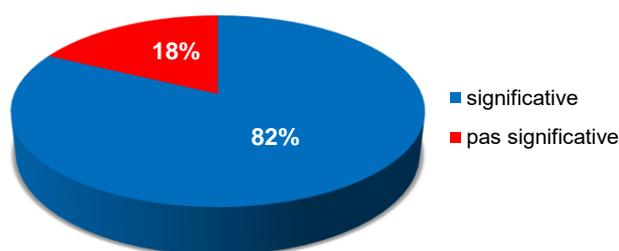
**Fig. 15** > Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance entre les populations



Au total, 82 % des différences génétiques observées (valeurs  $F_{ST}$ ) sont statistiquement significatives (fig. 16). La proportion des différences significatives augmente également avec l'éloignement entre les populations (fig. 17). Ainsi, d'une manière générale, les populations analysées sont génétiquement d'autant plus différenciables les unes des

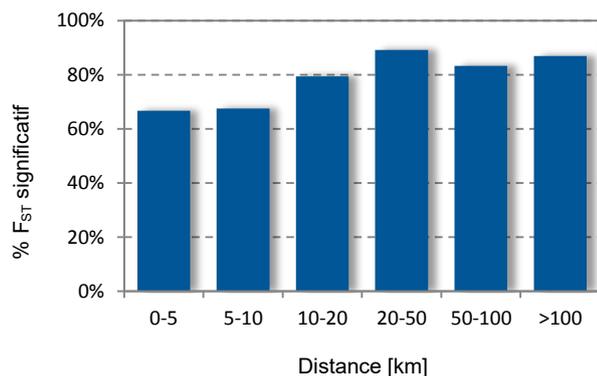
autres que leur éloignement est important. La Birse en amont de Reinach constitue la seule exception à cette règle.

**Fig. 16** > Proportion de valeurs  $F_{ST}$  significatives observées entre les populations d'un même bassin versant



*Les études génétiques effectuées démontrent que des eaux différentes abritent généralement des populations de truite génétiquement différenciées. Ces différences génétiques peuvent apparaître à petite échelle géographique. Les différentes eaux doivent donc être considérées en tant qu'unités de gestion distinctes (MU). Les valeurs de différenciation génétique (valeurs  $F_{ST}$ ) relativement faibles observées au niveau suisse sont probablement la conséquence des repeuplements intensifs effectués ces dernières années.*

**Fig. 17** > Proportion des différences génétiques significatives observées selon la distance entre les populations



### 3.4.3 Adaptations locales

À ce jour, seul un petit nombre d'études ont été menées en Suisse sur l'adaptation de la truite aux conditions locales. Deux d'entre elles ont mis en évidence un rapport entre certains facteurs environnementaux et des adaptations locales d'ordre génétique [9, 11]: elles ont montré dans plusieurs bassins versants que les truites se différenciaient génétiquement en fonction de l'altitude.

Deux autres études ont montré une relation entre les caractéristiques du milieu et le phénotype des truites [17, 18] d'une part, une corrélation entre la morphologie des poissons et la pente du cours d'eau [17]; d'autre part, une corrélation entre le type d'alimentation hydrique du cours d'eau et la forme ainsi que la coloration des poissons. Ces études ne permettent cependant pas d'exclure que ces associations soient le résultat d'un phénomène de plasticité phénotypique.

*En Suisse, très peu d'investigations génétiques ont été réalisées jusqu'à présent sur les adaptations locales de la truite; ces dernières ont été documentées dans seulement deux études. Elles tendent à montrer que des truites de différents étages altitudinaux et de plusieurs bassins versants se sont adaptées génétiquement aux conditions locales du milieu. D'autres études évoquent la possibilité d'adaptations locales de la coloration ou de la morphologie, sans toutefois exclure la possibilité de plasticité phénotypique. L'observation selon laquelle «dans des milieux différents, des caractéristiques (génétiques) différentes peuvent apparaître» doit être prise en compte lors de la définition d'unités de gestion.*

#### 3.4.4 Unités de gestion des truites

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion des truites en Suisse à l'échelle régionale:

- > La Suisse abrite cinq espèces de truites:
  - *Salmo trutta* dans les bassins du Rhône (bassin lémanique) et du Rhin
  - *Salmo rhodanensis* dans le bassin du Doubs
  - *Salmo cenerinus* dans les bassins du Tessin, de l'Adige, du Poschiavino et de la Maira
  - *Salmo marmoratus* dans les bassins du Tessin et du Poschiavino
  - *Salmo labrax* dans le bassin de l'Inn.
- > Conformément à la loi, les grands bassins hydrographiques de Suisse (Rhône, Doubs, Rhin, Tessin, Inn, Adda et Adige) doivent être gérés séparément.
- > Les truites originaires de différents cours d'eau doivent être gérées séparément. Si, pour diverses raisons (une réintroduction, par exemple), une gestion par cours d'eau est impossible, une source géographiquement proche appartenant au même sous-bassin versant et issue d'un cours d'eau de typologie similaire doit être utilisée.
- > Au sein d'un bassin versant, voire d'un cours d'eau, les truites provenant de sections présentant des caractéristiques hydrogéomorphologiques différentes ne doivent pas être mélangées ou transférées, ceci afin de préserver toute adaptation locale éventuelle.

## 4 > L'ombre (*Thymallus thymallus*)

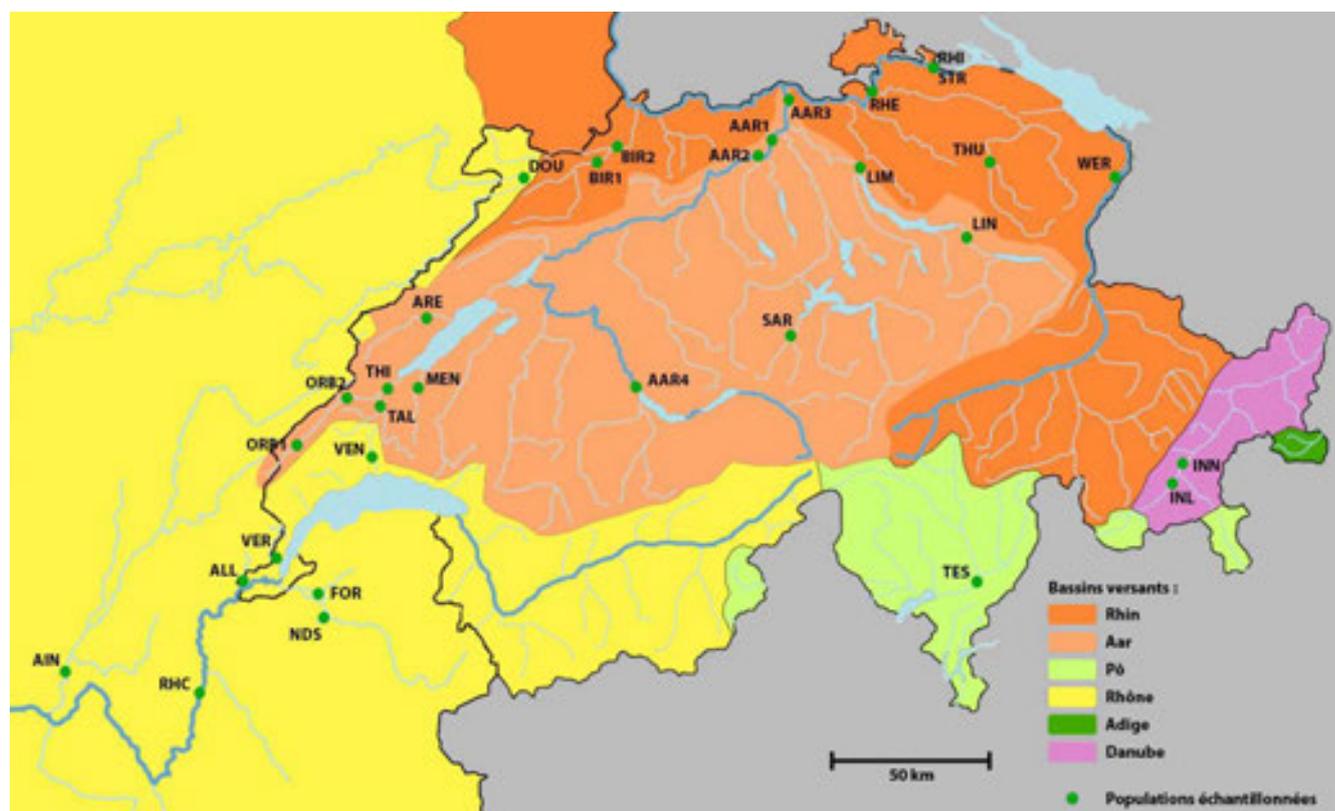
### 4.1 Statut taxonomique

En Suisse, l'ombre (*Thymallus thymallus*) est représenté par une seule espèce décrite. Il s'agit d'un poisson très prisé par la pêche de loisir, qui fait l'objet d'une gestion depuis plusieurs décennies. Les repeuplements effectués sont cependant bien moindres que ceux de la truite.

### 4.2 Étude à l'échelle nationale

Une étude génétique sur l'ombre à l'échelle nationale a été commandée par l'OFEV et publiée en 2011 [23]. Son objectif était de caractériser génétiquement le plus grand nombre possible de populations d'ombre de Suisse. Au total, 1118 individus issus de 31 populations naturelles et cinq populations autrichiennes de référence ont été analysés à l'aide de dix loci microsatellites et d'une séquence d'ADN mitochondrial. Les sites de prélèvements sont indiqués à la figure 18.

Fig. 18 > Répartition géographique des sites de prélèvements pour l'étude génétique de l'ombre à l'échelle nationale [23]



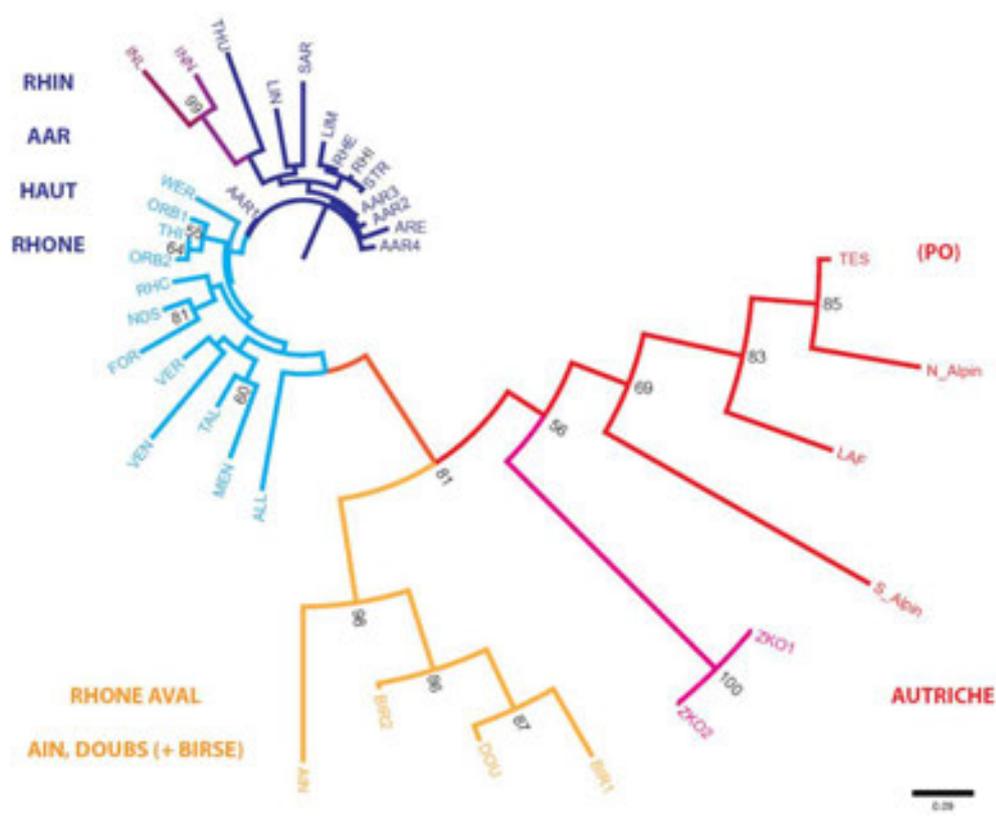
#### 4.2.1 Études basées sur la méthode des microsatellites

Les analyses effectuées font état d'une diversité génétique élevée dans les différentes populations, dont le taux moyen d'hétérozygotie varie entre 0,51 et 0,75.

Le taux de différenciation génétique ( $F_{ST}$ ) entre populations est significatif pour quasiment toutes les comparaisons par paire (456 cas sur 465). Les rares différences non significatives sont observées entre sites localisés dans un même cours d'eau. Le  $F_{ST}$  varie d'une valeur très faible de 0,01 (populations appartenant au même cours d'eau) à une valeur relativement élevée de 0,37 (populations très éloignées géographiquement).

**Fig. 19** > Arbre phylogénétique des populations d'ombre étudiées [23]

Les abréviations correspondent à celles de la figure 18. Les nombres indiquent la robustesse statistique des branches déterminées (de 0 à 100).



Une analyse phylogénétique des données montre que les bassins versants sont en général bien reconnaissables au niveau génétique. La Birse fait exception: dans ce cours d'eau, la population a été repeuplée en utilisant des ombres du Doubs après un événement de mortalité massive. Dans le Werdenberger Binnenkanal, des ombres originaires du bassin du Danube ont été identifiés, dont la présence s'explique également par des repeuplements. Inversement, aucun ombre danubien n'a pu être identifié dans les deux populations suisses de l'Inn, qui appartient pourtant au bassin du Danube. Les repeu-

plements y ont en effet été pratiqués avec des ombres provenant de l'est du bassin rhénan suisse. Enfin, la population du Tessin ne se rattache pas aux ombres du Pô, mais résulte également de repeuplements effectués avec des poissons danubiens.

#### 4.2.2 Études basées sur la méthode de l'ADN mitochondrial

Les analyses phylogénétiques de l'ADN mitochondrial confirment la répartition globale par bassin versant déjà mise en évidence à l'aide des microsatellites. Les données détaillées peuvent être consultées dans le rapport correspondant [23].

#### 4.2.3 Conclusions

L'étude met en évidence une forte structuration génétique des populations d'ombre. Un mélange, dû aux repeuplements, est cependant visible dans certaines populations. Au vu de ces résultats, les auteurs distinguent plusieurs lignées évolutives, dont il convient de tenir compte dans la gestion piscicole:

- > Les bassins rhénan et lémanique, comprenant les populations de l'Aar, du Rhin, de la Limmat, du lac de Neuchâtel et de la région lémanique, ainsi que la population allochtone de l'Inn.
- > Le bassin du Rhône, comprenant les populations de l'Ain (F) et du Doubs, ainsi que la population allochtone de la Birse.
- > Le bassin du Danube, comprenant les populations de référence autrichiennes et les populations autochtones présentes dans le Tessin.

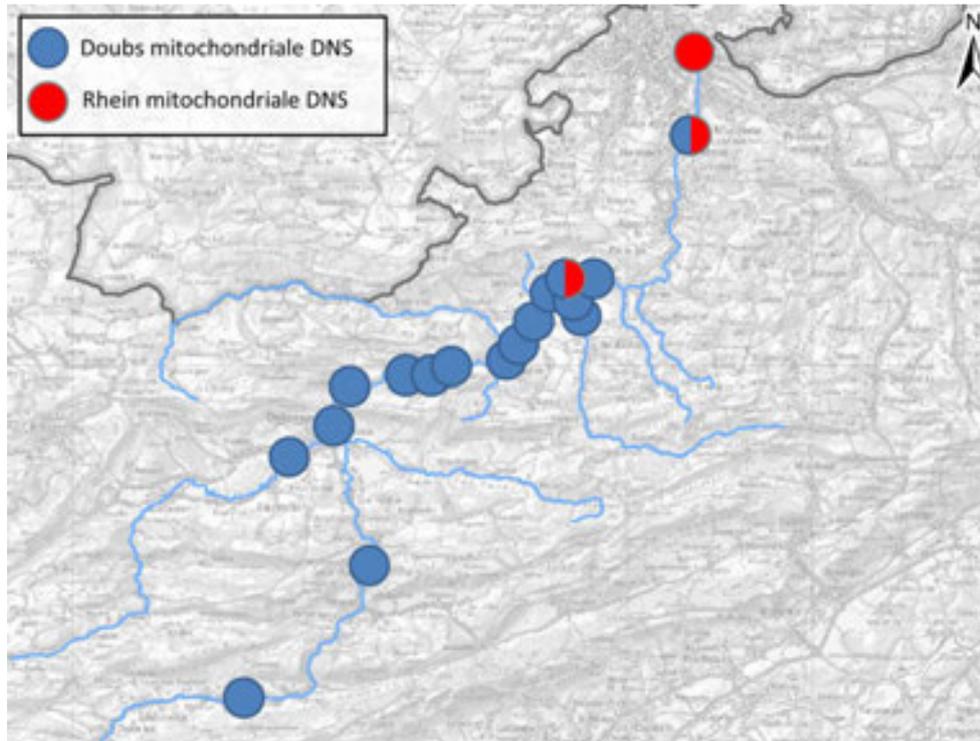
Les auteurs constatent qu'au sein de ces lignées évolutives, les ombres de chaque cours d'eau doivent être gérés séparément en autant d'unités de gestion indépendantes (MU). Dans les grands cours d'eau, comme l'Aar ou le Rhin, il semble suffisant de définir une seule MU pour l'ensemble du cours d'eau.

### 4.3 Études à l'échelle locale ou régionale

#### 4.3.1 Les ombres de la Birse

La génétique des ombres de la Birse a fait l'objet d'investigations génétiques détaillées au cours de ces dernières années. Les études [24, 25] visaient tout particulièrement à évaluer l'effet des nombreux obstacles à la migration qui fragmentent la Birse sur les propriétés génétiques des populations. Au total, 277 individus ont été prélevés le long de la rivière (fig. 20) et analysés à l'aide de douze loci microsatellites et de l'ADN mitochondrial.

