



# Paysage marin, schémas migratoires et structure génétique de la truite de mer

Sophie Launey

*INRA - UMR Ecologie et Santé des Ecosystèmes*



## ○ PREMIERE PARTIE : RESULTATS

### Influence du paysage marin et des tactiques migratoires sur la structure génétique de la truite sur les côtes françaises de la Manche

Erwan Quéméré (post doc)



Quéméré et (2016) Journal of Biogeography, 43: 498–509. doi:10.1111/jbi.12632

## ○ DEUXIEME PARTIE : PERSPECTIVES

Dans le cadre du projet SAMARCH



# Connectivité du paysage

Interaction entre  
Hétérogénéité du paysage  
et  
Comportement de  
dispersion individuel

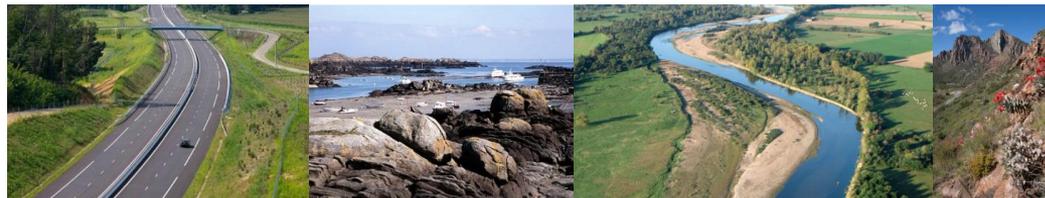


Identification de barrières / résistance / corridors... important pour la conservation

# Connectivité du paysage

Interaction entre  
Hétérogénéité du paysage  
et

Comportement de  
dispersion individuel



Identification de barrières / résistance / corridors... important pour la  
conservation

Mais suivi direct parfois  
difficile et/ou coûteux



# Génétique du paysage

Hétérogénéité des habitats et ressources

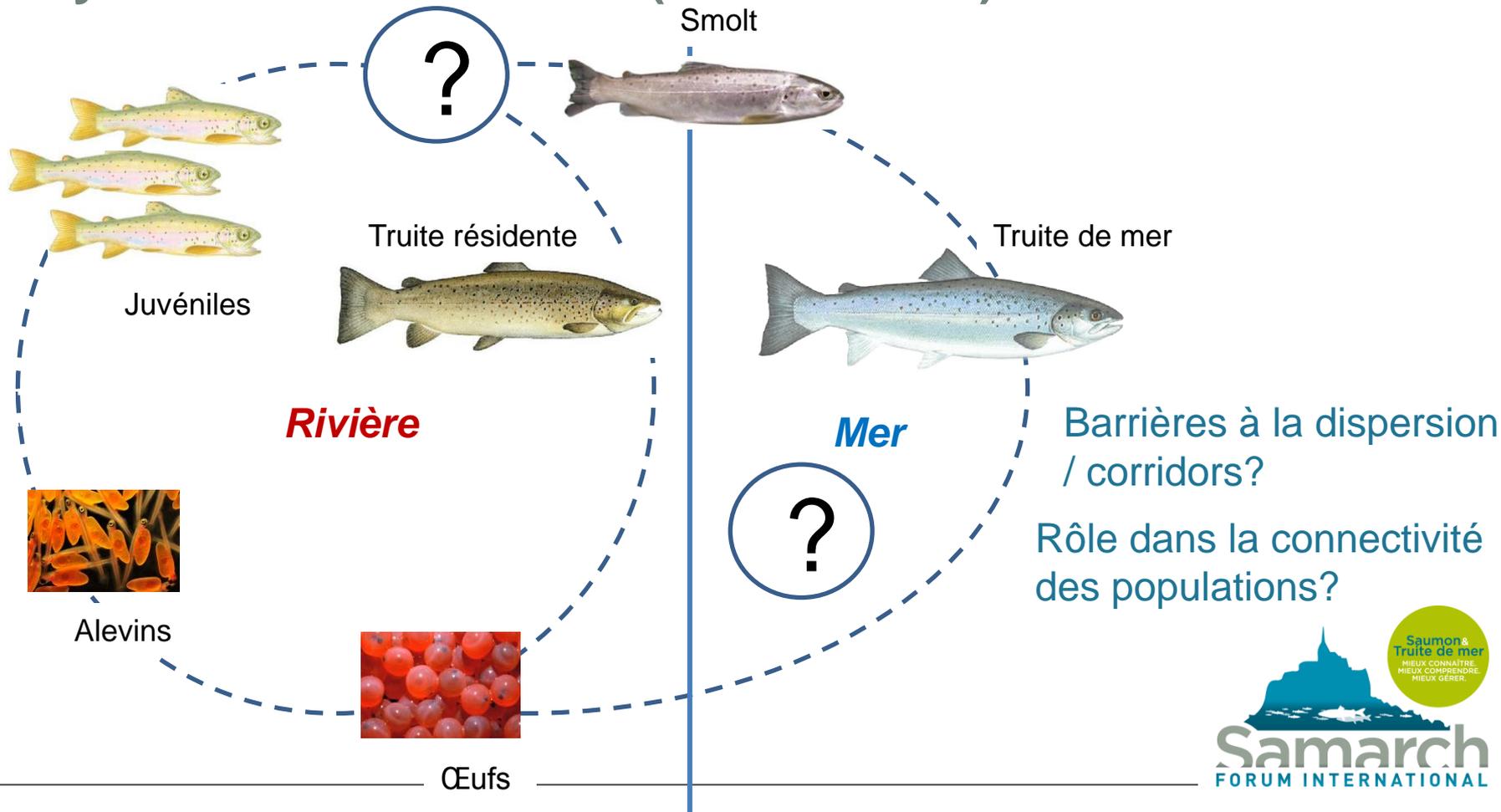
- ✓ coûts variables de l'utilisation de ces habitats
- ✓ Compromis croissance/risques, avec des conséquences sur la reproduction (où, avec qui...) et la transmission des gènes