**Fig. 20** > Localisation des sites de prélèvements dans le cours de la Birse et identification des lignées mitochondriales des souches rhodanienne (en bleu) et rhénane (en rouge)



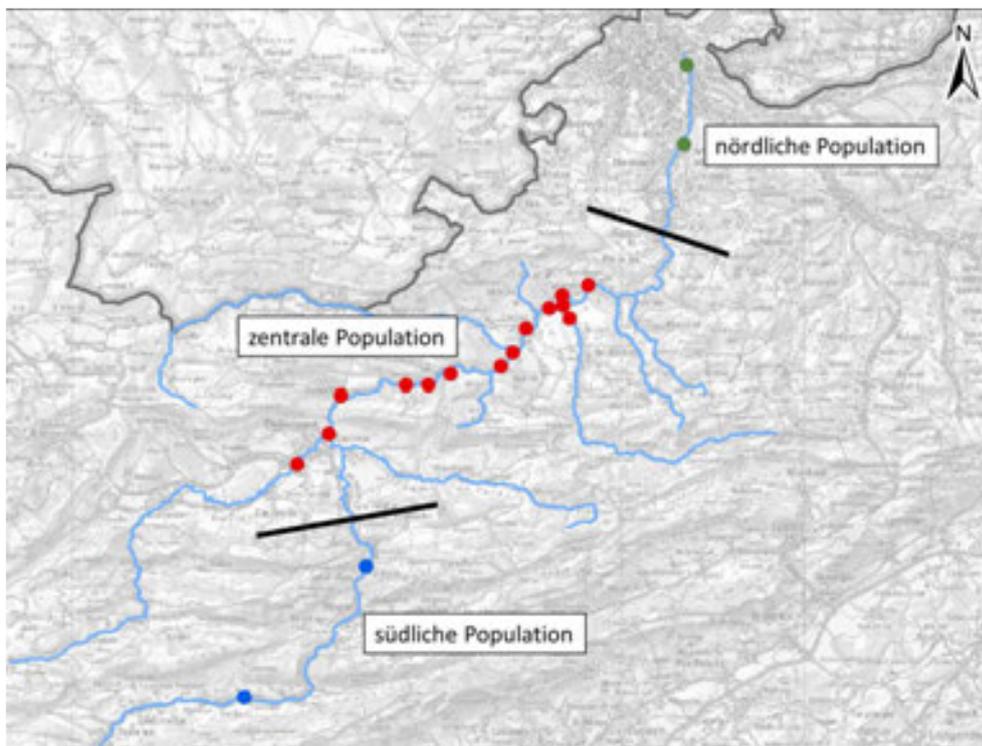
Adapté selon [24]

Les données sur l'ADN mitochondrial révèlent que la Birse abrite aujourd'hui deux lignées évolutives fortement différenciées sur le plan génétique. La première, qui correspond à la souche rhénane autochtone, n'a été observée que dans la partie inférieure de la Birse, de sa confluence avec le Rhin jusqu'à Moossee. En revanche, les secteurs moyen et supérieur n'abritent plus que des ombres allochtones, originaires du bassin rhodanien (fig. 20). Compte tenu de la quasi-absence de recouvrement des aires de distribution de ces deux souches, cette situation pourrait s'expliquer par un manque de continuité physique et écologique du cours d'eau.

Les résultats de l'analyse des microsatellites confirment, à première vue, ceux obtenus avec l'ADN mitochondrial. Ils révèlent toutefois que les ombres de la Birse se répartissent en trois unités génétiques distinctes (fig. 21):

- > La première population occupe la partie inférieure de la Birse et correspond à la souche rhénane identifiée avec l'ADN mitochondrial.
- > La seconde population occupe le cours moyen de la Birse entre Moossee et Delémont. Elle semble constituée d'un mélange d'ombres provenant d'au moins deux populations génétiquement différenciées. Leur origine se situe principalement dans le bassin versant du Rhône.
- > La troisième population colonise le secteur en amont de Delémont et présente également une origine rhodanienne.

Fig. 21 > Localisation des trois populations génétiques identifiées dans la Birse à l'aide des microsatellites



Adapté selon [25]

Les trois populations présentent un degré de différenciation génétique moyen à très élevé ( $F_{ST}$  allant de 0,12 à 0,48). Ces différences indiquent que le flux génétique entre les populations est fortement entravé par les obstacles à la migration.

Les résultats montrent que des ombres appartenant à deux lignées fortement distinctes vivent aujourd'hui dans la Birse. Les ombres autochtones, de souche rhénane, ne sont plus présents qu'à proximité de la confluence avec le Rhin, tandis que le cours moyen et supérieur de la rivière est aujourd'hui occupé par des ombres introduits originaires du bassin rhodanien. La gestion piscicole doit donc être orientée de sorte à favoriser les ombres autochtones. Ceci peut se faire de deux façons complémentaires, à savoir en améliorant la continuité écologique du cours d'eau et en renonçant aux repeuplements avec des poissons de souche allochtone.

#### 4.3.2 Les ombres du canton de Saint-Gall

Des investigations génétiques ont été réalisées avec des ombres du canton de Saint-Gall, afin de savoir si les populations présentes sur le territoire cantonal étaient génétiquement différenciées et, le cas échéant, si une gestion locale devait être mise en place [26]. Dans ce but, 199 individus originaires de cinq populations suisses et de deux populations autrichiennes de référence ont été analysés à l'aide de douze loci microsatellites.

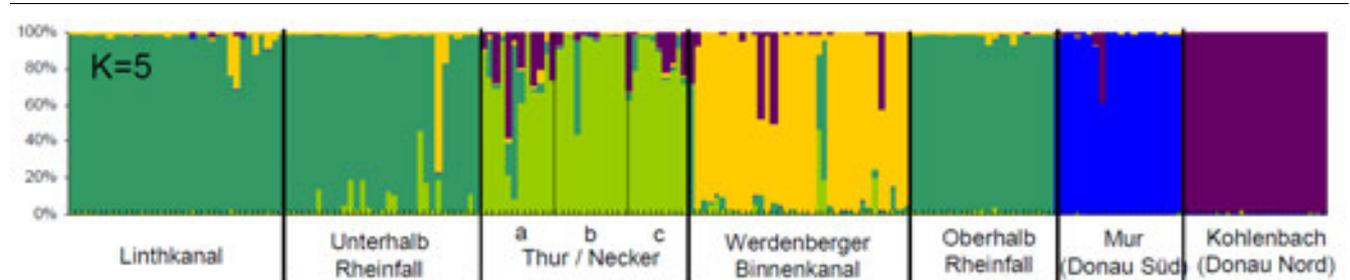
Les résultats montrent qu'à l'exception des ombres du Haut Rhin, toutes les populations sont génétiquement différenciées ( $F_{ST}$  allant de 0,006 à 0,190) (tableau 4). Les échanges naturels de gènes entre les populations sont donc plutôt faibles. Par ailleurs, les populations du Werdenberger Binnenkanal et de la Thur/Necker révèlent des traces génétiques originaires de la partie septentrionale du bassin du Danube et dont la présence s'explique par des repeuplements (fig. 22). Il paraît d'autre part vraisemblable qu'une certaine hybridation se soit produite entre les ombres danubiens et les ombres rhénans.

**Tab. 4** > Différenciation génétique ( $F_{ST}$ ) entre les populations d'ombre du canton de Saint-Gall (populations 1–5), ainsi que deux populations de référence du bassin danubien (6 et 7)

Nr.	Population	1	2	3	4	5	6	7
1	Rhein unterhalb Rheinflall	-	n.s.	***	***	***	***	***
2	Rhein bei Stein am Rhein	0,006	-	***	***	***	***	***
3	Linthkanal	0,083	0,068	-	***	***	***	***
4	Thur/Necker	0,122	0,161	0,190	-	***	***	***
5	Werdenberger Binnenkanal	0,106	0,117	0,131	0,128	-	***	***
6	Mur (Donau südl. Alpen)	0,600	0,613	0,600	0,525	0,538	-	***
7	Kohlenbach (Donau nördl. Alpen)	0,532	0,539	0,527	0,422	0,442	0,544	-

Les auteurs concluent que les différentes populations doivent être gérées séparément et que chaque cours d'eau doit être considéré comme une MU à part entière. Il est par ailleurs recommandé de ne plus utiliser de poissons non autochtones pour le repeuplement.

**Fig. 22** > Analyse STRUCTURE des ombres du canton de Saint-Gall, ainsi que de deux populations de référence du bassin du Danube (Mur et Kohlendach)

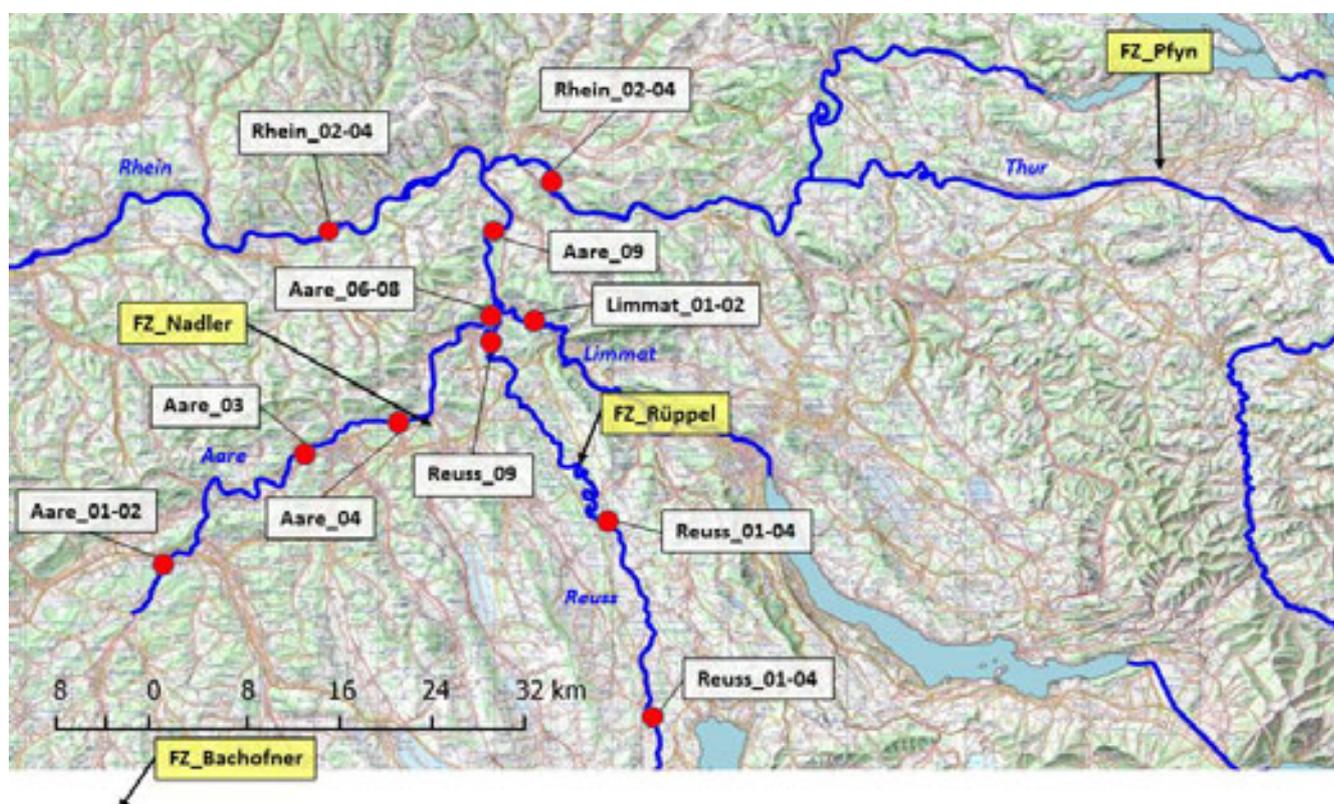


### 4.3.3 Les ombres du canton d'Argovie

Des investigations génétiques ciblées sur des populations d'ombre de la Reuss, de l'Aar, de la Limmat et du Rhin ont été réalisées afin d'étudier leurs affinités génétiques. Par ailleurs, il s'agissait également d'évaluer le succès des repeuplements d'antan et d'indiquer si ces actions avaient été menées avec des ombres autochtones ou non. Afin de répondre à ces questions, 404 ombres originaires du Rhin, de l'Aar, de la Limmat, de la Reuss et de quatre piscicultures (Pfyn, Nadler, Rüppel et Bachofner) ont été analysés (fig. 23) à l'aide de douze loci microsatellites.

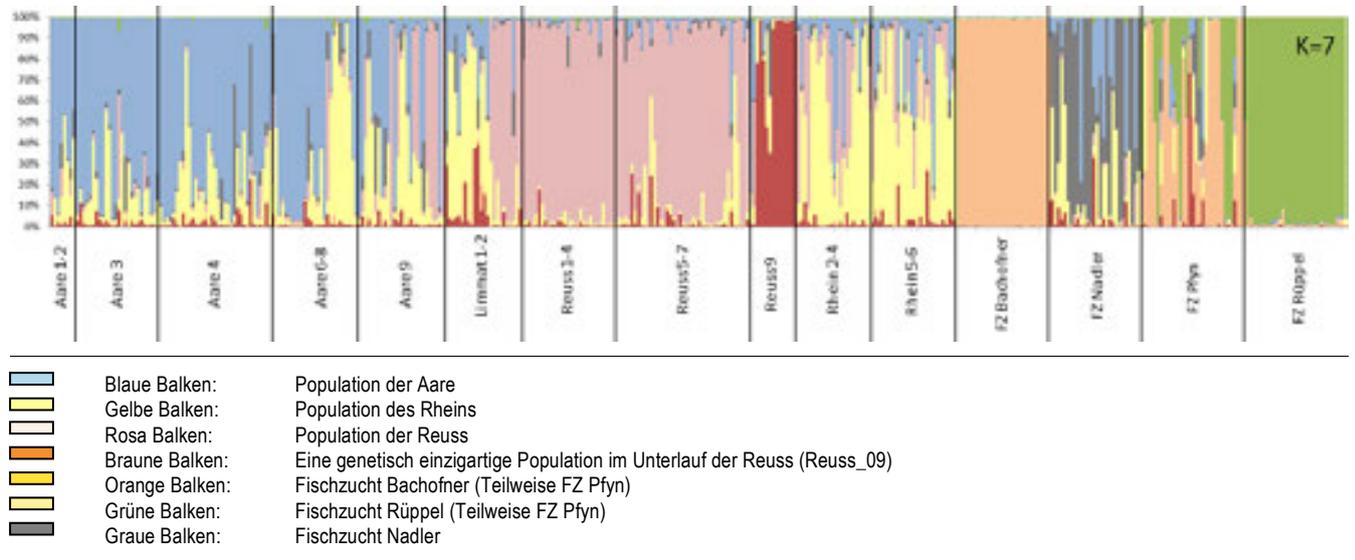
Les résultats montrent que chacun des quatre cours d'eau (Aar, Reuss, Rhin et Limmat) abrite une population d'ombre génétiquement distincte. Au niveau de la confluence de l'Aar, de la Limmat et de la Reuss (région du Wasserschloss), les populations se mélangent partiellement. Les résultats montrent en outre que les ombres issus des piscicultures se distinguent génétiquement des populations sauvages et ne sont donc pas appropriés pour les repeuplements.

Fig. 23 > Sites de prélèvements des ombres dans plusieurs cours d'eau du canton d'Argovie



**Fig. 24 > Résultats de l'analyse STRUCTURE**

Les différents groupes génétiques qui ont été identifiés sont représentés par des couleurs différentes.

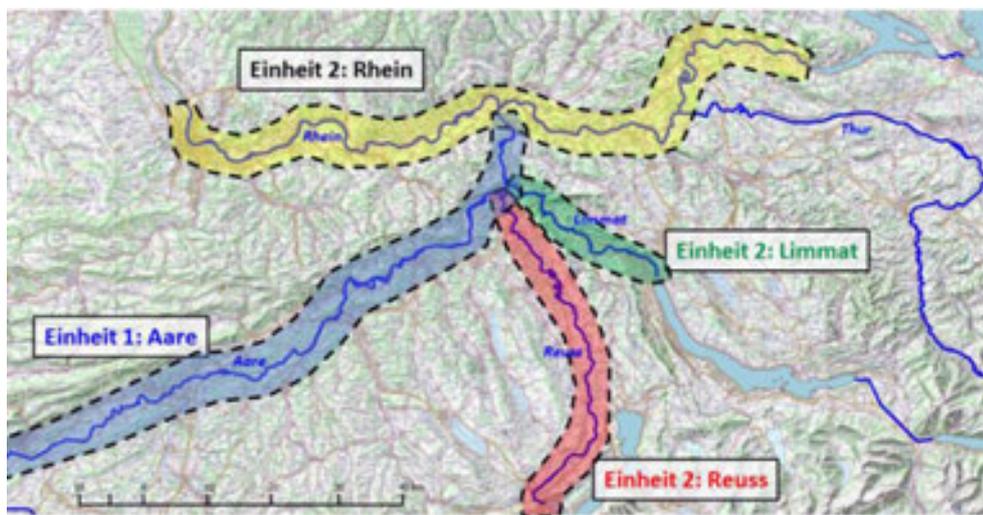


Sur la base de ces investigations, les auteurs définissent quatre unités de gestion pour l'ombre dans le canton d'Argovie (MU indépendantes, cf. fig. 25):

- > Aar (exutoire du lac de Biemme jusqu'à embouchure dans le Haut-Rhin).
- > Reuss (exutoire du lac des Quatre-Cantons jusqu'à embouchure dans l'Aar).
- > Rhin.
- > Limmat.