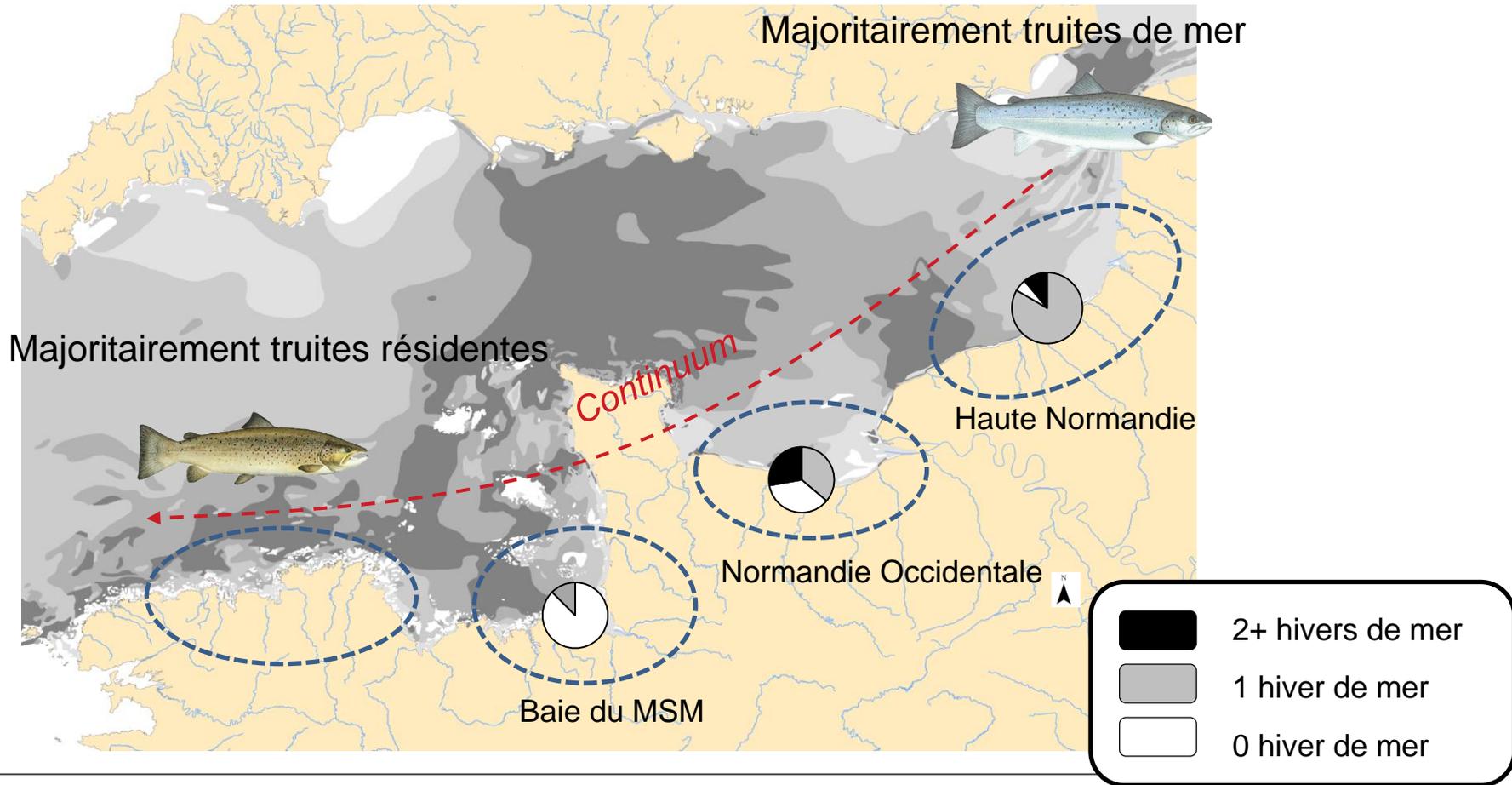
Génétique des populations (utilisant des marqueurs génétiques pour identifier et suivre les populations) + analyse statistique des données du paysage

→ Identification de paramètres du paysage qui contraignent ou favorisent le flux de gène entre populations

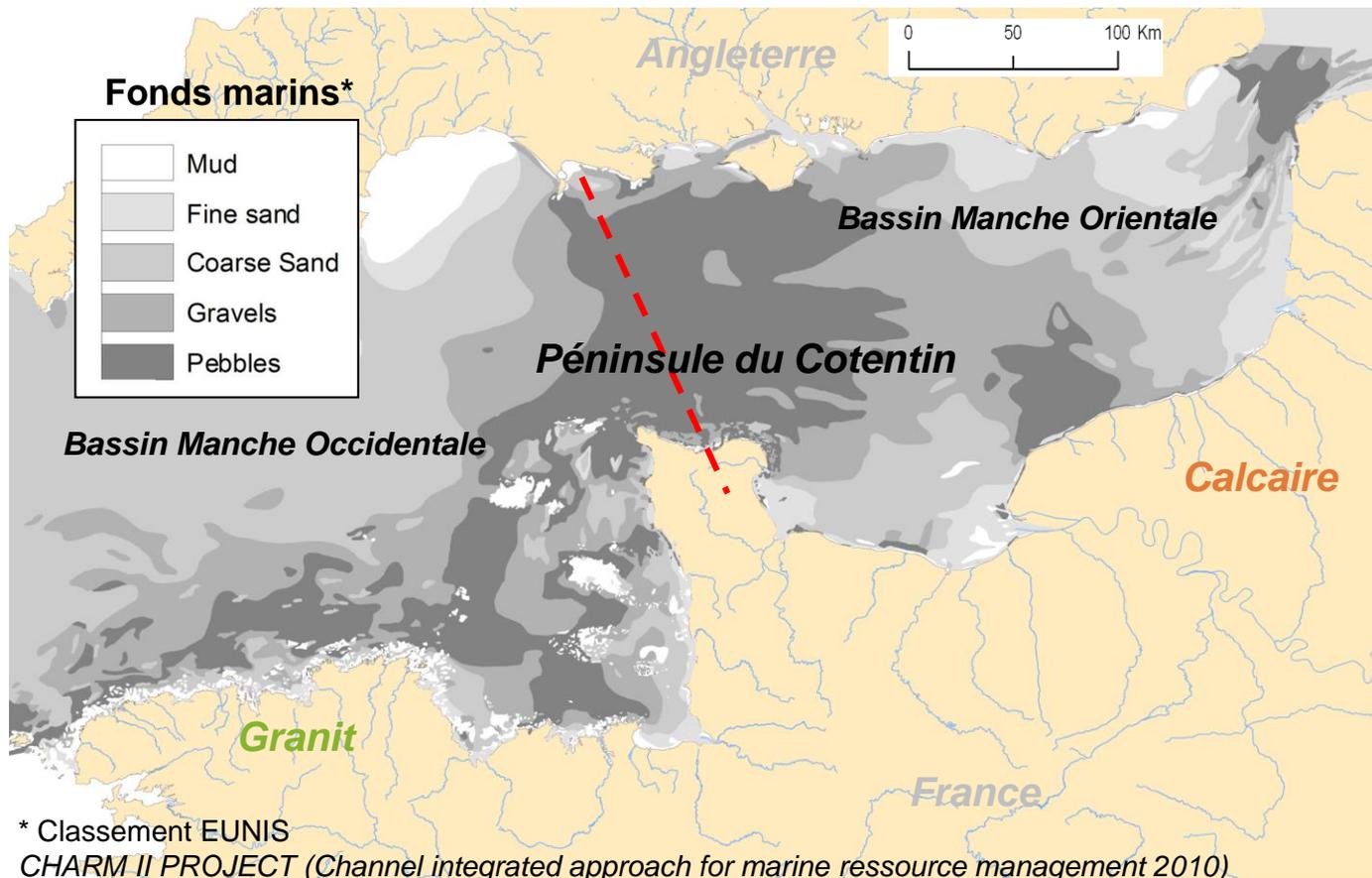
# Cycle de vie de la truite (*Salmo trutta*)