Les auteurs recommandent par ailleurs l'arrêt des repeuplements avec des ombres issus des quatre piscicultures. Si des actions de repeuplement devaient s'avérer nécessaires, il conviendrait de les mener avec des poissons élevés à partir de géniteurs prélevés dans les quatre unités de gestion identifiées.

Fig. 25 &gt; Unités de gestion de l'ombre définies sur la base des analyses génétiques



#### 4.4 Synthèse des études génétiques sur l'ombre et recommandations en matière de gestion piscicole

##### 4.4.1 Échelle nationale

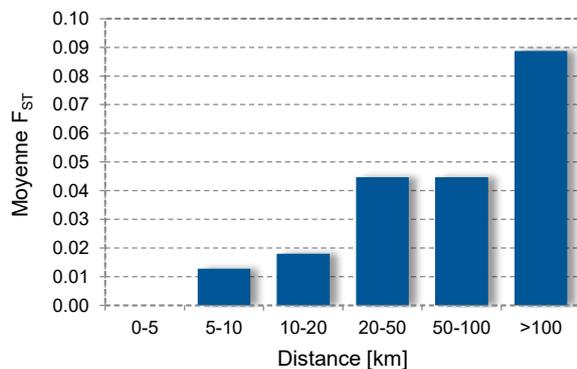
Pour l'ombre (*T. thymallus*), trois lignées génétiques ont été identifiées en Suisse: celle du Rhône, celle du Rhin et celle du Danube. Ces trois lignées présentaient à l'origine une répartition similaire à celle de la truite (cf. fig. 2). La lignée rhénane est donc autochtone dans le bassin lémanique, qui a été naturellement colonisé à partir du bassin du Rhin. En Engadine et dans le Tessin, des ombres issus de la lignée rhénane ont été observés. La lignée rhodanienne est présente dans le bassin du Doubs, où elle est autochtone, mais également dans la Birse, où elle ne l'est pas. La lignée danubienne a été observée dans différents cours d'eau de Suisse orientale, où sa présence résulte certainement de repeuplements.

*Selon ces analyses, la gestion piscicole des ombres doit s'opérer en respectant les grands bassins hydrographiques, qui doivent être considérés comme autant d'unités générales de gestion (ESU). Ces unités, également imposées par la loi, doivent être respectées afin d'assurer la sauvegarde des lignées autochtones et le maintien des processus évolutifs. Lorsque des lignées allochtones ont déjà été introduites, il convient de ne plus les encourager par le biais de repeuplements avec des ombres étrangers à la région.*

#### 4.4.2 Échelle régionale

À l'échelle régionale, les études ont montré que les différences génétiques entre les populations étaient généralement faibles (5–100 km) à modérées (>100 km) (fig. 26). Le degré de différenciation génétique dépend fortement de l'éloignement des populations. Malgré des signes de translocation des souches, détectés dans certaines analyses, une structuration génétique significative des différentes populations a été démontrée, en particulier dans le Rhin et le bassin lémanique. Les différences génétiques entre cours d'eau très éloignés sont beaucoup plus fortes que chez la truite.

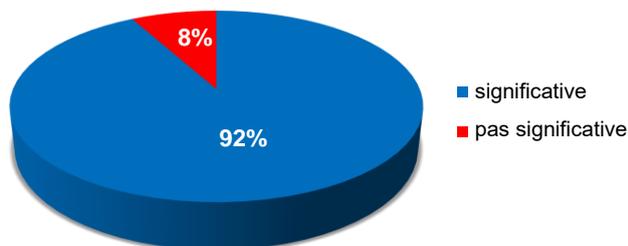
**Fig. 26** > Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant en fonction de la distance entre les populations



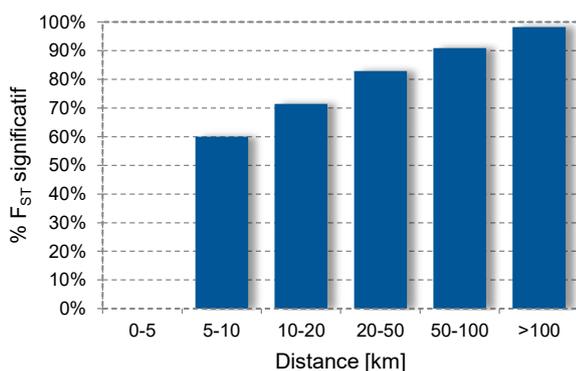
Dans l'ensemble, 92 % des différences génétiques constatées (valeurs  $F_{ST}$ ) sont significatives (fig. 27). La proportion de différences significatives augmente fortement avec la distance entre populations (fig. 28).

*Les études génétiques effectuées montrent que la plupart des populations d'ombre investiguées sont génétiquement distinctes les unes des autres. Chacune d'elle doit donc être considérée comme une unité de gestion à part entière (MU). Le degré de différenciation est d'autant plus fort que les populations sont éloignées. Une gestion par cours d'eau s'impose donc pour préserver durablement le patrimoine génétique de chaque population locale. Dans le cas des grands cours d'eau, plusieurs MU doivent être définis.*

**Fig. 27** > Proportion de valeurs  $F_{ST}$  significatives observées entre les populations d'un même bassin versant



**Fig. 28** > Proportion des différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations



#### 4.4.3 Adaptations locales

Jusqu'à présent, aucune étude n'a été menée en Suisse afin de mettre en évidence d'éventuelles adaptations locales chez l'ombre. Aucune conclusion ne peut donc être tirée à ce sujet. Il est cependant raisonnable de penser que, comme les autres espèces piscicoles, l'ombre est en mesure de s'adapter aux conditions particulières de son milieu et, en vertu du principe de précaution, il est conseillé d'en tenir compte pour la définition des unités de gestion.

#### 4.4.4 Unités de gestion de l'ombre

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion de l'ombre en Suisse à l'échelle régionale:

- > Une seule espèce d'ombre est présente en Suisse:
  - *Thymallus thymallus* dans les bassins du Rhône, du Doubs, du Rhin, du Tessin et de l'Inn.

- 
- > L'espèce présente trois lignées évolutives:
    - Une lignée dans le bassin du Rhin et du Léman.
    - Une lignée dans le bassin du Rhône (Doubs, Allaine).
    - Une lignée dans le bassin du Pô.
  - > Conformément à la loi, les grands bassins de Suisse (Rhône, Rhin, Tessin, Inn) doivent être gérés séparément.
  - > Enfin, les différents cours d'eau doivent être considérés comme des unités de gestion MU indépendantes. Si, pour diverses raisons (une réintroduction, par exemple), une gestion par cours d'eau est impossible, une source géographiquement proche, appartenant au même sous-bassin versant et issue d'un cours d'eau de typologie similaire, doit être utilisée.

## 5 > Les nases (*Chondrostoma* sp., *Parachondrostoma toxostoma*)

---

### 5.1 Statut taxonomique

Trois espèces de nase sont présentes en Suisse. Deux appartiennent au genre *Chondrostoma*: le nase ou hotu (*Chondrostoma nasus*), autochtone dans le bassin rhénan au nord des Alpes, et la savetta (*Chondrostoma soetta*) au sud des Alpes. Une autre espèce, du genre *Parachondrostoma*, se rencontre exclusivement dans le cours inférieur du Doubs: la sofie ou toxostome (*Parachondrostoma toxostoma*). Les trois espèces ne présentent aucune importance halieutique et n'ont donc jamais fait l'objet de repeuplements systématiques.

Les trois espèces sont en danger critique d'extinction en Suisse. Leurs populations sont en recul dans beaucoup de régions ou ont déjà disparu de plusieurs cours d'eau. Elles figurent ainsi dans la catégorie la plus sensible de la liste des espèces prioritaires à l'échelle nationale en Suisse [27]. L'analyse présentée ci-après synthétise les résultats d'études de génétique menées par l'EAWAG sur les nases de Suisse.

### 5.2 Études à l'échelle nationale

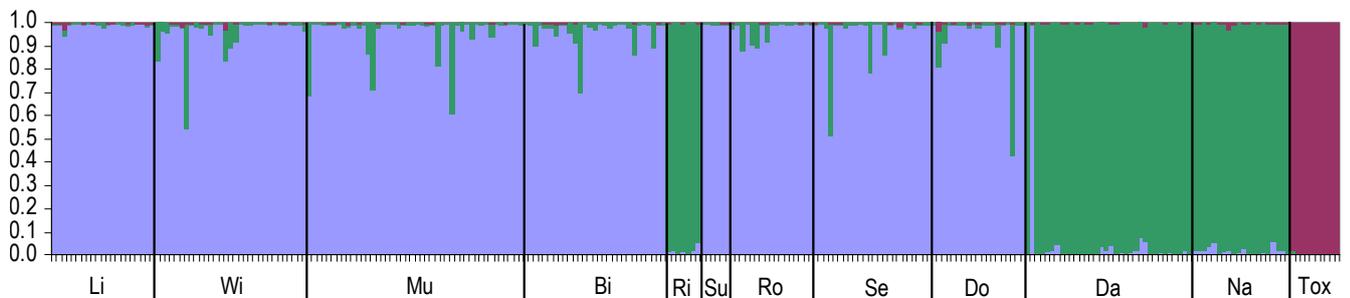
En Suisse, la génétique du nase (*C. nasus*) a fait l'objet d'une seule étude [28] publiée récemment [29]. Les auteurs ont intégré le plus grand nombre possible de populations encore attestées en Suisse, afin d'obtenir un tableau aussi complet que possible. Au total, 262 nases prélevés sur douze sites ont pu être analysés (fig. 29). Les populations échantillonnées comptaient notamment deux populations de référence – l'une dans le Doubs, où l'espèce est allochtone, et l'autre dans le Danube (Autriche) – ainsi qu'une population de sofie (*P. toxostoma*) originaire du bassin rhodanien. Les études génétiques ont été réalisées à l'aide de dix loci microsatellites, d'une séquence d'ADN mitochondrial et des AFLP. Hormis les aspects génétiques, la croissance et la morphologie des individus ont également été examinées.

**Fig. 29** > Localisation des sites de prélèvements des nases [28]

Les résultats montrent que les nases du bassin du lac de Constance se distinguent très nettement d'un point de vue génétique des autres populations rhénanes (fig. 30). À l'aval des chutes du Rhin, l'étude des marqueurs neutres n'a révélé aucune différenciation génétique entre les populations à l'exception toutefois de celle du Schanzengraben à Zurich (tableau 5). Les auteurs supposent que les spécificités génétiques de cette dernière population résultent d'un goulot d'étranglement démographique.

**Fig. 30** > Analyse STRUCTURE réalisée à partir d'une analyse des microsatellites

Les barres bleues correspondent aux nases rhénans, les vertes à ceux des bassins du Danube ou du lac de Constance et les rouges à la sofie. Pour les abréviations, voir tableau 5.



Tab. 5 > Valeurs  $F_{ST}$  mesurées entre les différentes populations de nases [28]

Code	Gewässer	Einzugsgebiet	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Li	Schanzengraben	Rhein	-	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
Wi	Wiese	Rhein	0,132	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***	***	***	***	***
Mu	Murg	Rhein	0,128	-0,001	-	n.s.	n.s.	n.s.	n.s.	***	***	***	***	***
Bi	Birse	Rhein	0,127	0,000	0,004	-	n.s.	n.s.	n.s.	***	***	***	**	***
Su	Suhre	Rhein	0,119	0,016	0,020	0,004	-	n.s.	n.s.	***	***	***	*	***
Ro	Rotbach	Rhein	0,107	-0,007	-0,002	-0,004	0,003	-	n.s.	***	***	***	**	***
Se	Sense	Rhein	0,132	-0,002	0,006	0,004	0,000	0,003	-	***	***	***	***	***
Ri	Alpenrhein	Rhein	0,213	0,083	0,082	0,079	0,123	0,087	0,088	-	n.s.	***	***	***
Da	Dornbirner Aach	Rhein	0,198	0,105	0,097	0,087	0,129	0,096	0,108	-0,011	-	***	***	***
Na	Danube	Rhein	0,243	0,097	0,095	0,090	0,131	0,105	0,097	0,082	0,095	-	***	***
Do	Doubs	Rhein	0,175	0,024	0,028	0,021	0,047	0,032	0,031	0,085	0,108	0,118	-	***
Tox	Toxostoma	Rhein	0,445	0,351	0,349	0,353	0,426	0,371	0,369	0,395	0,343	0,366	0,393	-

\*\*\*:  $p < 0,001$ , \*\*:  $p < 0,01$ , \*:  $p < 0,05$ , n.s.: nicht signifikant

L'ADN mitochondrial révèle que les nases de la région du lac de Constance possèdent des gènes originaires à la fois du Rhin inférieur et du Danube. Ce modèle se retrouve chez plusieurs autres espèces de poisson et tend à conforter l'hypothèse d'une colonisation naturelle du lac de Constance par les deux lignées.

L'analyse des AFLP ne montre l'effet de la sélection naturelle sur les gènes que pour un seul locus, ce qui peut être considéré comme très faible. En revanche, l'étude morphologique révèle des disparités parfois importantes entre nases vivant dans différents cours d'eau de la partie inférieure du bassin du Rhin. Ces différences sont particulièrement prononcées entre les cours d'eau situés dans la partie inférieure du bassin rhénan (Birse, Wiese) et ceux situés dans la partie supérieure (Rotbach, Suhre). Les nases du Schanzengraben se distinguent morphologiquement très nettement de tous les autres.

Dans un souci de protection des espèces, les auteurs proposent de distinguer les unités de gestion suivantes:

- > Populations de la souche principale rhénane (Wiese, Birse, Ergolz).
- > Populations des affluents supérieurs du Rhin.
- > Populations du bassin versant du lac de Constance.
- > Population du Schanzengraben.

La particularité des populations des affluents supérieurs du Rhin et du Schanzengraben résulte probablement d'un phénomène de goulot d'étranglement et d'un manque de connexions avec la population mère rhénane. Par ailleurs, les différences morphologiques pourraient être l'expression d'une plasticité phénotypique. Dans ce contexte, il est possible que ces unités de gestion ne puissent être confirmées. Par mesure de précaution, il paraît cependant judicieux de les adopter jusqu'à de nouvelles connaissances.

### 5.3 Synthèse des études génétiques sur les nases et recommandations en matière de gestion piscicole

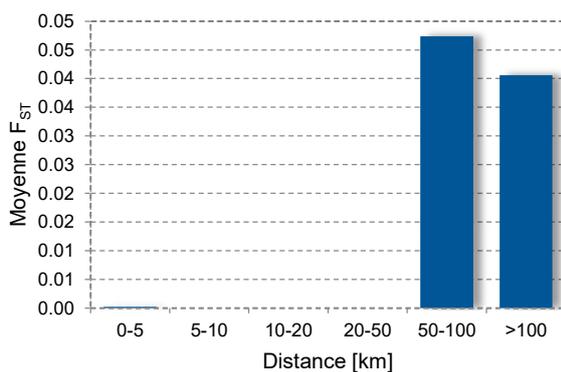
#### 5.3.1 Échelle nationale

En Suisse, deux lignées génétiques ont été mises en évidence chez le nase (*C. nasus*): une lignée rhénane et une lignée danubienne. Toutes deux ont très probablement colonisé la Suisse de façon naturelle après les dernières glaciations. Elles se sont ensuite mélangées de manière naturelle dans le bassin versant du Rhin. Après la fin des glaciations, deux populations génétiquement distinctes se sont formées. Tous les nases du bassin versant du lac de Constance constituent une unité de gestion qui doit être considérée séparément (ESU). À l'aval des chutes du Rhin, toutes les populations du bassin versant rhénan forment une seule entité génétiquement homogène, à l'exception de la population du Schanzengraben. Toutefois, compte tenu des fortes différences morphologiques observées entre la partie inférieure et la partie supérieure de ce bassin, nous conseillons de les traiter comme deux unités de gestion différentes au même titre que la population du Schanzengraben.

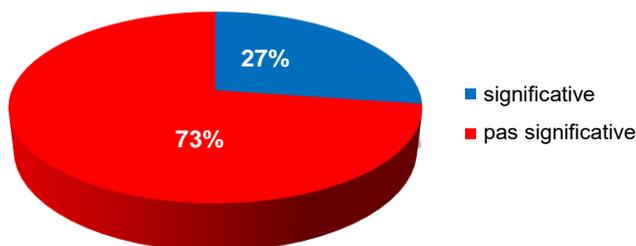
#### 5.3.2 Échelle régionale

À l'échelle régionale, les études montrent que la différenciation génétique entre populations est généralement faible et non significative (fig. 31, fig. 32, fig. 33). Les différences génétiques significatives sont imputables aux populations du bassin du lac de Constance et à la population du Schanzengraben.

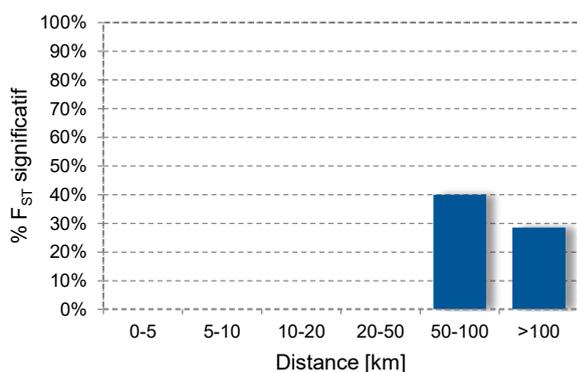
Fig. 31 > Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance



**Fig. 32** > Proportion de valeurs  $F_{ST}$  significatives observées entre les populations d'un même bassin versant



**Fig. 33** > Proportion de différences génétiques significatives observées selon la distance entre les populations



### 5.3.3 Adaptations locales

Des évidences génétiques en faveur d'une adaptation locale n'ont pu être démontrées que sur un seul locus, ce qui est étonnamment faible. Ce résultat pourrait s'expliquer par une faible intensité de la sélection naturelle, par une sensibilité insuffisante de la méthode ou par une petite taille des populations doublée d'une forte dérive génétique.