# Variabilité des stratégies migratoires de la truite



# Hétérogénéité des paysages marins dans la Manche

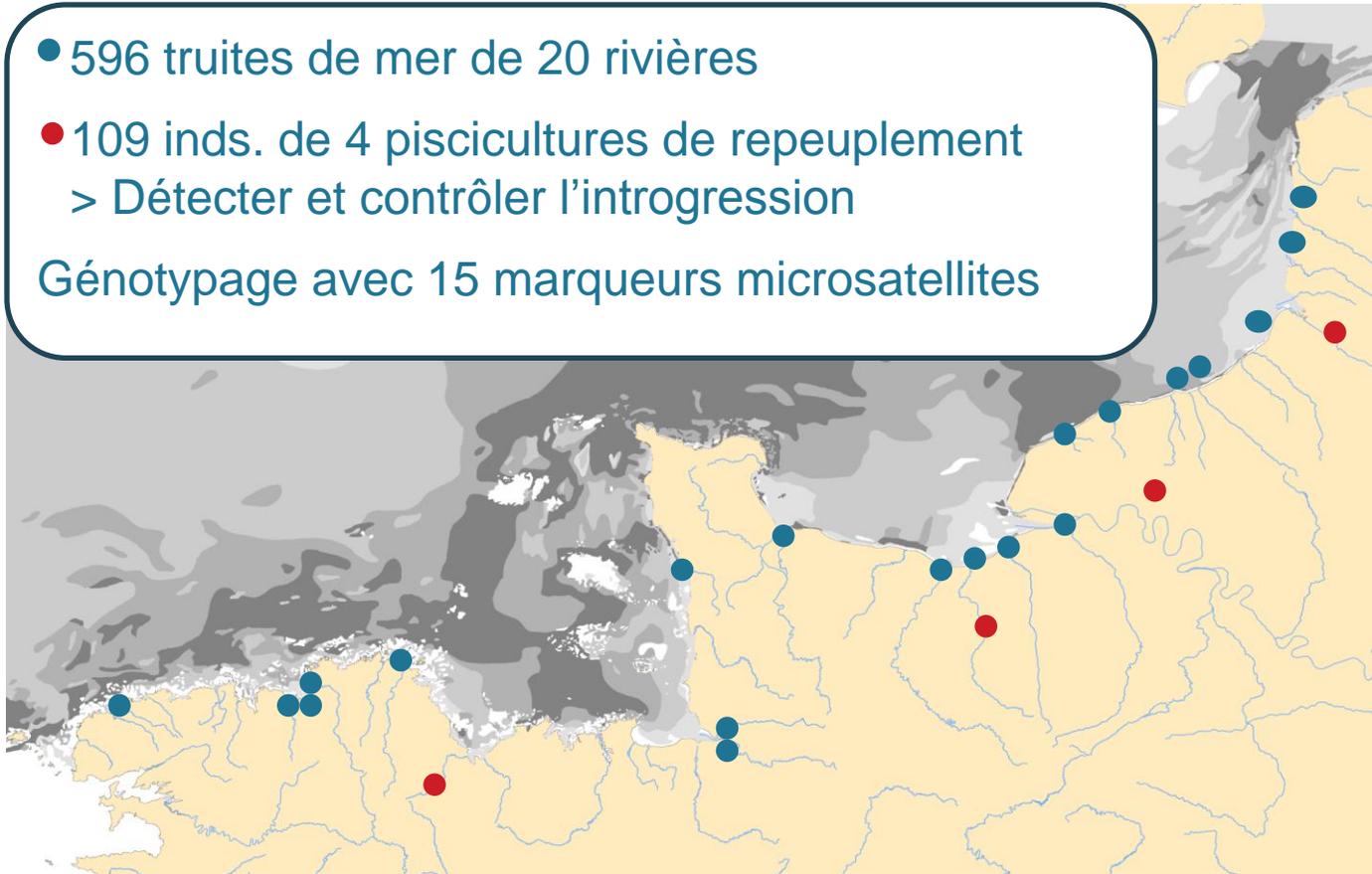


# But de l'étude et hypothèses

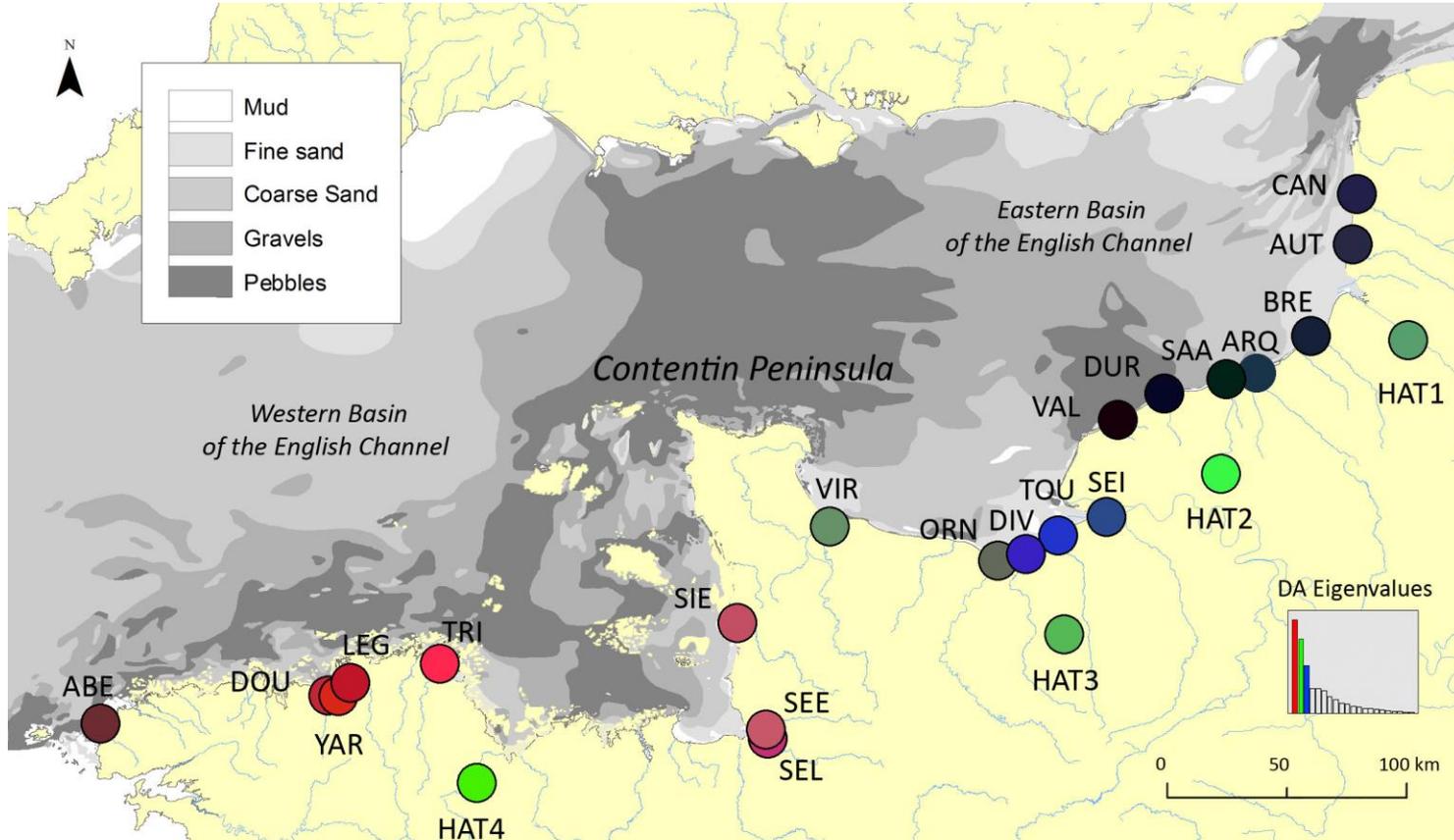
- **But** : combiner information génétique et spatiale pour étudier le **rôle de l'hétérogénéité du paysage marin dans les patrons de dispersion** des populations côtières de *Salmo trutta*
- **Hypothèse** : les patrons de différenciation génétique entre populations, observés au niveau régional, seront déterminés par la nature des habitats marins et la propension pour l'anadromie. Plus largement, une **corrélacion est attendue entre la prévalence et la dispersion des truites de mer et la disponibilité des habitats marins favorables.**

# Stratégie d'échantillonnage

- 596 truites de mer de 20 rivières
  - 109 inds. de 4 piscicultures de repeuplement  
> Détecter et contrôler l'introggression
- Génotypage avec 15 marqueurs microsatellites



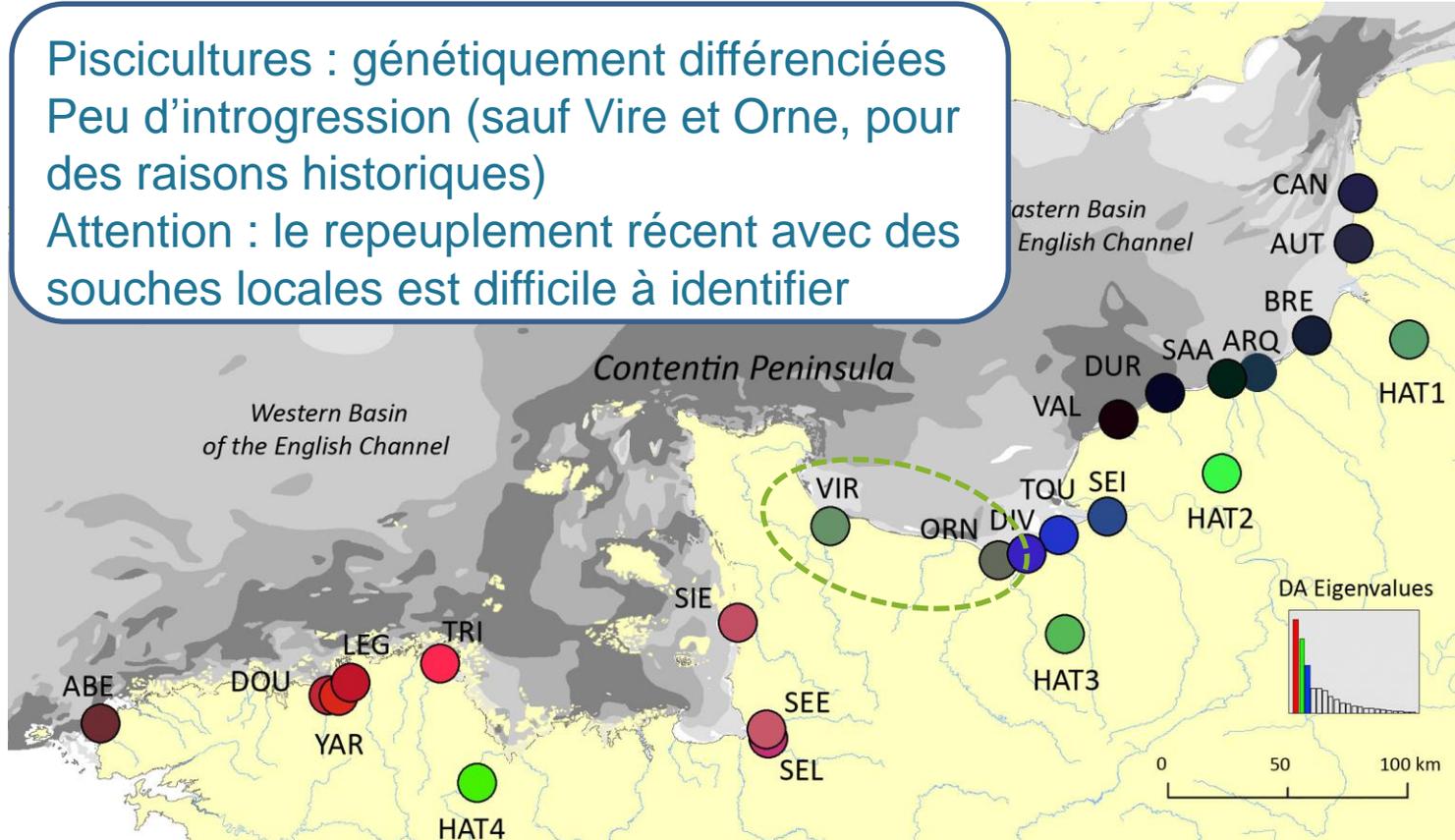
# Structure génétique



Discriminant Analysis of Principal Components (Jombart et al. 2008)

# Structure génétique

Piscicultures : génétiquement différenciées  
Peu d'introggression (sauf Vire et Orne, pour des raisons historiques)  
Attention : le repeuplement récent avec des souches locales est difficile à identifier



Discriminant Analysis of Principal Components (Jombart et al. 2008)