### 5.3.4 Unités de gestion du nase

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion du nase (*Chondrostoma nasus*) en Suisse à l'échelle régionale:

- > En Suisse, le nase (*C. nasus*) est naturellement présent dans le bassin versant du Rhin.
- > Dans ce bassin, deux ESU peuvent être identifiées:
  - Les nases du bassin versant du lac de Constance (en amont des chutes du Rhin).
  - Les nases du bassin rhénan à l'aval des chutes du Rhin.

- 
- > Au sein du bassin rhéan à l'aval des chutes du Rhin, les MU suivantes doivent être considérées:
- Les nases des grands cours d'eau rhénans en raison de leurs particularités morphologiques.
  - Les nases de la partie supérieure du bassin en raison de leurs particularités morphologiques.
  - Les nases du Schanzengraben.

## 6 > Le chevaine et le cavedano (*Squalius* sp.)

---

### 6.1 Statut taxonomique

En Suisse, le genre *Squalius* est représenté par deux espèces [8]: le chevaine du nord des Alpes (*Squalius cephalus*) et le cavedano du sud des Alpes (*Squalius squalus*). Aucune de ces deux espèces ne fait l'objet d'une gestion piscicole à proprement parler. Dans le cadre des études génétiques, elles servent d'exemple d'espèces peu influencées par l'homme. L'analyse présentée ci-après synthétise les résultats d'études menées par l'EAWAG.

### 6.2 Études à l'échelle nationale

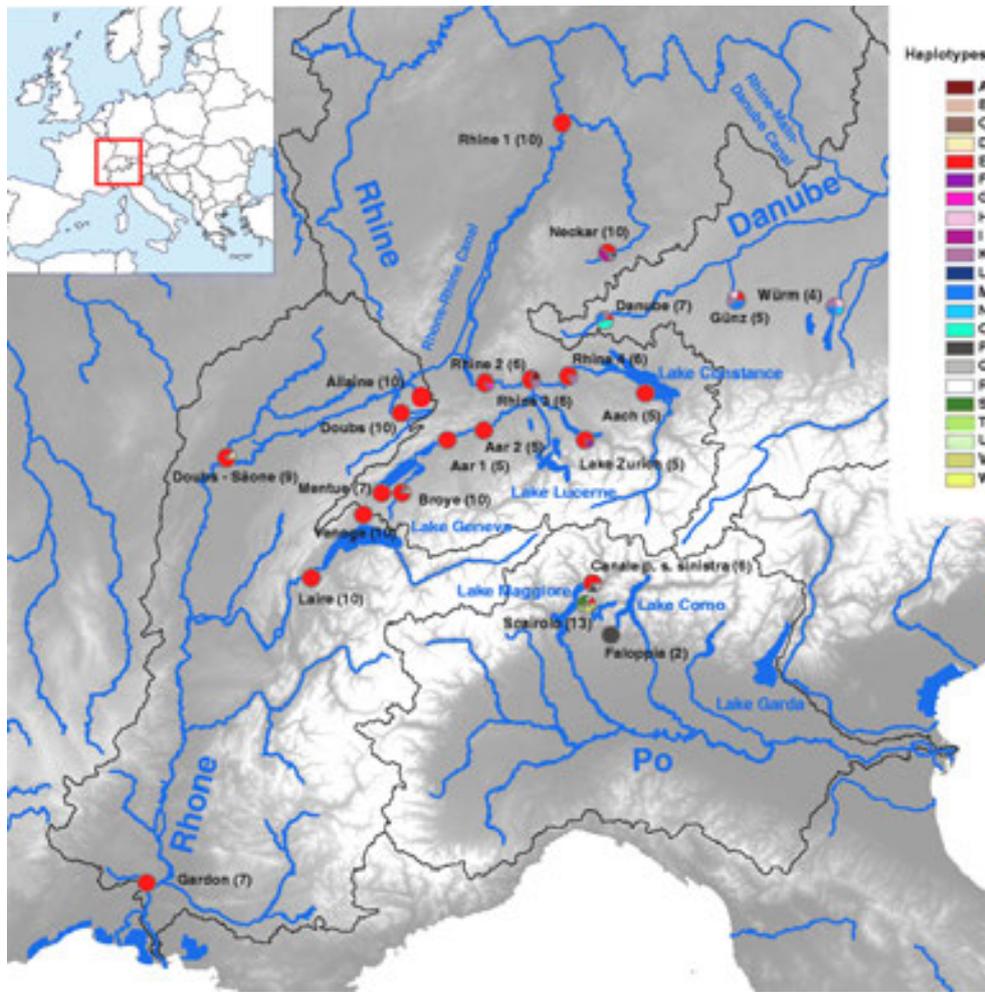
En Suisse, la génétique du chevaine (*S. cephalus*) et du cavedano (*S. squalus*) a été étudiée dans le cadre d'une thèse de doctorat [30, 31] visant principalement deux objectifs: d'une part, déterminer l'origine géographique des chevaines et des cavedanos dans les bassins du Rhin, du Rhône et du Pô; d'autre part, étudier l'influence de la fragmentation des cours d'eau sur la structure génétique des populations de chevaine (*S. cephalus*). Dans ce but, 168 chevaines et cavedanos ont été analysés à partir de deux séquences génétiques d'ADN mitochondrial et 2133 individus originaires de 47 populations à l'aide de neuf loci microsatellites.

#### 6.2.1 Histoire de la colonisation des eaux suisses

L'étude de l'ADN mitochondrial révèle la présence en Suisse de deux lignées évolutives (fig. 34): l'une correspondant au chevaine (*S. cephalus*) dans les bassins du Rhin, du Rhône et du Danube, et l'autre correspondant au cavedano (*S. squalus*) dans le bassin du Pô. L'étude montre également la présence de certains gènes du chevaine dans l'aire de distribution naturelle du cavedano. Les deux espèces se sont donc mélangées dans cette région où elles sont entrées en contact (introgression génétique).

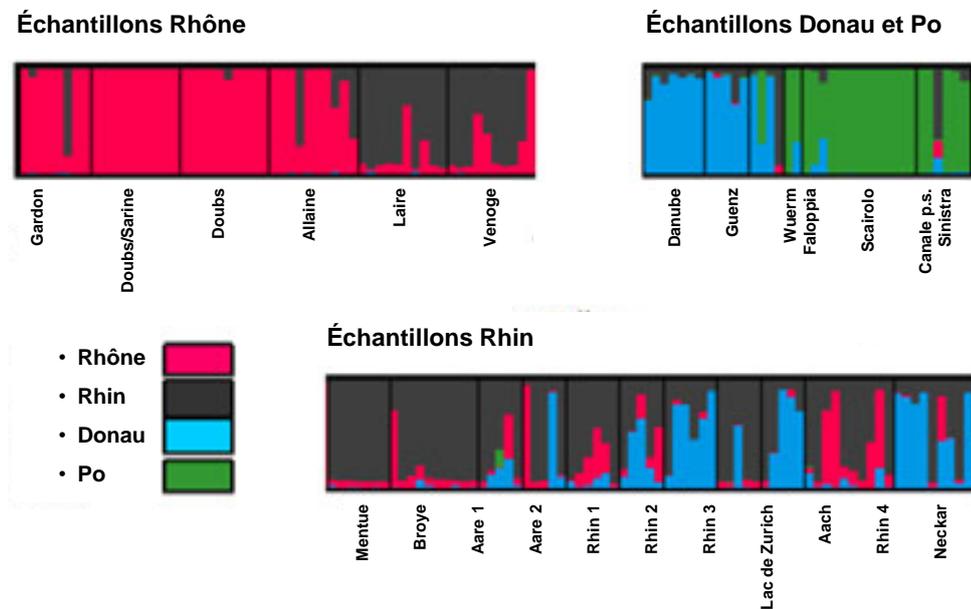
Fig. 34 > Haplotypes du chevaine (*S. cephalus*) et du cavedano (*S. squalus*) identifiés dans les bassins du Rhône, du Rhin, du Danube et du Pô

La taille respective des échantillons est indiquée entre parenthèses [30].



### 6.2.2 Structure des populations de *S. cephalus* et *S. squalus* à grande échelle

Une analyse STRUCTURE révèle que le genre *Squalius* (*S. cephalus* et *S. squalus*) forme, en Suisse, quatre groupes génétiques correspondant aux bassins hydrographiques suisses (fig. 35). Elle montre également que des flux génétiques sont intervenus entre ces bassins. Rien ne permet aujourd'hui de savoir si ces échanges se sont faits naturellement ou s'ils ont été provoqués par l'homme. Les auteurs pensent que la présence de chevaines d'origine rhénane dans le bassin lémanique et dans celui de l'Inn peut s'expliquer par une colonisation naturelle, comme dans le cas d'autres espèces piscicoles (cf. chapitre 7). Au sud des Alpes, en revanche, les auteurs supposent une influence anthropique ayant conduit à l'introduction du chevaine septentrional dans le Tessin.

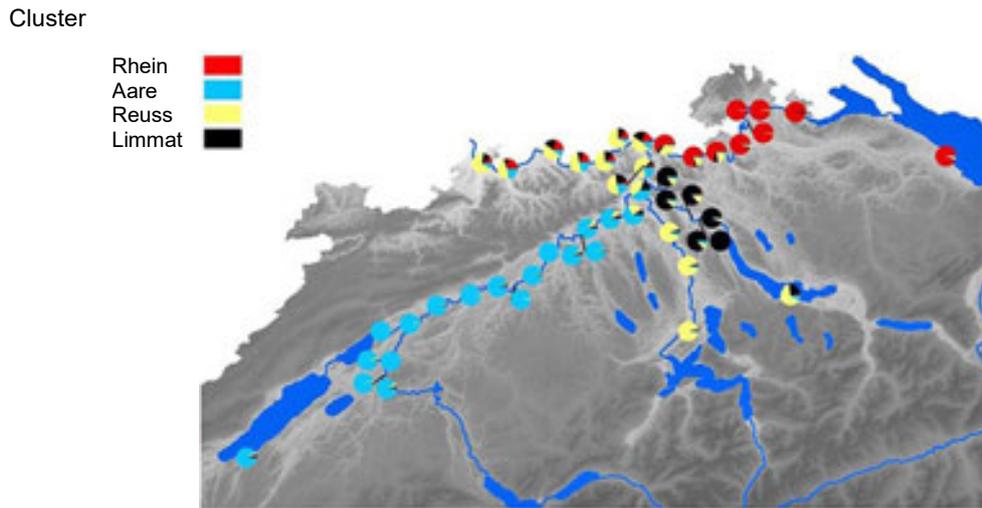
Fig. 35 > Analyse STRUCTURE des grands groupes génétiques chez *Squalius*

### 6.2.3 Structure des populations de *S. cephalus* à petite échelle

L'analyse détaillée des populations de *S. cephalus* dans le bassin du Rhin révèle que les individus peuvent être répartis en quatre groupes génétiques au terme d'une analyse STRUCTURE (fig. 36). Il apparaît très nettement que ces quatre groupes correspondent aux quatre bassins versants de la région. Comme chez l'ombre, les populations génétiquement différenciées se mélangent à l'aval des confluences. Le flux génétique se manifeste de façon unidirectionnelle de l'amont vers l'aval et il est fortement limité dans l'autre sens (aval-amont) par les obstacles à la migration.

**Fig. 36** > Identification des groupes génétiques de *S. cephalus* sur les différents sites de prélèvements par analyse STRUCTURE [29]

*Le rouge correspond aux chevaines originaires du Rhin, le noir à ceux de la Limmat, le jaune à ceux de la Reuss et le bleu à ceux de l'Aar. Au niveau de la région du «Wasserschloss» et à l'aval de la confluence de l'Aar avec le Rhin, les groupes génétiques se mélangent.*



#### 6.2.4 Influence des obstacles à la migration

Les résultats des analyses montrent que la distance géographique et le nombre d'obstacles à la migration entre les populations ont une influence significative sur leur taux de différenciation génétique. Plusieurs constats peuvent être tirés:

- > Un obstacle naturel totalement infranchissable (les chutes du Rhin) induit une différenciation génétique entre populations comparable à un linéaire de 190 km sans obstacles.
- > Les barrières artificielles non équipées de passes à poissons induisent une différenciation génétique entre populations comparable à un linéaire de 105 km sans obstacles.
- > Les barrières artificielles équipées de passes à poissons induisent une différenciation génétique entre populations comparable à un linéaire de 17 km sans obstacles.
- > Dans la Thur, où aucun obstacle à la migration du poisson n'existe, les différences génétiques significatives n'apparaissent qu'au bout de 80 km (Alexander Gousskov, communication personnelle).

Les résultats des études montrent donc que les passes à poissons ont bien un effet positif sur la circulation des poissons et sur les flux génétiques. Ils démontrent toutefois qu'un obstacle, même équipé d'un ouvrage de franchissement, reste perturbant en termes de flux génétique.

## 6.2.5 Conclusions

Les résultats de l'étude effectuée sur le genre *Squalius* dans le bassin du Rhin aboutissent à des conclusions similaires à celles de l'ombre. Toutefois, ils montrent également que la fragmentation anthropique des cours d'eau peut contribuer localement à un isolement génétique des populations.

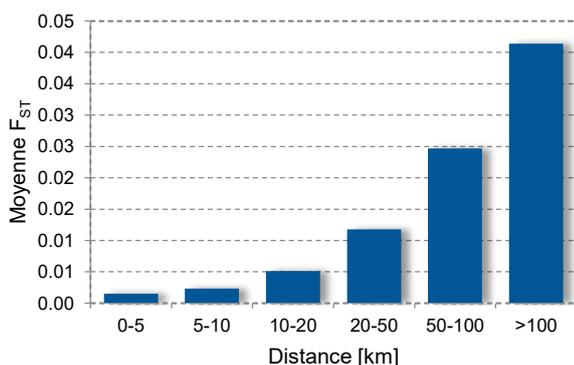
## 6.3 Synthèse des études génétiques sur le genre *Squalius* et recommandations en matière de gestion piscicole

### 6.3.1 Échelle nationale

Deux espèces du genre *Squalius* sont présentes en Suisse: le cavedano (*S. squalus*) dans le bassin hydrographique de l'Adriatique et le chevaine (*S. cephalus*) dans les bassins du Rhône, du Rhin et du Danube. Les chevaines des bassins rhodanien, rhénan et danubien doivent être considérées comme autant d'ESU indépendantes. Le bassin lémanique constitue une exception: il a été colonisé à partir du Rhin après les dernières glaciations et doit donc être rattaché à l'ESU du bassin rhénan.

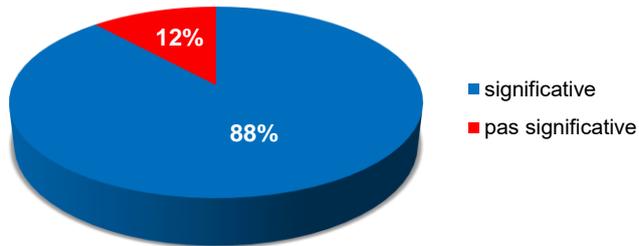
### 6.3.2 Échelle régionale

**Fig. 37** > Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau



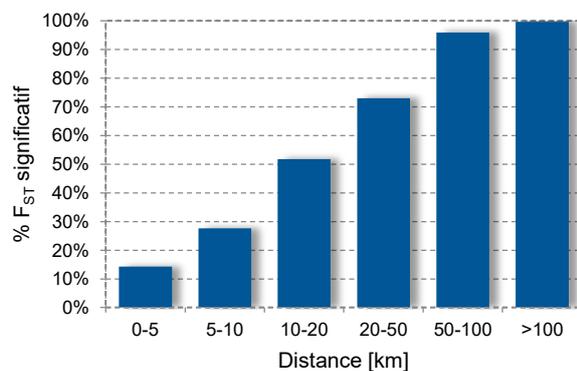
L'analyse détaillée des chevaines du bassin du Rhin montre que chaque grand cours d'eau abrite une population génétiquement distincte (Aar, Reuss, Limmat, Rhin). Au sein de ces cours d'eau, la distance et les obstacles à la migration provoquent un certain cloisonnement génétique. La valeur  $F_{ST}$  moyenne augmente alors avec la distance entre les populations (fig. 37). Dans l'ensemble, les différences génétiques sont généralement faibles. Elles deviennent significatives à partir d'un éloignement de 20 à 50 km dans des cours d'eau influencés par des obstacles (fig. 38, fig. 39). Dans les tronçons sans obstacles, elles ne deviennent significatives qu'à partir d'une distance de 60 km.

**Fig. 38** > Proportion de valeurs  $F_{ST}$  significatives observées entre les populations d'un même bassin versant



*Les études effectuées indiquent une différenciation génétique entre la plupart des populations de chevaine (*S. cephalus*) considérées. Les différences sont en partie imputables à des causes naturelles mais sont accentuées par la présence d'obstacles à la migration. À l'intérieur de chaque bassin hydrographique, les grands cours d'eau doivent être considérés comme des unités de gestion indépendantes (MU). À partir d'environ 60 km de linéaire, des différences génétiques significatives peuvent apparaître le long d'un cours d'eau sans obstacle à la migration.*

**Fig. 39** > Proportion de différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau



### 6.3.3 Adaptations locales

Cet aspect n'a pas été étudié chez le genre *Squalius*.

### 6.3.4 Unités de gestion du chevaine et du cavedano

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion du chevaine (*Squalius cephalus*) et du cavedano (*Squalius squalus*) en Suisse à l'échelle régionale:

- > En Suisse, le genre *Squalius* est représenté par deux espèces qu'il convient de gérer séparément:
  - *S. cephalus* dans les bassins hydrographiques du Rhône, du Doubs, du Danube et du Rhin.
  - *S. squalus* dans le bassin hydrographique du Pô.
- > Conformément à la loi, les grands bassins de Suisse (Rhône, Doubs, Rhin, Pô, Inn) doivent être gérés séparément pour les deux espèces.
- > Enfin, l'analyse détaillée du bassin du Rhin révèle que chaque grand cours d'eau abrite une population distincte qui doit être gérée comme une unité de gestion à part entière (MU).