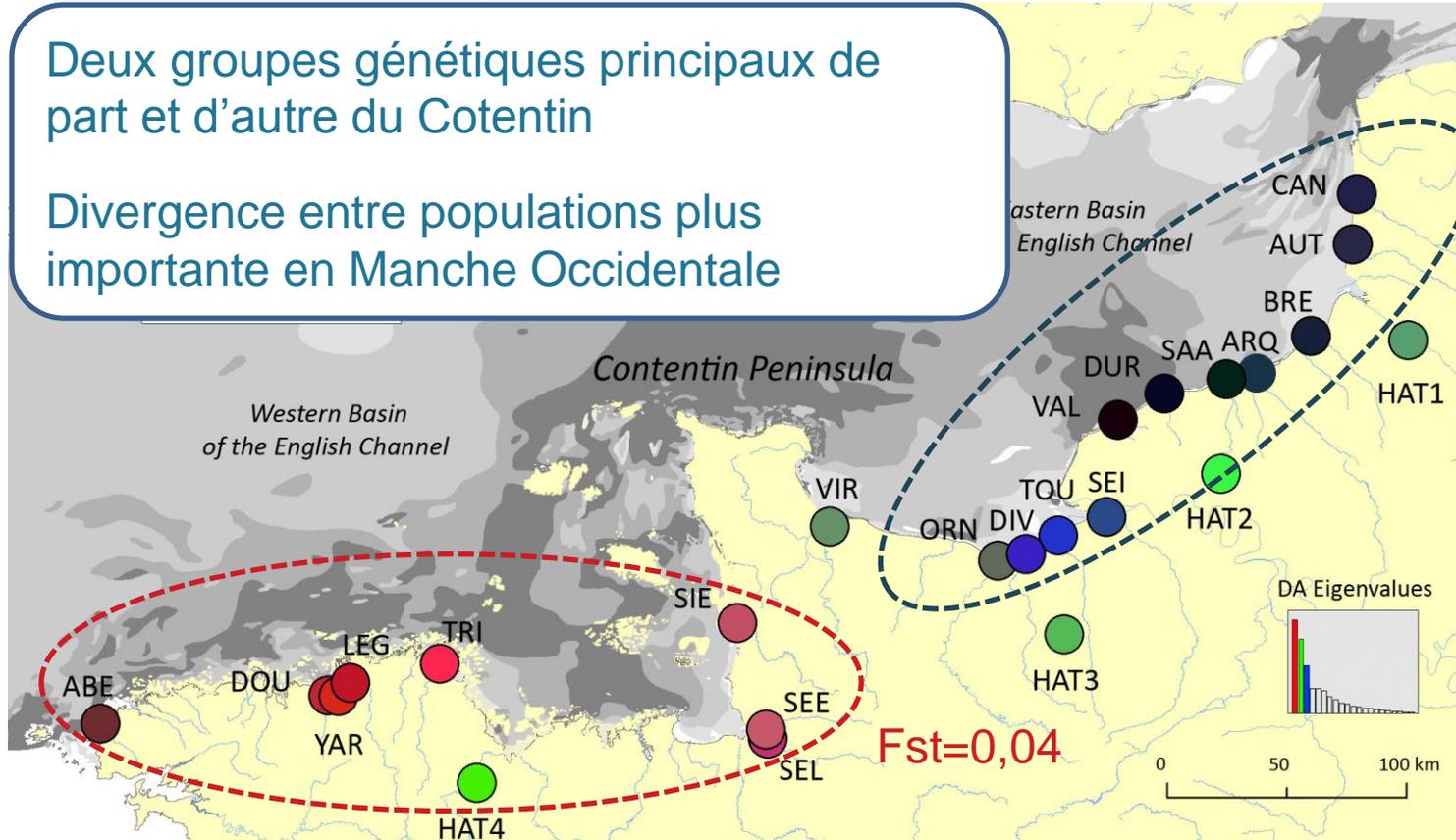


amarch  
FORUM INTERNATIONAL

# Structure génétique

Deux groupes génétiques principaux de part et d'autre du Cotentin

Divergence entre populations plus importante en Manche Occidentale



$F_{st}=0,013$

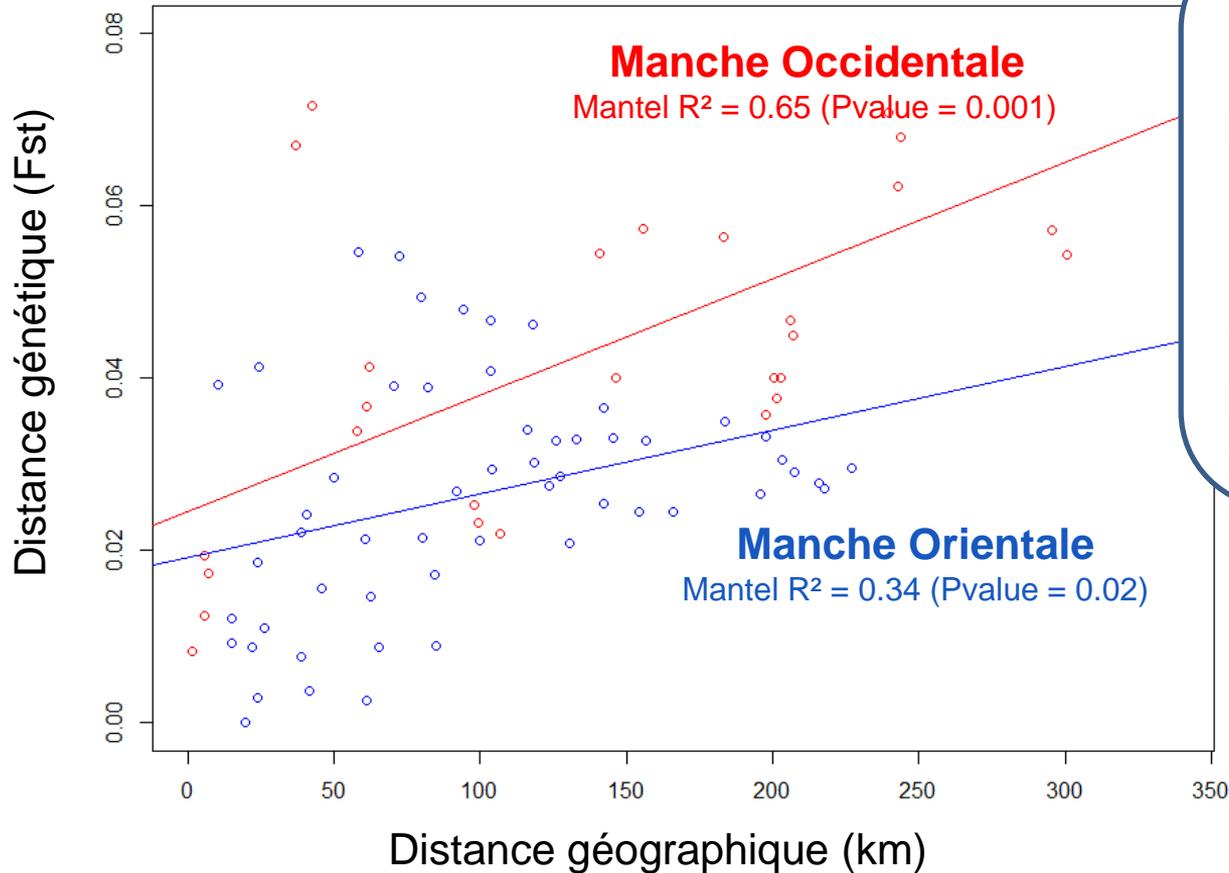
$F_{st}=0,04$

Discriminant Analysis of Principal Components (Jombart et al. 2008)



amarch  
FORUM INTERNATIONAL

# Structure génétique



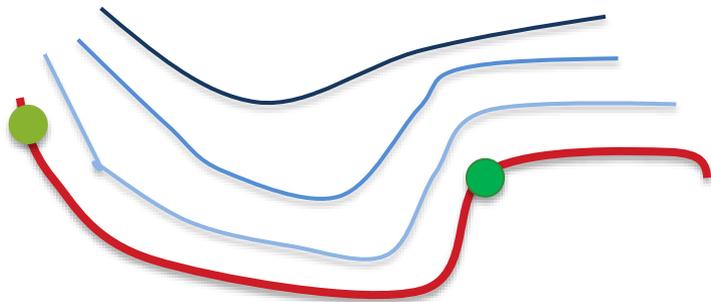
Isolement par la distance significatif, et pente plus importante en Manche Occidentale

→ il faut plus d'efforts aux truites pour parcourir la même distance

# Analyse dispersion / habitat



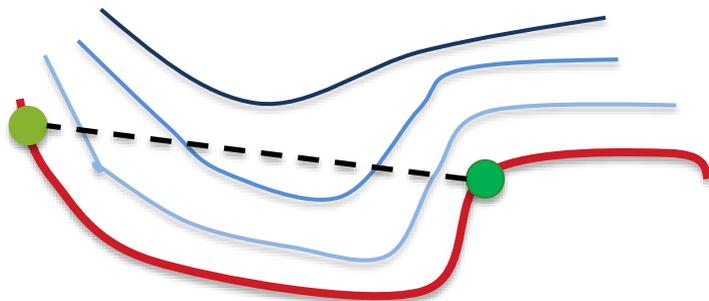
- test d'hypothèses alternatives sur la perméabilité du paysage, en utilisant une procédure de sélection de modèle
- Analyse de régression multiple sur matrice de distance
  - ✧ Variable expliquée : différenciation génétique ( $F_{st}$ )
  - ✧ Variables explicatives : barrière du Cotentin, % de chaque habitat marin le long du chemin de dispersion potentiel



# Analyse dispersion / habitat



- test d'hypothèses alternatives sur la perméabilité du paysage, en utilisant une procédure de sélection de modèle
- Analyse de régression multiple sur matrice de distance
  - ✧ Variable expliquée : différenciation génétique ( $F_{st}$ )
  - ✧ Variables explicatives : barrière du Cotentin, % de chaque habitat marin le long du chemin de dispersion potentiel

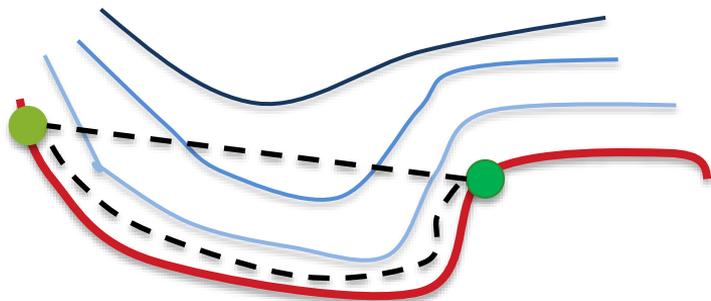


Chemin de moindre distance

# Analyse dispersion / habitat



- test d'hypothèses alternatives sur la perméabilité du paysage, en utilisant une procédure de sélection de modèle
- Analyse de régression multiple sur matrice de distance
  - ✧ Variable expliquée : différenciation génétique ( $F_{st}$ )
  - ✧ Variables explicatives : barrière du Cotentin, % de chaque habitat marin le long du chemin de dispersion potentiel

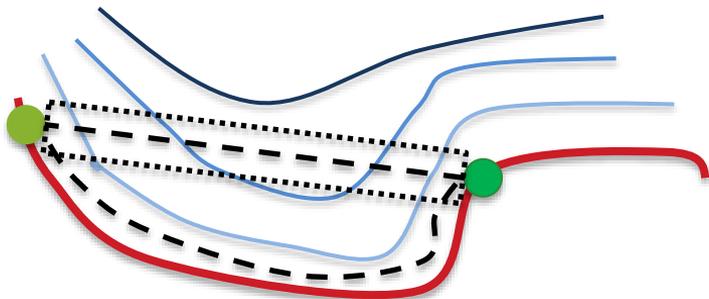


Chemin de moindre distance  
Ou  
Chemin de moindre profondeur

# Analyse dispersion / habitat



- test d'hypothèses alternatives sur la perméabilité du paysage, en utilisant une procédure de sélection de modèle
- Analyse de régression multiple sur matrice de distance
  - ✧ Variable expliquée : différenciation génétique ( $F_{st}$ )
  - ✧ Variables explicatives : barrière du Cotentin, % de chaque habitat marin le long du chemin de dispersion potentiel



Chemin de moindre distance  
Ou  
Chemin de moindre profondeur  
  
Transect de largeur variable

# Analyse dispersion / habitat



- test d'hypothèses alternatives sur la perméabilité du paysage, en utilisant une procédure de sélection de modèle
- Analyse de régression multiple sur matrice de distance
  - ✧ Variable expliquée : différenciation génétique ( $F_{st}$ )
  - ✧ Variables explicatives : barrière du Cotentin, % de chaque habitat marin le long du chemin de dispersion potentiel

→ Test de 42 modèles de connectivité

Pour trouver le modèle le mieux soutenu statistiquement et qui explique le mieux la variabilité génétique observée

# Analyse dispersion / habitat

- Les modèles basés sur le chemin de plus faible profondeur sont mieux supportés que ceux basés sur le chemin de plus courte distance : les truites se déplacent préférentiellement dans des zones de faible profondeurs
- Peu d'impact de la largeur du transect

# Analyse dispersion / habitat

- Les modèles basés sur le chemin de plus faible profondeur sont mieux supportés que ceux basés sur le chemin de plus courte distance : les truites se déplacent préférentiellement dans des zones de faible profondeurs
- Peu d'impact de la largeur du transect
- La distance géographique seule explique 35% de la variabilité génétique, cela passe à 58% avec l'incorporation des variables d'habitats marins.
- Meilleurs modèles : Cotentin + habitats marins
- Corrélation positive entre la proportion de rochers/gros blocs avec la différenciation génétique → les flux de gènes diminuent quand ces habitats augmentent le long des chemins de dispersion potentiels

# Discussion

- L'hétérogénéité des paysages marins influence l'intensité et les patrons des flux de gènes

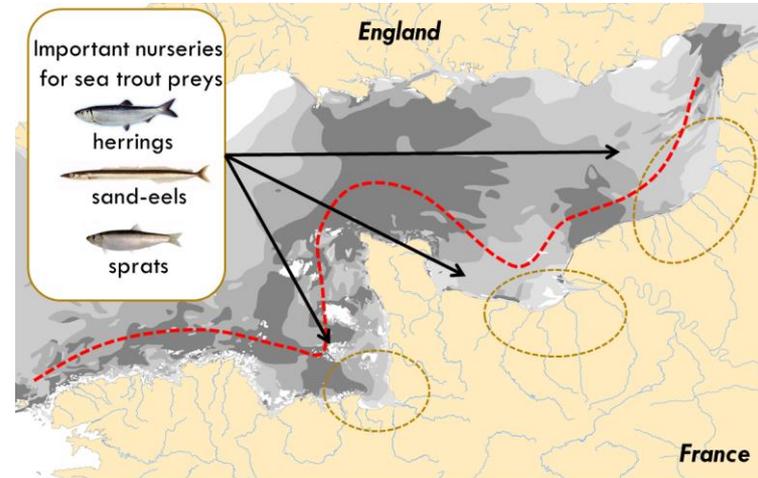
Effet direct : la barrière du Cotentin

Effet indirect : processus en deux étapes

1. La distribution et qualité des habitats marins (gradient d'opportunités trophiques) joue un rôle dans l'évolution des stratégies migratoires

2. Les patrons de migration (eux-mêmes liés aux habitats marins) influencent le flux de gène et la structure génétique des populations

- Gestion > échelle d'un bassin versant, et importance de l'environnement côtier/marin



# Perspectives : projet SAMARCH





# Projet SAMARCH



→ WPT2 : « Développement de nouveaux outils génétiques pour la gestion des poissons migrateurs dans les zones de transitions et côtières »  
Collaboration INRA / University of Exeter

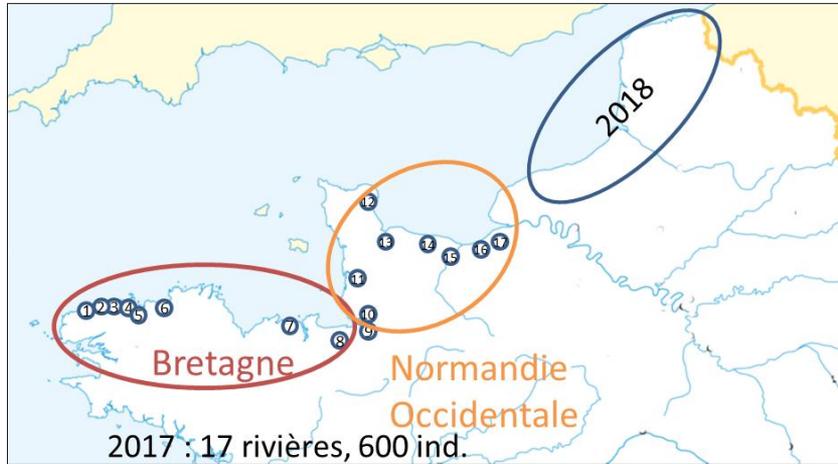


→ But principal : à partir de données génétiques, identifier les zones principalement utilisées par les truites de mer lors de leur séjour en mer (alimentation, dispersion...)