## 7 > Le chabot (*Cottus gobio*)

---

### 7.1 Statut taxonomique

Une seule espèce de chabot a été décrite en Suisse: le chabot commun (*Cottus gobio*). Cette espèce ne présente aucun intérêt pour la pêche. Hormis quelques repeuplements suite à des pollutions ou d'autres incidents, le chabot ne fait l'objet d'aucune mesure systématique de repeuplement. Il constitue donc un bon exemple d'espèce peu influencée par l'homme. L'analyse présentée ci-après synthétise les résultats d'études génétiques menées par l'EAWAG et l'Université de Berne.

### 7.2 Études à l'échelle nationale

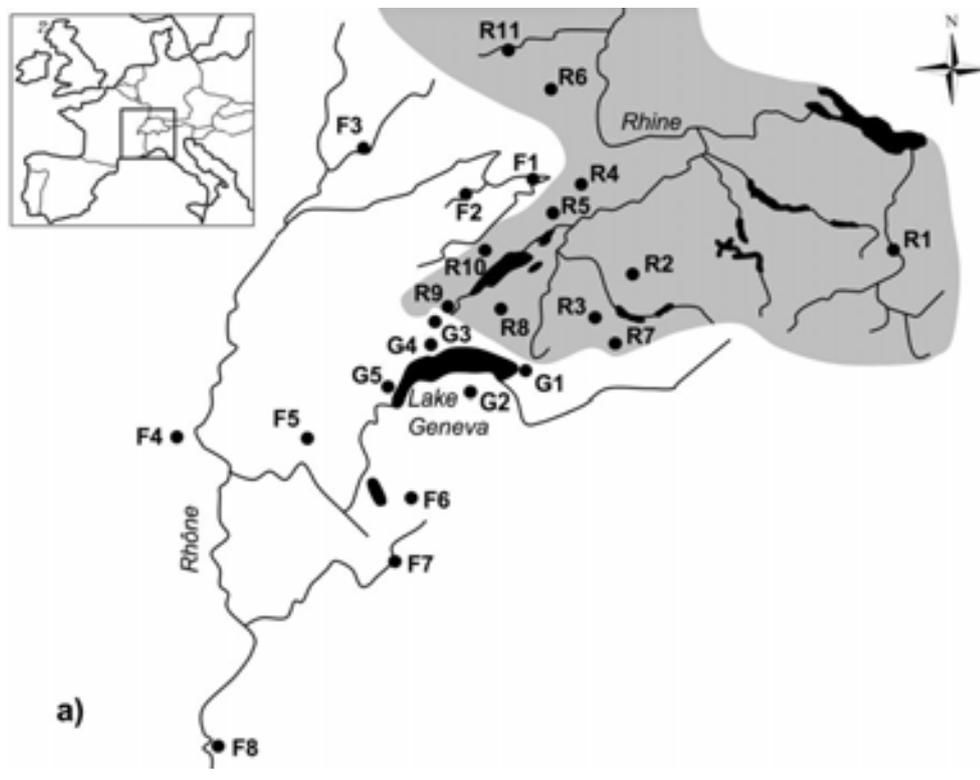
#### 7.2.1 Recolonisation postglaciaire

La recolonisation des eaux suisses par le chabot (*C. gobio*) a été étudiée dans le cadre d'un travail de diplôme [32, 33]. Dans cette étude, 478 individus issus de 24 populations des bassins du Rhin et du Rhône (fig. 40) ont été analysés à l'aide de huit loci microsatellites.

Après les dernières glaciations, il y a environ 15 000 ans, le bassin lémanique a été recolonisé par des chabots originaires du bassin rhénan et non pas rhodanien. L'analyse des différences génétiques entre les populations révèle un très fort degré de différenciation avec des  $F_{ST}$  atteignant en moyenne une valeur de 0,48 (0,1–0,75). Par ailleurs, toutes les différences génétiques sont hautement significatives ( $p < 0,001$ ).

Les auteurs de l'étude ne tirent aucune conclusion en termes de gestion. La forte singularité génétique des différentes populations de chabot étudiées suggère cependant un taux de différenciation génétique très élevé dans toute la Suisse, et donc la présence d'une multitude de petites unités de gestion à l'échelle locale.

Fig. 40 &gt; Localisation des sites de prélèvements de chabots [32]



### 7.2.2 Gradients d'altitude

Dans le cadre d'une étude (projet «Biochange»), 387 chabots issus de 18 populations vivant à différentes altitudes ont fait l'objet d'investigations génétiques [34] (fig. 41).

Les résultats révèlent un degré de différenciation aussi élevé que dans l'étude précédente. Ici également, toutes les différences génétiques entre populations sont hautement significatives et particulièrement prononcées entre les bassins hydrographiques du Rhin, du Rhône et du Pô (tab. 6).

Les auteurs ne tirent pas de conclusions précises en ce qui concerne les unités de gestion. L'étude montre cependant que les différences génétiques entre les bassins hydrographiques et entre les populations à l'intérieur de ces bassins sont très fortes. Toutes les populations étudiées doivent donc être considérées comme autant d'unités de gestion indépendantes (MU).

Fig. 41 &gt; Localisation des sites de prélèvements de chabots

Tab. 6 > Valeurs  $F_{ST}$  mesurées entre les différentes populations de chabot

	KI	KM	RU	AN	RB	HOF	SSB	SS	ZO	LB	MU	TSB	BU	MI	AD	PX	ZA	LO
KI	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
KM	0,06	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
RU	0,12	0,21	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
AN	0,18	0,30	0,14	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
RB	0,06	0,27	0,18	0,24	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
HOF	0,13	0,22	0,10	0,19	0,22	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
SSB	0,13	0,21	0,11	0,18	0,21	0,02	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
SS	0,21	0,35	0,23	0,35	0,31	0,08	0,16	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
ZO	0,09	0,20	0,11	0,18	0,15	0,01	0,04	0,07	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*	*
LB	0,21	0,32	0,19	0,28	0,27	0,20	0,19	0,32	0,19	0,00	*	*	*	*	*	*	*	*
MU	0,22	0,32	0,20	0,32	0,25	0,24	0,24	0,37	0,21	0,17	0,00	*	*	*	*	*	*	*
TSB	0,26	0,42	0,31	0,38	0,34	0,28	0,28	0,40	0,25	0,25	0,38	0,00	*	*	*	*	*	*
BU	0,40	0,51	0,45	0,51	0,45	0,50	0,50	0,57	0,45	0,47	0,47	0,58	0,00	*	*	*	*	*
MI	0,45	0,57	0,50	0,56	0,49	0,55	0,55	0,62	0,50	0,53	0,53	0,62	0,08	0,00	*	*	*	*
AD	0,41	0,56	0,46	0,56	0,45	0,52	0,52	0,62	0,46	0,53	0,52	0,64	0,60	0,64	0,00	*	*	*
PX	0,40	0,54	0,45	0,54	0,44	0,50	0,51	0,61	0,45	0,51	0,51	0,63	0,57	0,62	0,06	0,00	*	*
ZA	0,39	0,53	0,44	0,53	0,42	0,49	0,49	0,59	0,43	0,50	0,49	0,61	0,57	0,61	0,01	0,06	0,00	*
LO	0,38	0,54	0,43	0,53	0,43	0,49	0,50	0,61	0,43	0,50	0,50	0,63	0,59	0,64	0,31	0,30	0,29	0,00

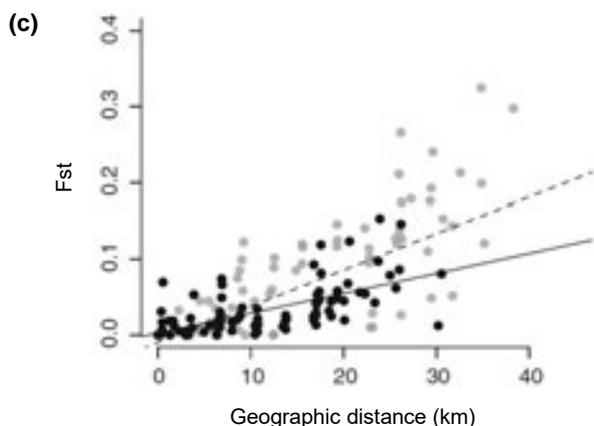
## 7.3 Études à l'échelle locale ou régionale

### 7.3.1 Les chabots de la Singine

Une étude a été menée afin de caractériser les chabots de la Singine et de ses affluents à l'échelle locale [35]. Au total, 462 individus issus de 18 sites (Fig. 43) ont été analysés à partir de dix loci microsatellites. L'objectif visait à établir la structure génétique des chabots à petite échelle et à évaluer l'influence de la distance géographique et de la présence de seuils sur la différenciation génétique entre populations.

Les résultats montrent que des différences génétiques significatives peuvent déjà apparaître très localement. Les valeurs  $F_{ST}$  mesurées sont en moyenne de 0,058 (min.: 0; max.: 0,32). Le degré de différenciation génétique augmente avec la distance et avec le nombre d'obstacles (Fig. 42). Dans la Singine et ses affluents, cette différenciation est donc influencée par des facteurs aussi bien naturels (distance) qu'artificiels (obstacles).

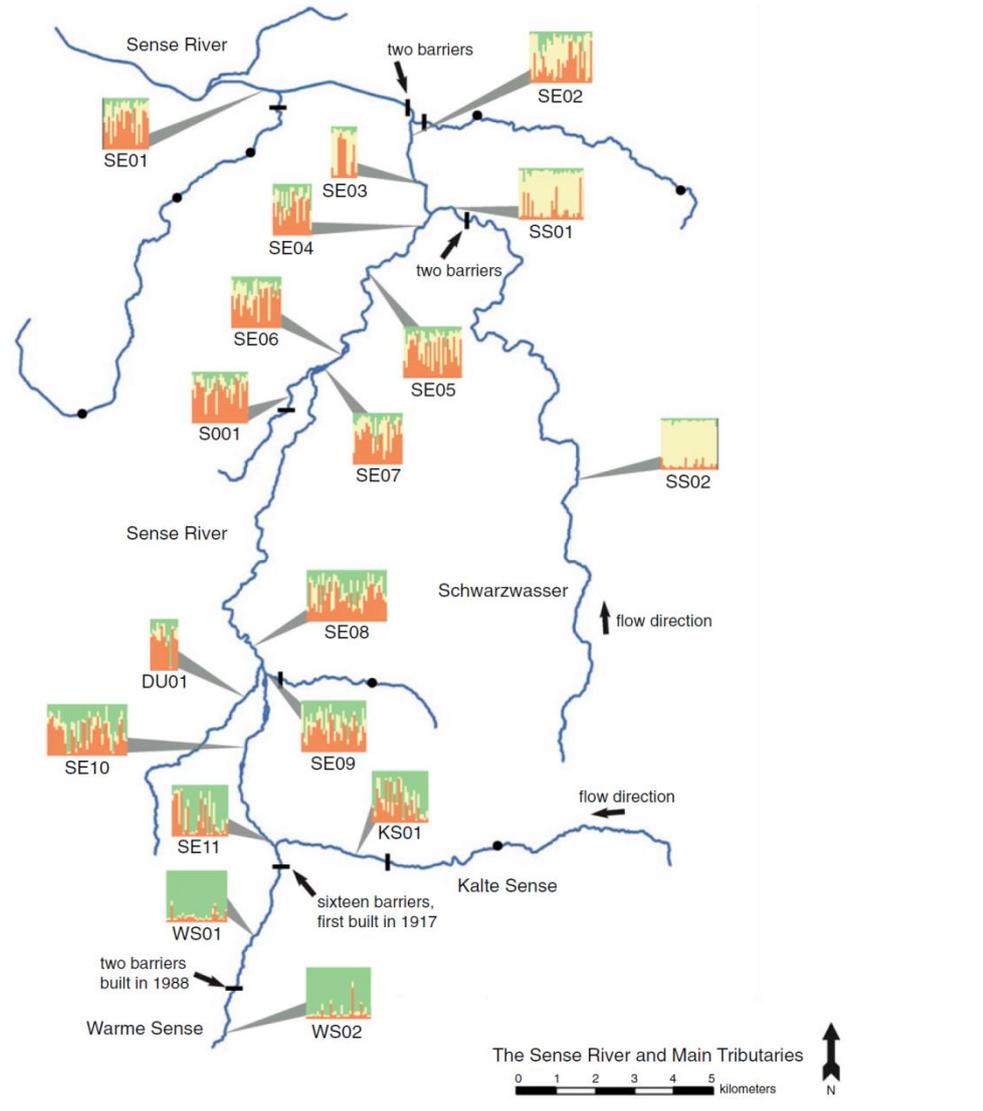
**Fig. 42** > Relation entre la distance géographique (geographic distance) et la distance génétique ( $F_{ST}$ ) dans les cours d'eau du bassin de la Singine sans obstacles artificiels (en noir) et dans les cours d'eau fragmentés (en gris) [35]



Les auteurs de l'étude n'émettent aucune recommandation en termes d'unités de gestion. Les résultats indiquent cependant que des différences significatives peuvent déjà apparaître à très petite échelle dans les cours d'eau naturels. L'étude montre également que des chabots d'un même site peuvent appartenir à deux groupes génétiques différents (fig. 43). Il semble donc que, pour le chabot, une gestion en unités aussi petites que possible s'impose. Des MU à l'échelle du tronçon doivent alors être envisagés. Il importe cependant de veiller à ce que les échanges de gènes entre les populations, déjà très faibles, ne soient pas encore entravés par des obstacles à la migration, ce qui pourrait induire un appauvrissement génétique des populations périphériques.

**Fig. 43 > Sites de prélèvements de chabots dans la Singine et ses affluents**

Les résultats de l'analyse *STRUCTURE* sont également indiqués pour chacun d'eux [35].



### 7.3.2 Les chabots de Suisse centrale

Les chabots du lac des Quatre-Cantons et de ses affluents ont été étudiés dans le cadre d'un travail de *master* [36]. Au total, 53 populations ont été caractérisées sur la base de critères morphologiques ainsi que sur l'analyse de dix loci microsatellites. L'objectif était d'évaluer la structure génétique des populations de chabot à petite échelle et de mettre en évidence les différences entre cours d'eau et milieu lacustre.

Les résultats montrent que les chabots vivant en lac présentent une morphologie très différente de ceux de rivière. Par ailleurs, les différences génétiques sont plus importantes entre les populations de lac et de rivière qu'entre populations d'un même cours

d'eau ou d'un même lac, et ce, quelle que soit la distance qui les sépare. La zone de transition entre lac et cours d'eau semble donc représenter un obstacle naturel significatif à la migration des chabots. Cette barrière n'est pas d'ordre physique mais d'ordre écologique, elle est matérialisée par des habitats très différents. Les auteurs estiment que l'adaptation des poissons à des conditions environnementales si radicalement différentes empêche les échanges de gènes entre lac et cours d'eau.

## 7.4 Synthèse des études génétiques sur le chabot et recommandations en matière de gestion piscicole

### 7.4.1 Échelle nationale

Les études de génétique attestent de différences très importantes entre les chabots vivant dans les bassins hydrographiques du Rhône, du Rhin et du Pô. Elles montrent également que, comme pour d'autres espèces de poissons, le bassin lémanique a été colonisé à partir du bassin rhénan après les dernières glaciations.

*Pour le chabot, comme pour les truites et le chevaine, il est donc recommandé d'adopter des unités de gestion à l'échelle nationale correspondant aux grands bassins hydrographiques, comme le prévoit la loi.*

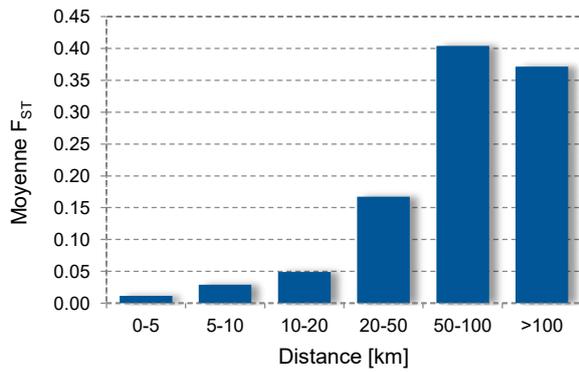
### 7.4.2 Échelle régionale

À l'échelle régionale, les études montrent que le degré de différenciation génétique des populations augmente fortement avec la distance géographique les séparant (fig. 44). Dans l'ensemble, les différences entre les populations de chabot sont faibles pour un éloignement de 0 à 10 km, moyennes pour une distance de 10 à 20 km, fortes pour 20 à 50 km et très fortes pour plus de 50 km.

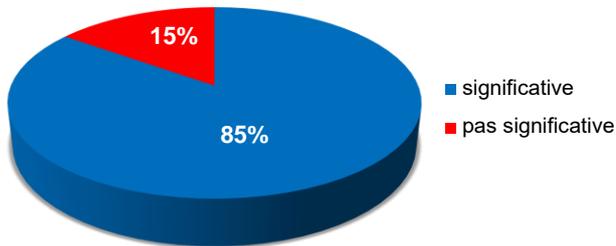
Au total, 85 % des  $F_{ST}$  mesurés sont significatifs (fig. 45). La proportion de différences significatives augmente fortement avec la distance entre les populations (fig. 46). Des différences moyennes significatives sont ainsi observables à partir d'un éloignement de 20 km. Localement, les chabots de rivière se distinguent nettement de leurs homologues de lac aussi bien sur le plan morphologique que génétique.