# Projet SAMARCH - Génétique

1. Constitution d'une base de données génétiques pour 20 à 30 rivières de chaque côté de la Manche (France et Angleterre)

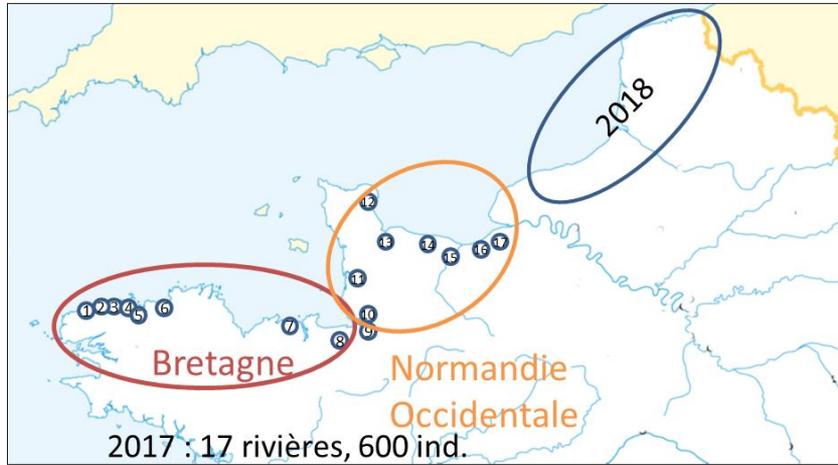


Echantillonnage



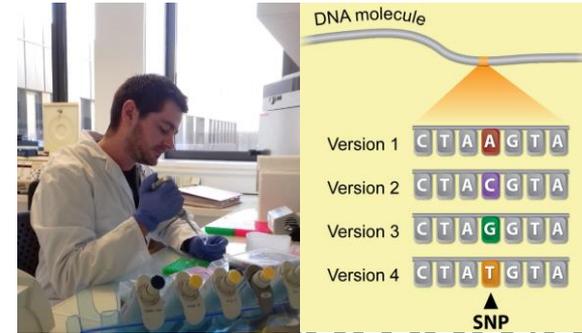
# Projet SAMARCH - Génétique

1. Constitution d'une base de données génétiques pour 20 à 30 rivières de chaque côté de la Manche (France et Angleterre)



Echantillonnage

Développement d'un panel de marqueurs génétiques

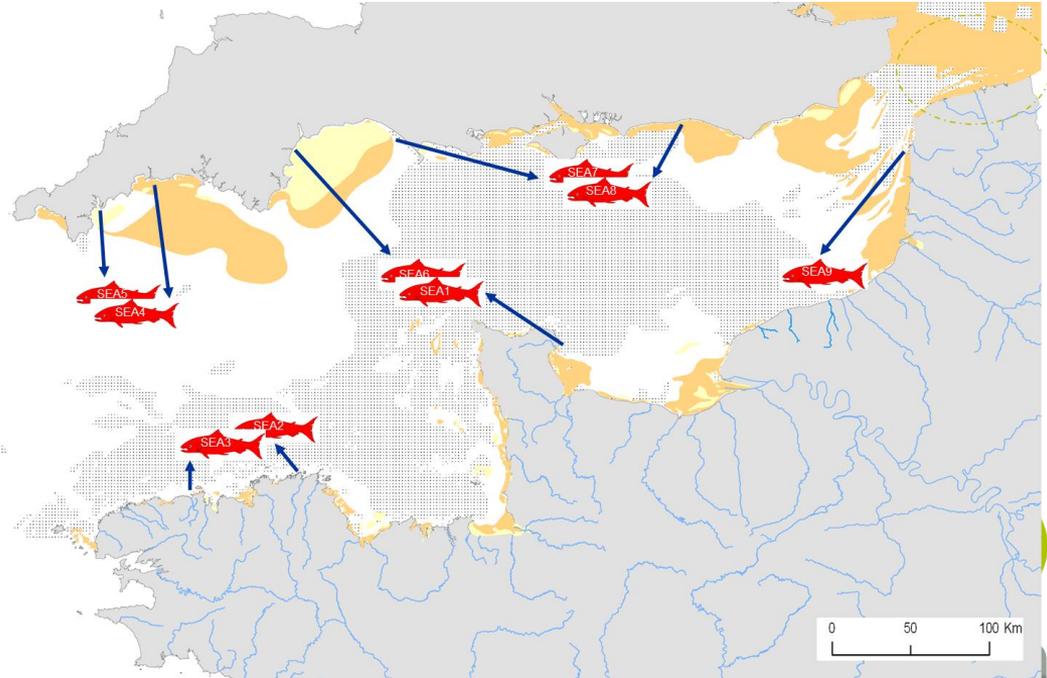


# Projet SAMARCH - Génétique

2. Utilisation de cette base de données pour identifier la rivière d'origine de truites de mer échantillonnées dans les zones côtières, estuariennes ou à l'aval des rivières