*Les études génétiques effectuées montrent que la plupart des populations de chabot étudiées sont génétiquement distinctes les unes des autres. Chacune d'elle doit donc être considérée comme une unité de gestion à part entière (MU). En général, les différences apparaissent déjà au sein d'un même cours d'eau à très petite échelle. Une gestion par tronçon de quelques kilomètres s'impose donc afin de préserver durablement le patrimoine génétique de chaque population locale.*

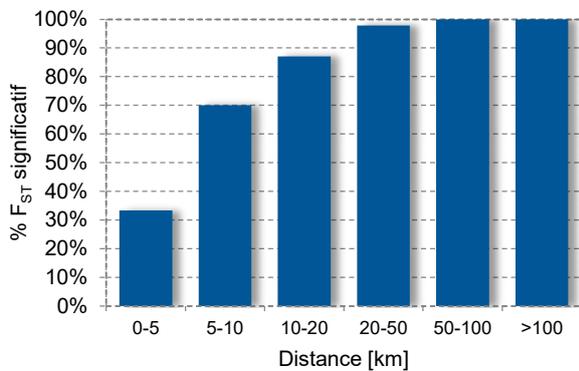
**Fig. 44** > Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance entre les populations



**Fig. 45** > Proportion de valeurs  $F_{ST}$  significatives observées entre les populations d'un même bassin versant



**Fig. 46** > Proportion de différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau



#### 7.4.3 Adaptations locales

Cet aspect n'a pas été étudié chez le chabot. Des différences morphologiques ont cependant été constatées entre les poissons vivant en cours d'eau et ceux vivant en milieu lacustre.

#### 7.4.4 Unités de gestion du chabot

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion du chabot en Suisse à l'échelle régionale:

- > La Suisse n'abrite qu'une seule espèce de chabot:
  - *Cottus gobio* présent dans les bassins du Rhône, du Doubs, du Rhin, du Pô et de l'Inn
- > Les ESU suivantes ont pu être définies en Suisse:
  - Bassin hydrographique du Rhône (Doubs et Allaine)
  - Bassin hydrographique du Léman et du Rhin
  - Bassin hydrographique du Danube
  - Bassin hydrographique du Pô
- > Conformément à la loi, les grands bassins de Suisse (Rhône, Doubs, Rhin, Tessin, Inn) doivent être gérés séparément.
- > Les chabots vivant dans des secteurs distants de plus de 20 km dans un même cours d'eau doivent être considérés comme des unités de gestion différentes (MU). Pour les repeuplements, il est donc recommandé d'utiliser des chabots issus de populations voisines.

## 8 > Les corégones (*Coregonus* sp.)

---

### 8.1 Statut taxonomique

Il existe une grande variété d'espèces de corégones (*Coregonus* sp.) en Suisse. Pendant longtemps, les différentes espèces de corégones vivant dans les lacs ont été qualifiées de formes, d'écotypes ou de races. En raison de la présence sympatrique d'espèces différentes au sein d'un même lac, les spécialistes s'accordent aujourd'hui sur le fait qu'il convient bien de parler d'espèces distinctes [8]. On estime à environ 32 le nombre d'espèces de corégones ayant vécu en Suisse.

L'EAWAG travaille actuellement à un traitement taxonomique des données morphologiques et génétiques disponibles et à l'élaboration de recommandations pour la gestion des espèces de corégones dans les différents lacs. Ce travail fera l'objet d'un rapport spécifique et les résultats touchant à la génétique des corégones ne sont pas détaillés dans le présent document.

### 8.2 Synthèse des études génétiques sur les corégones et recommandations en matière de gestion piscicole

#### 8.2.1 Échelle nationale et régionale

Diverses études montrent que les différents corégones vivant au sein d'un même lac se distinguent aussi bien sur le plan morphologique que génétique. Ils doivent donc être considérés comme des espèces distinctes. Pour préserver l'exceptionnelle diversité des corégones encore présente dans les lacs suisses, il est donc impératif d'éviter toute altération anthropique des écosystèmes lacustres. À l'intérieur de chaque lac, chaque espèce de corégone doit faire l'objet d'une gestion spécifique. Cela peut toutefois s'avérer difficile dans la mesure où différentes espèces peuvent être prises dans les mêmes filets lors de la capture de géniteurs. Il est donc conseillé d'observer les règles suivantes:

- > Éviter les croisements entre poissons capturés à différentes profondeurs. Les filets (pêche de géniteurs) doivent si possible être placés parallèlement à la rive. Ceci est particulièrement important entre 0 et 30 m de profondeur.
- > Choisir une largeur de maille adaptée aux espèces ciblées. Plusieurs espèces de corégones présentent des taux de croissance différents.
- > Renoncer au repeuplement si une capture ciblée s'avère impossible et/ou si l'utilité d'une telle démarche n'a pas été démontrée.

---

### 8.2.2 Unités de gestion des corégones

Les recommandations suivantes peuvent être émises pour la gestion des corégones en Suisse:

- > Chaque espèce de corégone constitue une unité de gestion à part entière. Lorsqu'une espèce est présente dans plusieurs lacs (comme l'albeli dans les lacs de Walenstadt et de Zurich), les populations de chaque lac doivent être considérées comme des unités de gestion indépendantes d'une même espèce (MU).

## 9 > Le brochet (*Esox sp.*)

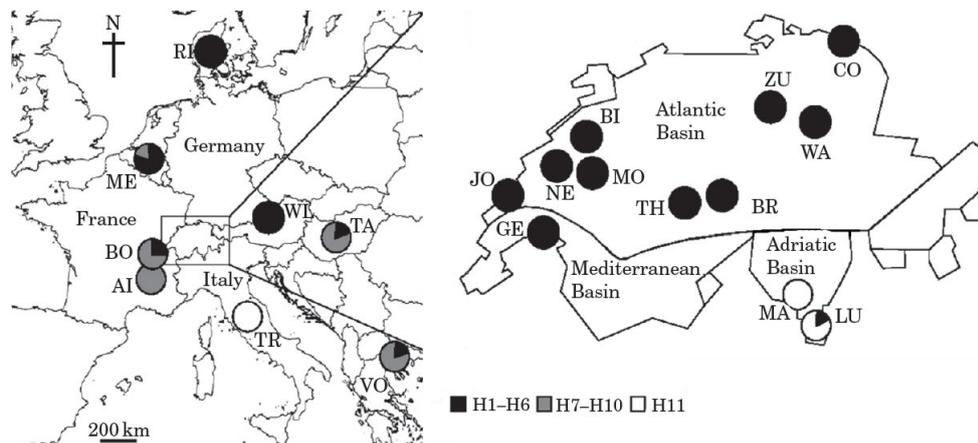
### 9.1 Statut taxonomique

Deux espèces de brochet sont présentes en Suisse, respectivement au nord (*Esox lucius*) et au sud des Alpes (*Esox cisalpinus*). Les deux espèces sont exploitées et ont fait l'objet d'intenses mesures de repeuplement. Toutefois, peu d'études génétiques ont été effectuées jusqu'à aujourd'hui. Les résultats de deux publications scientifiques sont présentés ci-après [37, 38].

### 9.2 Études à l'échelle nationale

Une seule et unique étude génétique basée sur 108 individus originaires de 20 populations européennes (dont douze en Suisse, fig. 47) a été effectuée sur le brochet [37]. Les analyses ont été réalisées à partir de l'ADN mitochondrial.

**Fig. 47** > Sites de prélèvements en Europe et en Suisse [37] et fréquences respectives des différents haplotypes (H1-H11)



Au total, onze haplotypes ont été identifiés, dont quatre dans les populations suisses (H1, H2, H3 et H11). Dans l'ensemble, la diversité génétique des populations de brochet au niveau de l'ADN mitochondrial est faible par rapport à celle d'autres espèces. Les brochets du Tessin présentent un haplotype spécifique (H11) qui n'est pas présent au nord des Alpes. Cela indique que les brochets du nord et du sud des Alpes appartiennent à des lignées génétiquement différentes qu'il convient de gérer séparément.

### 9.3 Études à l'échelle locale ou régionale

#### 9.3.1 Les brochets du Léman

Quelques brochets du Léman ont fait l'objet d'une étude taxonomique française [38]. Cette dernière a analysé 65 individus à partir de leur ADN mitochondrial et nucléaire.

Les résultats attestent de la présence concomitante de gènes appartenant à la lignée du nord et du sud des Alpes. Curieusement, les échantillons analysés dataient de la première moitié du XIX<sup>e</sup> siècle, ce qui tend à démontrer que les deux lignées sont arrivées dans le lac naturellement. Des études complémentaires s'avèrent nécessaires pour confirmer la présence d'*E. cisalpinus* dans d'autres parties de la Suisse romande.

### 9.4 Synthèse des études génétiques sur le brochet et recommandations en matière de gestion piscicole

#### 9.4.1 Échelle nationale

Les connaissances actuelles sont encore trop lacunaires pour définir des unités de gestion chez le brochet. L'étude génétique réalisée semble démontrer l'existence de deux lignées génétiquement distinctes au nord et au sud des Alpes. La lignée du sud correspond probablement à *E. cisalpinus* et celle du nord à *E. lucius*.

## 10 > L'omble chevalier (*Salvelinus* sp.)

---

### 10.1 Statut taxonomique

Les spécialistes supposent que, comme les corégones, les ombles chevaliers se sont différenciés en plusieurs espèces au sein des différents lacs (O. Seehausen, communication personnelle). Les études sur le sujet ne sont pas encore achevées. Depuis les travaux de Brunner [39], seule une étude a été publiée en Suisse à ce jour.

### 10.2 Études à l'échelle locale ou régionale

#### 10.2.1 Les ombles chevaliers du Léman et du lac de Neuchâtel

Un total de 386 ombles chevaliers (*Salvelinus* sp.) issus de 20 populations du Léman, du lac de Neuchâtel, du lac du Bourget et de deux piscicultures ont été analysés à partir de neuf loci microsatellites dans le cadre d'un travail de *master* [40]. L'objectif principal était de retracer l'évolution des caractéristiques génétiques des ombles chevaliers au cours des 50 dernières années.

Les résultats montrent qu'au sein d'un même lac, les ombles provenant de différents sites ne présentent pas de différences génétiques significatives. De même, la comparaison entre lacs n'a révélé de différence significative qu'entre le Léman et le lac du Bourget ( $F_{ST}$  entre 0,0340 et 0,040). Une comparaison avec des données historiques révèle que les caractéristiques génétiques des ombles chevaliers du Léman se sont modifiées au cours du temps.

### 10.3 Synthèse des études génétiques sur l'omble chevalier et recommandations en matière de gestion piscicole

La seule étude récente ne livrant pas de résultats concluants sur la génétique de l'omble chevalier, les résultats d'études plus anciennes (voir résumé dans [1]) sont pris en compte dans la synthèse.

Les études menées jusqu'à présent montrent qu'en général, les ombles chevaliers (*Salvelinus* sp.) vivant dans différents lacs se distinguent sur le plan génétique. Il convient donc de les considérer comme des unités de gestion indépendantes (MU). L'inexistence de différences génétiques constatée entre les ombles chevaliers du lac de Neuchâtel et de ceux du Léman ou de ceux du lac du Bourget constitue une exception dont l'origine s'explique par des transferts de poissons entre ces lacs. Il est d'autre part probable que certains lacs abritent plusieurs espèces d'omble vivant en sympatrie. Celles-ci doivent alors être gérées séparément.

# 11 > Le gardon (*Rutilus rutilus*)

## 11.1 Statut taxonomique

En Suisse, le gardon (*Rutilus rutilus*) est autochtone dans les bassins du Rhin, du Rhône et du Danube. Il a été introduit au sud des Alpes, où il s'hybride avec l'espèce qui y est native, le triotto (*Rutilus rubilio*). L'analyse présentée ci-dessous synthétise les résultats d'études menées par l'EA Wag et le canton d'Argovie.

## 11.2 Études à l'échelle nationale

Le gardon (*R. rutilus*) n'a fait l'objet que d'une seule étude génétique à l'échelle nationale. Au total, 94 poissons issus des lacs de Hallwil, de Brienz, de Walenstadt, de Neuchâtel et du Léman ont été analysés à partir de 65 819 loci SNP.

Les résultats montrent que les gardons issus des différents lacs ne se distinguent que partiellement les uns des autres (tableau 7). Dans les comparaisons par paire, 4 différences sur 10 ne s'avèrent pas significatives. Par ailleurs, les différences morphologiques observées chez les gardons issus de plusieurs lacs n'ont pas pu être mises en relation avec les différences génétiques identifiées. L'auteur conclut donc que les différences morphologiques observées s'expliquent par un phénomène de plasticité phénotypique plutôt que par des adaptations locales.

**Tab. 7 > Degré de différenciation génétique ( $F_{ST}$ ) entre populations de gardon (*R. rutilus*) (en dessous de la diagonale) et valeurs de  $p$  correspondantes (au-dessus de la diagonale)**

	Leman	Hallwil	Brienz	Walen	Neuchatel
Leman	-	0,3988	0,000	0,0469	1,000
Hallwil	0,02178	-	0,000	0,000	0,4497
Brienz	0,01900	0,01984	-	0,000	0,000
Walen	0,02573	0,03023	0,03365	-	0,1251
Neuchatel	0,00129	0,01924	0,01599	0,02194	-

### 11.3 Études à l'échelle régionale

#### 11.3.1 Les gardons de la retenue de Wettingen

Dans cette étude [41], des gardons prélevés dans les retenues de Wettingen et de Letten sur la Limmat ont été comparés à des gardons utilisés pour les repeuplements (issus d'une pisciculture allemande) (fig. 48). Au total, 120 individus ont été analysés à partir de six loci microsatellites. L'objectif était de savoir si les poissons de la pisciculture allemande pouvaient être utilisés pour repeupler la retenue de Wettingen et, dans le cas contraire, si les repeuplements effectués dans le passé avaient déjà eu un impact sur les caractéristiques génétiques de la population locale.

**Fig. 48** > Localisation des sites de prélèvements

*L'origine exacte des poissons de la pisciculture allemande n'est pas connue [41].*



Les résultats de l'analyse génétique des trois populations de gardon (Wettingen, Letten et pisciculture) montrent que les poissons de pisciculture sont génétiquement très différents de ceux des deux populations autochtones de la Limmat (Wettingen et Letten). Les gardons allochtones issus de la pisciculture allemande ne devraient donc pas être utilisés pour les repeuplements. Les résultats montrent également qu'une partie des gardons de repeuplement a survécu et a pu se reproduire avec les gardons autochtones, ce qui a conduit à une introgression génétique dans la population naturelle. Toutefois,

---

la majeure partie de la population de Wettingen est encore constituée du pool autochtone et présente encore une diversité génétique suffisante. Les auteurs de l'étude déconseillent fortement de poursuivre les repeuplements avec des gardons allochtones.

#### 11.4 **Synthèse des études génétiques sur le gardon et recommandations en matière de gestion piscicole**

##### 11.4.1 **Échelle nationale**

Les deux études génétiques effectuées sur le gardon (*R. rutilus*) livrent trop peu d'informations pour la définition d'unités de gestion. Dans l'étude à l'échelle nationale, six comparaisons par paire sur dix sont significatives; il est donc probable que la Suisse abrite plusieurs MU. Malgré l'utilisation de méthodes génétiques permettant d'identifier des adaptations locales, aucune n'a pu être mise en évidence chez le gardon.

## 12 > La perche commune (*Perca fluviatilis*)

---

### 12.1 Statut taxonomique

En Suisse, la perche commune (*Perca fluviatilis*) est autochtone dans les bassins du Rhin, du Rhône, du Danube et du Pô. La synthèse ci-après présente les résultats d'études menées par l'EAWAG et l'Université de Constance.

### 12.2 Études à l'échelle nationale

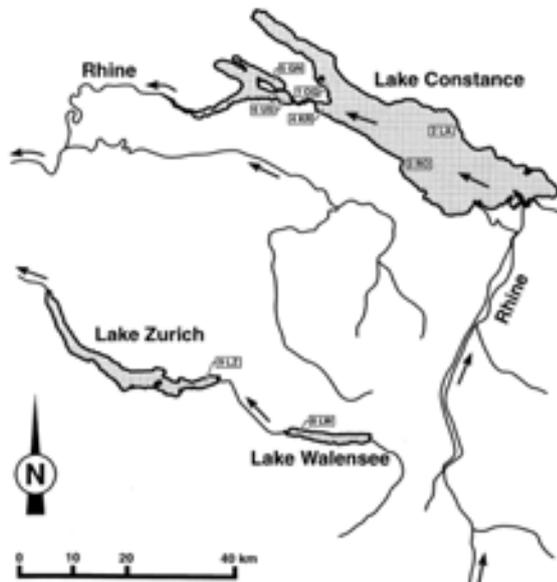
La génétique de la perche commune (*P. fluviatilis*) n'a fait l'objet que d'une seule étude à l'échelle nationale [42]. Au total, 59 poissons issus des lacs des Brenets, de Brienz, de Joux, de Lugano, des Quatre-Cantons et de Neuchâtel ont été analysés à partir de leur ADN mitochondrial. L'objectif était de savoir si la Suisse a été colonisée par plusieurs lignées différentes de perche. Les résultats montrent que toutes les perches étudiées appartiennent à la même lignée évolutive [42].

### 12.3 Études à l'échelle régionale

#### 12.3.1 Les perches du lac de Constance

Dans une première étude menée en 2001 [43], 162 perches communes prélevées à différents endroits du lac de Constance (Obersee et Untersee) ont été comparées entre elles sur la base de cinq loci microsatellites. À titre de comparaison, des perches issues des lacs de Zurich et de Walenstadt ont également été analysées (fig. 49). L'étude montre que le lac de Constance abrite deux populations génétiquement distinctes, la première occupant plutôt la partie occidentale du lac et la seconde plutôt sa partie orientale. Aucune différence significative n'a pu être observée entre les populations des lacs de Zurich et de Walenstadt. Ces deux populations sont cependant génétiquement différentes de celles du lac de Constance.

**Fig. 49** > Localisation des sites de prélèvements des perches dans le lac de Constance, le lac de Zurich et le lac de Walenstadt [43]



Dans une étude de 2004, l'ADN mitochondrial de 82 perches issues de deux populations distinctes du lac de Constance a été examiné [44]. Les analyses montrent que les perches du lac de Constance dérivent de deux lignées génétiques très anciennes qui se sont hybridées dans le lac, avant que n'apparaissent les populations actuelles génétiquement différenciées. Cela signifie que les deux populations génétiquement distinctes sont probablement apparues de façon sympatrique dans le lac et ne sont pas le résultat de deux vagues distinctes de colonisation.

Une nouvelle étude a ensuite montré que les hybrides entre les deux populations du lac de Constance présentent une fitness inférieure aux descendants non hybrides de l'une ou de l'autre des populations [45]. Ce constat atteste de l'existence de mécanismes d'isolement qui empêchent un mélange des populations. De ce fait, les deux populations peuvent quasiment être considérées comme deux espèces distinctes qui se seraient différenciées après la colonisation du lac.

Enfin, une étude de 2015 révèle que les perches à nageoires jaunes du lac de Constance sont génétiquement différentes des perches à nageoires rouges du même lac [46]. La répartition exacte des deux phénotypes dans le lac reste encore à préciser. Curieusement, les perches jaunes semblent plus fortement attaquées par des parasites que les perches rouges.

---

## 12.4 Synthèse des études génétiques sur la perche commune et recommandations en matière de gestion piscicole

### 12.4.1 Échelle nationale

Malgré une étude effectuée sur six lacs suisses, la définition d'unités de gestion reste difficile pour la perche. Dans une autre étude, il a été démontré que les perches du complexe lac de Zurich / lac de Walenstadt étaient génétiquement distinctes de celles du lac de Constance.

### 12.4.2 Échelle régionale

À l'échelle régionale, les perches du lac de Constance ont été étudiées à plusieurs reprises au cours des dernières années. Ces études montrent que le lac abrite plusieurs populations génétiquement différenciées, qui pourraient être considérées comme des espèces à part entière.

# 13 > L'épinoche (*Gasterosteus aculeatus*)

---

## 13.1 Statut taxonomique

En Suisse, les épinoches sont représentées par une espèce (*Gasterosteus aculeatus*) dans les bassins du Rhin, du Rhône, du Danube et du Pô. Au début du XIX<sup>e</sup> siècle, cette espèce n'était observée que dans la région de Bâle [47]. Elle a aujourd'hui colonisé une grande partie des eaux suisses.

## 13.2 Synthèse des études à l'échelle nationale et régionale

Les conclusions rapportées ci-dessous se basent sur diverses publications scientifiques [48–56]. Elles sont mentionnées ci-après sans formuler de recommandations de gestion:

- > Les épinoches de Suisse présentent une très grande diversité morphologique. Le nombre de plaques osseuses, notamment, peut fortement varier.
- > La Suisse a été colonisée par trois lignées évolutives différentes. Celles-ci se sont croisées dans certaines régions, notamment en Suisse centrale.
- > Les épinoches se sont adaptées à différentes formes de vie (en eau courante et en eau dormante). Ces adaptations se sont produites au cours des 140 dernières années, ce qui est très court à l'échelle de l'évolution.
- > L'épinoche est un sujet de choix pour l'étude des adaptations locales et de la différenciation des espèces. La Suisse représente un cas particulièrement intéressant puisque la majeure partie de son territoire n'a été colonisé par l'épinoche qu'au cours des 140 dernières années, de sorte que les adaptations observées se sont nécessairement produites en ce laps de temps.

# 14 > Annexes

## 14.1 Méthodes génétiques utilisées

Les méthodes génétiques à disposition des chercheurs se sont nettement améliorées ces dernières années. En moins de 20 ans, on est passé de l'analyse de quelques loci à celle du génome entier. Les possibilités qu'offrent les techniques génétiques aux gestionnaires sont énormes et encore loin d'être toutes exploitées [57]. En effet, il est aujourd'hui possible d'identifier les régions sur le génome qui sont sujettes à un effet de la sélection naturelle, ce qui permet de mieux définir les ESU d'une manière objective. Ces méthodes sont par contre encore très récentes et peu accessibles aux gestionnaires. Leur utilisation en gestion halieutique ne saurait pourtant tarder.

Pour rappel, l'élément de base de toutes les méthodes appliquées en génétique des populations est l'acide désoxyribonucléique (ADN). L'ADN contient toute l'information génétique permettant le développement et le fonctionnement des êtres vivants. Il est généralement formé de deux brins antiparallèles enroulés en une double hélice. Chez les poissons, l'ADN est contenu dans le noyau des cellules sous forme de chromosomes et dans les mitochondries. Deux copies de chaque chromosome sont présentes dans le noyau. Ainsi, dans chaque cellule, tous les gènes possèdent deux copies, qui sont appelées allèles.

Nous présentons ici brièvement les méthodes qui ont été le plus couramment appliquées pour les études citées dans ce document.

### 14.1.1 Méthode de l'ADN mitochondrial

L'ADN mitochondrial se caractérise par une héritabilité uniparentale, car il est uniquement contenu dans les mitochondries de l'ovule de la femelle et pas dans le sperme du mâle. L'ADN mitochondrial provient donc uniquement de la lignée maternelle et se présente sous la forme d'un seul jeu de chromosomes appelé haplotype. Comme chaque cellule contient un nombre de copies important d'ADN mitochondrial, il est relativement aisé de l'isoler. Par ailleurs, cet ADN n'est pas soumis aux recombinaisons génétiques. Les différences entre haplotypes sont ainsi uniquement imputables aux mutations ponctuelles neutres accumulées dans le temps.

**Le séquençage d'un locus mitochondrial est la méthode la plus couramment utilisée ces dernières années en phylogénétique afin d'identifier les lignées évolutives. Elle permet de définir des ESU.**

#### 14.1.2 Méthode des microsatellites

Sur l'ADN nucléaire, certaines courtes successions de nucléotides, appelées par la suite loci microsatellites, se répètent à très haute fréquence. Ces microséquences ne sont pas codantes, et ne sont en règle générale pas influencées par la sélection naturelle. Cette caractéristique rend ces marqueurs utiles pour des études des processus évolutifs neutres, non influencés par la sélection. En principe, plus le nombre de loci de microsatellites différents analysés en parallèle est élevé, plus les résultats sont robustes.

Cette technique est notamment utilisée pour décrire la structure génétique fine d'une espèce, afin de hiérarchiser les populations en sous-unités. Elle permet également de quantifier les flux génétiques entre plusieurs sous-structures. Grâce à des traitements mathématiques, il est possible de dégager des groupes ou «clusters» génétiques parmi une même unité taxonomique.

**C'est la méthode la plus couramment utilisée pour la gestion des populations. Elle permet d'identifier les MU.**

#### 14.1.3 Méthode des AFLP

L'analyse des AFLP (Amplified fragment length polymorphisms) est une méthode assez répandue pour les études phylogénétiques et génomiques [58–59]. Les AFLP sont des fragments d'ADN de 50 à env. 600 paires de base distribués sur le génome entier. Une fois l'amplification PCR des AFLP accomplie, la présence ou l'absence de chacun de ces fragments est utilisée pour différencier les groupes d'individus.

Les AFLP présentent trois avantages intéressants. Premièrement, il est possible d'analyser des centaines de loci sur un génome avec un nombre restreint d'amorces ou «primers». Deuxièmement, la méthode est éprouvée et applicable à n'importe quelle espèce. Troisièmement, les AFLP ne sont pas tous sélectivement neutres. Il est ainsi possible d'identifier des régions ou des gènes influencés directement par la sélection naturelle.

**C'est une méthode qui a couramment été utilisée ces dernières années en phylogénétique et en biologie de l'évolution. Elle est aujourd'hui remplacée par des méthodes génomiques plus avancées (comme le séquençage du génome entier). Elle permet de définir des MU et des ESU.**

#### 14.1.4 Méthode des SNP

La méthode des SNP (Single-nucleotide polymorphism) est basée sur la variation (polymorphisme) d'une seule paire de bases de nucléotides du génome. Pour l'analyse, plusieurs dizaines de milliers de SNP issus de tout le génome sont utilisés en parallèle. Ils peuvent donc se retrouver au sein de régions codantes ou de régions non codantes du génome.

Un grand nombre de SNP peuvent aujourd'hui être analysés en même temps à l'aide des nouvelles techniques de séquençage, ce qui donne à ces données une puissance d'investigation particulièrement importante. Ainsi, il devient possible d'étudier en détail les régions du génome qui sont soumises à la sélection naturelle. Il est alors possible de faire le lien entre le génotype et le phénotype.

**Les résultats de telles analyses permettent d'étudier en même temps les lignées évolutives, les ESU et les MU.**

Cette méthode trouve des applications aussi bien en phylogénétique qu'en génétique des populations. Aujourd'hui, nous ne nous trouvons cependant qu'au début de l'ère génomique et les possibilités d'analyse et d'interprétation vont encore s'accroître dans les années à venir. Leur application pour la conservation et la gestion reste pour l'instant difficile. Il ne fait cependant aucun doute que les approches liées au séquençage de larges parties du génome deviendront un jour un outil important pour les gestionnaires.

#### 14.2 **F<sub>ST</sub>: un indicateur de différenciation génétique**

La valeur  $F_{ST}$  est utilisée pour quantifier le degré de différenciation génétique entre populations. Elle mesure la variance génétique, soit le degré de dispersion des différences génétiques, parmi les populations. Les valeurs  $F_{ST}$  vont de 0 (populations parfaitement identiques génétiquement; aucune divergence génétique ne peut être observée; les populations possèdent une diversité génétique commune) à 1 (populations totalement différentes génétiquement; chaque population a sa propre diversité génétique).

Ainsi le  $F_{ST}$  est un révélateur de la relation génique entre les populations. Les espèces à répartition large et continue, ayant un flux de gènes très élevé parmi leurs populations, montrent des  $F_{ST}$  très faibles (entre 0 et 0,05). À l'inverse, de fortes différenciations peuvent être observées chez des espèces à aire de répartition confinée et discontinue ayant un échange de gènes fortement limité.

Degré de diversification de l'indice  $F_{ST}$  entre populations de la même espèce:

$F_{ST}$	Signification
$0 < F_{ST} < 0,05$	Différenciation faible
$0,05 < F_{ST} < 0,15$	Différenciation modérée
$0,15 < F_{ST} < 0,25$	Différenciation importante
$F_{ST} > 0,25$	Différenciation très importante

Il est important de préciser que la valeur  $F_{ST}$  observée est purement statistique et donc dépendante de la taille de l'échantillon. À tel point que si les populations sont de petite taille, la valeur peut rapidement atteindre des valeurs importantes. Inversement, l'absence d'échanges de gènes entre de très grandes populations ne correspond pas forcé-

---

ment à une forte différence de variance génétique. Ainsi la valeur  $F_{ST}$  à elle seule ne permet pas d'émettre de recommandations de gestion. Elle constitue toutefois un bon indicateur des différences génétiques entre populations.

Il faut également noter que le  $F_{ST}$  ne permet pas à lui seul de définir les espèces. Le fait que deux populations présentent un  $F_{ST}$  très élevé ne signifie pas automatiquement qu'elles correspondent à deux espèces différentes. De même, un  $F_{ST}$  moyen n'implique pas nécessairement que les deux espèces étudiées n'en forment en réalité qu'une seule. Ainsi, les chabots étudiés dans deux cours d'eau appartenaient à la même espèce (*Cottus gobio*) alors que le  $F_{ST}$  était de 0,2. À l'opposé, l'Albeli et le Balchen (deux corégones) du lac des Quatre-Cantons constituent bien deux espèces distinctes, bien que le  $F_{ST}$  affiche une valeur de 0,11. Il apparaît donc nettement que d'autres paramètres, d'ordre biologique et morphologique, doivent être pris en compte pour définir les espèces.

## > Bibliographie

- [1] Largiadèr C.R., Hefti D. 2002: Principes génétiques de conservation et de gestion piscicoles. Informations concernant la pêche n° 73. Office fédéral de l'environnement, des forêts et du paysage OFEFP, Berne.
- [2] Reed D. H., Frankham R. 2003: Correlation between Fitness and Genetic Diversity. *Conservation Biology*. 17(1): p. 230–237.
- [3] FIBER 2014: Les truites en Suisse. Diversité, biologie et reproduction. Schweizerische Fischereiberatungsstelle, Kastanienbaum.
- [4] Reed T.E. et al. 2010: Phenotypic plasticity and population viability. The importance of environmental predictability. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*. 277, 1699: p. 3391–3400.
- [5] Lundsgaard-Hansen B., Vonlanthen P., Seehausen O. 2013: Adaptive plasticity and genetic divergence in feeding efficiency during parallel adaptive radiation of whitefish (*Coregonus* spp.). *Journal of Evolutionary Biology*. 26(3): p. 483–498.
- [6] Moritz C. 1994: Defining «Evolutionary Significant Units» for conservation. *TREE*. 9(10): p. 373–375.
- [7] Palsboll P., Bérubé M., Allendorf F. 2006: Identification of management units using population genetic data. *TRENDS in Ecology and Evolution*. 22: p. 11–16.
- [8] Kottelat M., Freyhof J. 2007: Handbook of European Freshwater Fishes. Publications Kottelat. Cornol, Switzerland.
- [9] Keller I. et al. 2012: Parallel divergent adaptation along replicated altitudinal gradients in Alpine trout. *BMC Evolutionary Biology*. 12: p. 1–16.
- [10] Schuler J. 2010: Parallel adaptive divergence across thermal gradients in Swiss trout populations. In Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät. Universität Bern, Bern.
- [11] Keller I., Taverna A., Seehausen O. 2011: Evidence of neutral and adaptive genetic divergence between European trout populations sampled along altitudinal gradients. *Molecular Ecology*. 20(9): p. 1888–1904.
- [12] Dagani D. 2012: Rapport d'étude sur l'hybridation des truites «du Doubs» (*S. rhodanensis*) et des truites atlantiques (*S. trutta*) dans la rivière Allaine (Jura, CH). EAWAG, Kastanienbaum.
- [13] Dagani D. 2010: Introgression of Atlantic brown trout 6 (*Salmo trutta*) and presence of marble trout (*Salmo marmoratus*) in the Ticino River (South of Switzerland). In Faculté de biologie et de médecine, Université de Lausanne, Lausanne: p. 37.
- [14] Bittner D. 2004: Genetic population structure of brown trout (*Salmo trutta*) in the Lake Thun area and the influence of stocking on natural populations. In Philosophisch-naturwissenschaftliche Fakultät. Universität Bern, Bern: p. 76.
- [15] Bittner D., Largiadèr C.R. 2004: Genetische Populationsstruktur der Bach- und Seeforellen im Thunerseeinzugsgebiet und der Einfluss des Besatzes auf die Wildpopulationen. Universität Bern, Bern: p. 28.
- [16] Stelkens R.B. et al. 2012: Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout. *Molecular Ecology*. 21(12): p. 2896–2915.
- [17] Dermond P. 2014: Phenotypic and ecological diversification in relation with habitat stability. In Department of Ecology. Universität Zürich, Zürich: p. 25.
- [18] Beerli B., Kläfiger Y., Salzburger W. 2014: Genetische Populationsstruktur der Bachforellen (*S. trutta*) im oberen Teil der Birs zwischen dem Delsberger Becken (JU) und Aesch (BL). Universität Basel, Basel: p. 18.
- [19] Vonlanthen P. et al. 2015: Untersuchung der Fischpopulation im Lago di Poschiavo und im Silsersee. In Projet Lac. Eawag, Kastanienbaum.
- [20] Stamm A. 2015: Evaluation of the intraspecific diversity of brown trout (*Salmo trutta*) in the Engadin (CH). In Fish ecology and evolution. University of Zurich, Zürich.
- [21] Behrmann-Godel J. 2014: Genetische Untersuchungen zur Diversität von Seeforellen im Bodensee-Obersee. Universität Konstanz, Konstanz.
- [22] Aquabios: Populationsgenetische Untersuchung der Forellen im Kanton Aargau. V.u.U. Auftraggeber: Departement Bau, Sektion Jagd und Fischerei. Kanton Aargau. Editor in Arbeit. Aquabios GmbH, Düringen.
- [23] Cattaneo F. et al. 2011: Caractérisation génétique des populations d'ombre commun (*Thymallus thymallus*) de Suisse et France transfrontalière.
- [24] Vonlanthen P., Salzburger W. 2010: Populationsgenetische Untersuchung der Äschen in der Birs. Universität Basel, Basel.
- [25] Kläfiger Y., Salzburger W. 2012: Populationsgenetische Untersuchungen der Äschen in der Birs. Universität Basel, Basel.
- [26] Vonlanthen P., Marbach Y., Seehausen O. 2010: Genetische Differenzierung der Äschen im Kanton St. Gallen. EAWAG, Editor. EAWAG, Kastanienbaum.
- [27] OFEV 2011: Liste des espèces prioritaires au niveau national. In L'environnement pratique. Office fédéral de l'environnement, Berne.

- [28] Vonlanthen P., Hudson A.G., Seehausen O. 2010: Genetische Differenzierung und lokale Anpassung der Nasenpopulationen in der Schweiz. BAFU. Editor 2010. EAWAG, Kastanienbaum.
- [29] Hudson A., Vonlanthen P., Seehausen O. 2014: Population structure, inbreeding and local adaptation within an endangered riverine specialist. The nase (*Chondrostoma nasus*). *Conservation Genetics*. 15(4): p. 933–951.
- [30] Gousskov A., Vorburger C. 2016: Postglacial recolonizations, watershed crossings and human translocations shape the distribution of chub lineages around the Swiss Alps. *BMC Evolutionary Biology*, 16:185.
- [31] Gousskov A. et al. 2015: Fish population genetic structure shaped by hydroelectric power plants in the upper Rhine catchment. *Evolutionary Applications*. Online early.
- [32] Vonlanthen P. et al. 2007: Genetic analysis of potential postglacial watershed crossings in central Europe by the bullhead (*Cottus gobio* L.). *Molecular Ecology*. In press.
- [33] Vonlanthen P. 2004: Genetic analysis of potential postglacial watershed crossings by the bullhead (*Cottus gobio* L.). In der philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät. Universität Bern, Bern.
- [34] Hellmann J. 2011: Divergent adaptation and speciation in Alpine bullheads living along altitudinal gradients. In Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Bern. Universität Bern, Bern.
- [35] Junker J. et al. 2012: River fragmentation increases localized population genetic structure and enhances asymmetry of dispersal in bullhead (*Cottus gobio*). *Conservation Genetics*. 13: p. 545–556.
- [36] Häberli M. 2015: Phenotypic and Genetic Diversification of *Cottus gobio* in a Metapopulation, in Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Bern. Universität Bern, Bern.
- [37] Nicod J.-C. et al. 2004: Low levels of mitochondrial DNA variation among central and southern European *Esox lucius* populations. *Journal of Fish Biology*. 64: p. 1442–1449.
- [38] Denys G. et al. 2014: Morphological and molecular evidence of three species of pikes *Esox* spp. (Actinopterygii, Esocidae) in France. Including the description of a new species. *C.R. Biologies*. 337: p. 521–534.
- [39] Brunner P. 1997: Molecular Evolution and Phylogenetic Relationships in the *Salvelinus alpinus* (Telostei, Salmoniformes) Complex. ETH, Zürich.
- [40] Savary R. 2011: Genetic diversity in time and space: The case of a stocked Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) population in Lake Geneva implications for management. In Faculté de biologie et de médecine. Université de Lausanne, Lausanne: p. 41.
- [41] Unibas and Aquabios 2014: Populationsgenetische Untersuchung von Rotaugen in der Limmat. Unibas + Aquabios, Basel.
- [42] Pulver J. 2014: Density-dependent ecological and phenotypic differentiation in prealpine perch (*Perca fluviatilis*) populations. In Philosophisch-naturwissenschaftlichen Fakultät. Universität Bern, Bern.
- [43] Gerlach G. et al. 2001: Kin-structured subpopulations in Eurasian perch (*Perca fluviatilis* L.). *Heredity*. 86: p. 213–221.
- [44] Behrmann-Godel J., Gerlach G., Eckmann R. 2004: Postglacial colonization shows evidence for sympatric population splitting of Eurasian perch (*Perca fluviatilis* L.) in Lake Constance. *Molecular Ecology*. 13: p. 491–497.
- [45] Behrmann-Godel J., Gerlach G. 2008: First evidence for postzygotic reproductive isolation between two populations of Eurasian perch (*Perca fluviatilis* L.) within Lake Constance. *Frontiers in Zoology*.
- [46] Roch S., Behrmann-Godel J., Brinker A. 2015: Genetically distinct colour morphs of European perch *Perca fluviatilis* in Lake Constance differ in susceptibility to macroparasites. *Journal of Fish Biology*. 86: p. 854–863.
- [47] Lucek K. et al. 2010: Hybridization between distant lineages increases adaptive variation during a biological invasion. Stickleback in Switzerland. *Molecular Ecology*. 19: p. 3995–4011.
- [48] Lucek K., Seehausen O. 2015: Distinctive insular forms of threespine stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) from western Mediterranean islands. *Conservation Genetics*.
- [49] Lucek K., Sivasunder A., Seehausen O. 2012: Evidence of Adaptive Evolutionary Divergence during Biological Invasion. *PLOS one*. 7(11).
- [50] Lucek K. et al. 2013: Repeated and predictable patterns of ecotypic differentiation during a biological invasion. Lake-stream divergence in parapatric Swiss stickleback. *Journal of Evolutionary Biology*.
- [51] Lucek K., Sivasunder A., Seehausen O. 2014: Disentangling the role of phenotypic plasticity and genetic divergence in contemporary ecotype formation during a biological invasion. *Evolution*.
- [52] Lucek K., Lemoine M., Seehausen O. 2014: Contemporary ecotypic divergence during a recent range expansion was facilitated by adaptive introgression. *Journal of Evolutionary Biology*. 27: p. 2233–2248.
- [53] Lucek K. et al. 2014: Quick divergence but slow convergence during ecotype formation in lake and stream stickleback pairs of variable age. *Journal of Evolutionary Biology*. 27(1878–1892).

- 
- [54] Moser D., Roesti M., Berner D. 2012: Repeated Lake-Stream Divergence in Stickleback Life History within a Central European Lake Basin. *PLOS one*. 7(12).
- [55] Roy D. et al. 2015: Hybrid «superswarm» leads to rapid divergence and establishment of populations during a biological invasion. *Molecular Ecology*.
- [56] Marques D.A. et al. 2015: Genomics of Rapid Incipient Speciation in Sympatric Threespine Stickleback. *PLOS one*.
- [57] Weir B., Cockerham C. 1984: Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38(6): p. 1358–1370.
- [58] Ouborg N.J. et al. 2010: Conservation genetics in transition to conservation genomics. *Trends in Genetics*. 26(4): p. 177–187.
- [59] Bensch S., Akesson M. 2005: Ten years of AFLP in ecology and evolution: why so few animals? *Molecular Ecology*. 14(10): p. 2899–2914.

# > Répertoire

## Figures

<b>Fig. 1</b> Échantillons de robes de truite ( <i>Salmo trutta</i> ) observables sur le bassin atlantique helvétique	13	<b>Fig. 14</b> Sites de prélèvements dans le bassin du lac de Constance [21]	29
<b>Fig. 2</b> Distribution historique des différentes espèces de truite de Suisse	15	<b>Fig. 15</b> Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance entre les populations	31
<b>Fig. 3</b> Localisation des 30 populations étudiées [11]	16	<b>Fig. 16</b> Proportion de valeurs $F_{ST}$ significatives observées entre les populations d'un même bassin versant	32
<b>Fig. 4</b> Analyse STRUCTURE (à partir des données AFLP) des différentes populations de truite échantillonnées par grands bassins versants	17	<b>Fig. 17</b> Proportion des différences génétiques significatives observées selon la distance entre les populations	32
<b>Fig. 5</b> Carte des sites de prélèvements	18	<b>Fig. 18</b> Répartition géographique des sites de prélèvements pour l'étude génétique de l'ombre à l'échelle nationale [23]	34
<b>Fig. 6</b> Sites de prélèvements (points noirs) avec les secteurs de rempoissonnement du Tessin par les piscicultures respectives (lettres majuscules) [13]	20	<b>Fig. 19</b> Arbre phylogénétique des populations d'ombre étudiées [23]	35
<b>Fig. 7</b> Analyse STRUCTURE selon la méthode des ALFP	20	<b>Fig. 20</b> Localisation des sites de prélèvements dans le cours de la Birse et identification des lignées mitochondriales des souches rhodanienne (en bleu) et rhénane (en rouge)	37
<b>Fig. 8</b> Sites de prélèvements dans le bassin du lac de Thoune	21	<b>Fig. 21</b> Localisation des trois populations génétiques identifiées dans la Birse à l'aide des microsatellites	38
<b>Fig. 9</b> Sites de prélèvements dans le bassin du lac des Quatre-Cantons [17]	23	<b>Fig. 22</b> Analyse STRUCTURE des ombres du canton de Saint-Gall, ainsi que de deux populations de référence du bassin du Danube (Mur et Kohlendach)	39
<b>Fig. 10</b> Sites de prélèvements dans le bassin de la Birse	25	<b>Fig. 23</b> Sites de prélèvements des ombres dans plusieurs cours d'eau du canton d'Argovie	40
<b>Fig. 11</b> Phénotypes observés dans le lac de Poschiavo en 2012 [19]	26	<b>Fig. 24</b> Résultats de l'analyse STRUCTURE	41
<b>Fig. 12</b> Sites de prélèvements dans les bassins versants du Rhin alpin, de l'Inn, du Poschiavino et du Tessin [20]	27	<b>Fig. 25</b> Unités de gestion de l'ombre définies sur la base des analyses génétiques	42
<b>Fig. 13</b> Distribution des haplotypes d'ADN mitochondrial dans les trois bassins versants étudiés	28	<b>Fig. 26</b> Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant en fonction de la distance entre les populations	43
		<b>Fig. 27</b> Proportion de valeurs $F_{ST}$ significatives observées entre les populations d'un même bassin versant	44

<b>Fig. 28</b>	Proportion des différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations	44	<b>Fig. 42</b>	Relation entre la distance géographique (geographic distance) et la distance génétique ( $F_{ST}$ ) dans les cours d'eau du bassin de la Singine sans obstacles artificiels (en noir) et dans les cours d'eau fragmentés (en gris) [35]	62
<b>Fig. 29</b>	Localisation des sites de prélèvements des nases [28]	47	<b>Fig. 43</b>	Sites de prélèvements de chabots dans la Singine et ses affluents	63
<b>Fig. 30</b>	Analyse STRUCTURE réalisée à partir d'une analyse des microsatellites	47	<b>Fig. 44</b>	Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance entre les populations	65
<b>Fig. 31</b>	Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant selon la distance	49	<b>Fig. 45</b>	Proportion de valeurs $F_{ST}$ significatives observées entre les populations d'un même bassin versant	65
<b>Fig. 32</b>	Proportion de valeurs $F_{ST}$ significatives observées entre les populations d'un même bassin versant	50	<b>Fig. 46</b>	Proportion de différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau	65
<b>Fig. 33</b>	Proportion de différences génétiques significatives observées selon la distance entre les populations	50	<b>Fig. 47</b>	Sites de prélèvements en Europe et en Suisse [37] et fréquences respectives des différents haplotypes (H1-H11)	69
<b>Fig. 34</b>	Haplotypes du chevaine ( <i>S. cephalus</i> ) et du cavedano ( <i>S. squalus</i> ) identifiés dans les bassins du Rhône, du Rhin, du Danube et du Pô	53	<b>Fig. 48</b>	Localisation des sites de prélèvements	73
<b>Fig. 35</b>	Analyse STRUCTURE des grands groupes génétiques chez <i>Squalius</i>	54	<b>Fig. 49</b>	Localisation des sites de prélèvements des perches dans le lac de Constance, le lac de Zurich et le lac de Walenstadt [43]	76
<b>Fig. 36</b>	Identification des groupes génétiques de <i>S. cephalus</i> sur les différents sites de prélèvements par analyse STRUCTURE [29]	55			
<b>Fig. 37</b>	Moyenne des différences génétiques observées dans un même bassin versant en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau	56			
<b>Fig. 38</b>	Proportion de valeurs $F_{ST}$ significatives observées entre les populations d'un même bassin versant	57			
<b>Fig. 39</b>	Proportion de différences génétiques significatives observées en fonction de la distance entre les populations le long des cours d'eau	57			
<b>Fig. 40</b>	Localisation des sites de prélèvements de chabots [32]	60			
<b>Fig. 41</b>	Localisation des sites de prélèvements de chabots	61			

---

**Tableaux**

---

**Tab. 1**

Recommandations générales pour la définition des unités de gestion 9

**Tab. 2**

Valeurs  $F_{ST}$  observées entre les populations du bassin versant du lac des Quatre-Cantons (indiquées en dessous de la diagonale) 24

**Tab. 3**

Comparaison par paire (basée sur neuf loci microsatellites) entre truites lacustres de plusieurs affluents et du stock de géniteurs de Romanshorn 30

**Tab. 4**

Différenciation génétique ( $F_{ST}$ ) entre les populations d'ombre du canton de Saint-Gall (populations 1–5), ainsi que deux populations de référence du bassin danubien (6 et 7) 39

**Tab. 5**

Valeurs  $F_{ST}$  mesurées entre les différentes populations de nases [28] 48

**Tab. 6**

Valeurs  $F_{ST}$  mesurées entre les différentes populations de chabot 61

**Tab. 7**

Degré de différenciation génétique ( $F_{ST}$ ) entre populations de gardon (*R. rutilus*) (en dessous de la diagonale) et valeurs de p correspondantes (au-dessus de la diagonale) 72

# > Glossaire

## Acide désoxyribonucléique (ADN)

L'acide désoxyribonucléique (ADN) est une macromolécule porteuse de l'information génétique présente dans le noyau, les mitochondries et les chloroplastes (chez les plantes). L'ADN est un polymère de nucléotides composés d'un sucre, d'une base azotée et d'un acide phosphorique. Il est formé de deux chaînes antiparallèles reliées par des liaisons d'hydrogène entre les bases. La succession de ces paires de bases azotées est le support de l'information génétique.

## Allèle

Les allèles correspondent à différentes versions d'un même gène. Dans le cas des microsatellites, les fragments de différentes longueurs sont considérés comme des allèles.

## Analyse STRUCTURE

Dans ce type d'analyse, on tente d'assigner chaque individu étudié à une population génétiquement indépendante sur la base de ses caractéristiques génétiques. Cette assignation est d'autant plus facile que la distance génétique entre les populations est élevée. La probabilité qu'un individu appartienne à une population est calculée et les résultats sont généralement présentés sous la forme d'un diagramme en barres. Une analyse STRUCTURE permet également dans certains cas d'identifier les hybrides.

## Chromosome

Structure en forme de brindille présente dans chaque noyau cellulaire qui porte l'information génétique de chaque être vivant.

## Concept biologique d'espèce

Une espèce est un groupe de populations capables de se reproduire et isolées d'autres groupes par des barrières reproductives.

## Consanguinité

Reproduction entre individus présentant un fort degré de parenté.

## Dérive génétique

Fluctuation aléatoire (donc non définie par la sélection naturelle) des fréquences alléliques d'une population.

## Fitness

La fitness décrit la probabilité de survie et de reproduction d'un individu ainsi que le nombre de descendants produits. Plus l'individu est adapté à son environnement, plus sa fitness est élevée.

## Flux génétique

En biologie de l'évolution, ce terme décrit les échanges de gènes entre populations d'une même espèce ou au sein d'une même population (par l'effet de migrations par exemple).

## Fréquence allélique

Fréquence à laquelle se trouve l'allèle d'un gène à l'intérieur d'une population.

## $F_{ST}$

Le  $F_{ST}$  correspond à la proportion de la variance des fréquences alléliques qui s'explique par la répartition des individus en plusieurs populations différentes [56]. Les valeurs calculées vont ainsi de 0 (les populations sont génétiquement identiques) à 1 (les populations sont génétiquement totalement différentes). Voir également les explications en annexe.

## Gène

Unité héréditaire portée par le chromosome qui code pour une protéine ou sa régulation. Influence les caractéristiques morphologiques et physiologiques d'un individu.

## Génétique des populations

Partie de la génétique qui a pour objet l'étude de la distribution et des changements de la fréquence des allèles à l'échelle des populations, sous l'influence des mutations, de la sélection naturelle, de la dérive génétique, de la migration et des recombinaisons.

## Génome

Le génome ou patrimoine héréditaire est l'ensemble du matériel génétique d'une cellule ou d'un être vivant.

## Génotype

Somme de toutes les variantes alléliques d'un individu pour un ou plusieurs loci.

## Goulot d'étranglement démographique

En génétique des populations, une perte de la diversité génétique d'une population suite à une réduction considérable (temporaire) du nombre d'individus de la population ou de l'espèce.

## Haplotype

Un haplotype est un groupe d'allèles de différents loci situés sur un même chromosome et habituellement transmis ensemble.

## Hétérozygote

Individu qui présente deux allèles différents sur le même locus des chromosomes homologues.

## Homozygote

Individu qui présente deux allèles identiques sur le même locus des chromosomes homologues.

## Hybridation

En biologie, un hybride est un individu résultant du croisement entre genres, espèces, sous-espèces ou lignées différentes. Le terme d'hybridation désigne ce processus.

## Introgression

Transfert d'un gène, d'un chromosome, d'un segment chromosomique ou d'un génome d'une espèce ou d'une population à une autre suite à une hybridation.

## Locus (pluriel loci)

Emplacement sur un chromosome (gène ou microsatellite par exemple).

**Microsatellite**

Locus caractérisé par la répétition fréquente de courtes séquences d'ADN (3'-5' par exemple).

**Mutation**

On appelle mutation toute modification du matériel génétique qui se transmet ou peut être transmise à la génération suivante.

**Phénotype**

Ensemble des caractères visibles d'un individu. Le phénotype est le résultat des interactions entre le génotype et l'environnement.

**Phylogénie**

Reconstitution de l'histoire évolutive de différentes lignées depuis leur divergence à partir d'un ancêtre commun.

**Plasticité phénotypique**

La plasticité phénotypique est la capacité d'un génotype à exprimer différents phénotypes en fonction des conditions environnementales. Les individus vivant dans un même milieu peuvent également présenter des apparences différentes sous l'effet de cette plasticité.

**Population**

Ensemble d'individus se reproduisant entre eux de manière sexuée et vivant dans le même espace géographique (continu) à la même époque.

**Réaction de polymérisation en chaîne (PCR)**

La PCR (abréviation de l'anglais Polymerase Chain Reaction) est une technique qui permet, à partir d'une portion de molécule d'ADN, d'obtenir des millions de copies identiques qui pourront être facilement séquencées. Elle fait appel à l'enzyme ADN polymérase. Le terme de «réaction en chaîne» se réfère ici au fait que les produits des cycles précédents servent de substrat aux cycles suivants, ce qui induit une amplification exponentielle.

**Recombinaison**

La recombinaison génétique est le phénomène conduisant à l'apparition, dans une cellule ou dans un individu, de gènes ou de caractères héréditaires dans une association différente de celle observée chez les cellules ou individus parentaux.

**Sélection naturelle**

Processus tendant à favoriser la transmission aux générations suivantes des caractères héréditaires assurant la meilleure survie et le meilleur succès de la reproduction au détriment des autres.

**Sympatrie**

En biologie, la sympatrie désigne une forme de distribution géographique dans laquelle les aires de distribution des représentants de deux espèces, sous-espèces ou populations se chevauchent, de sorte qu'ils sont présents sur un même territoire où ils peuvent se rencontrer et éventuellement s'accoupler.