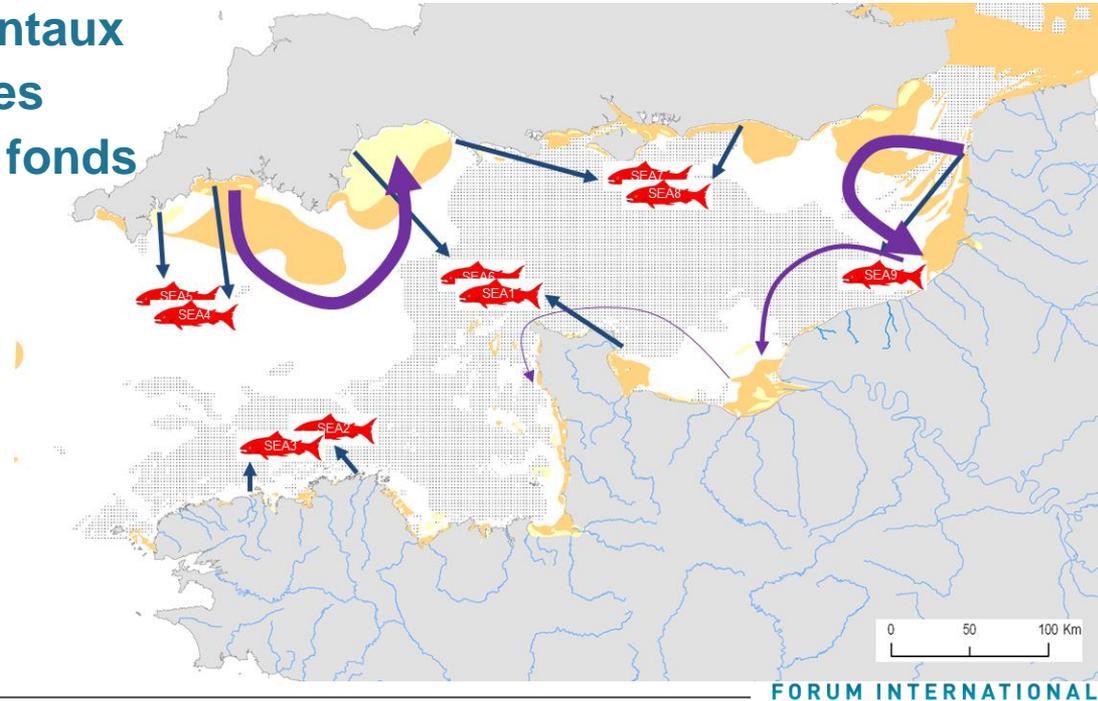


© INRA U3E



# Projet SAMARCH - Génétique

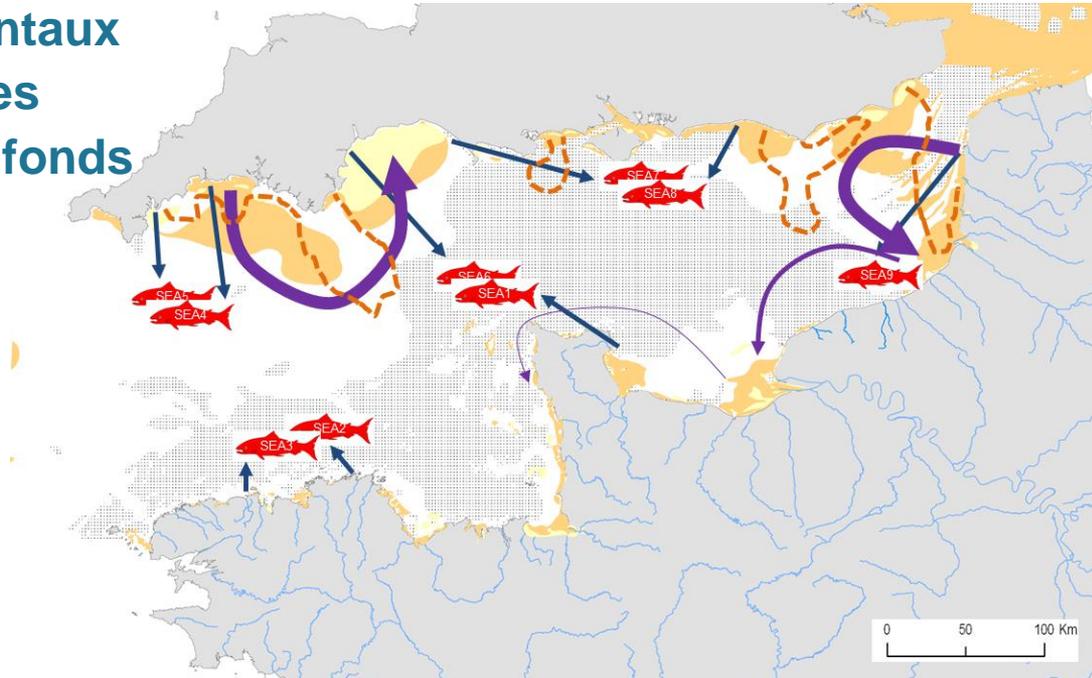
3. Utilisation des informations génétiques pour identifier les chemins probables pour la dispersion de la truite entre les rivières, et les paramètres environnementaux qui facilitent ou limitent les mouvements (nature des fonds marins, courants...).



# Projet SAMARCH - Génétique

- Utilisation des informations génétiques pour identifier les chemins probables pour la dispersion de la truite entre les rivières, et les paramètres environnementaux qui facilitent ou limitent les mouvements (nature des fonds marins, courants...).

+ marques enregistreuses de données



# Projet SAMARCH - Génétique

## L'ensemble de ces informations :

- Permettra aux gestionnaires des pêcheries d'assigner les adultes à leur rivière natale avec une grande précision. Cet élément est essentiel pour évaluer précisément les points de références biologiques utilisés dans la gestion des milieux et populations.
- Aidera à identifier des zones de la Manche qui seraient les plus utilisées par les truites de mer. Ceci contribuera aux éléments d'aide à la décision pour les projets d'aménagements maritimes et côtiers.

# Remerciements



T. Jousseaume



G. Lassalle



A.L. Besnard



E. Quéméré



J.L. Baglinière



P. McGinnity



J. Stevens



R.A. King

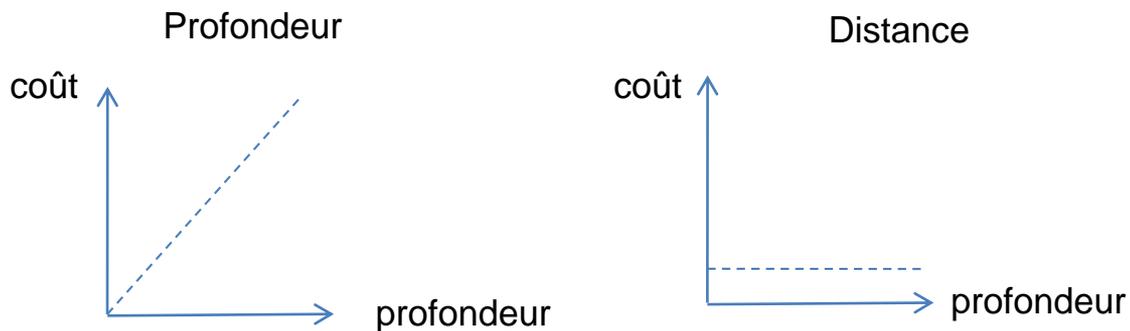


# Analyse dispersion / habitat

1

## Influence de la profondeur sur la dispersion

Deux grilles de résistance (pixel = 100mx100m)



Détermination du chemin de moindre coût  
pour chaque paire de populations

# Analyse dispersion / habitat

2

## Influence de l'habitat marin sur la dispersion

Analyse de transect

$d = 100, 1000, 2000, 4000 \text{ m}$

POP1

Longueur = L

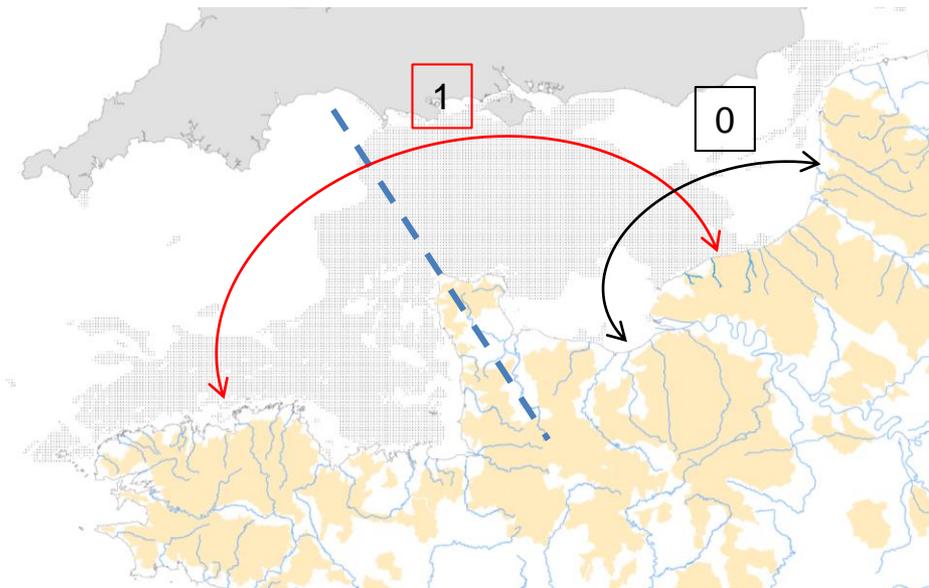
POP2

Proportions de chaque habitat marin (classification EUNIS)  
dans chaque transect / pour chaque paire de population

# Analyse dispersion / habitat

3

Influence du Cotentin (barrière potentielle)



# Analyse dispersion / habitat

Model	Variables	$\beta$	P	R <sup>2</sup>	Model AICs	$\Delta$ AIC
<b>A</b>	Cotentin	2.24E-02	0.001	0.581	-820.22	0
	Pebble	4.117E-07	0.001			
	Gravels	-3.901E-07	0.004			
<b>B</b>	Cotentin	2.632E-02	0.001	0.586	-819.94	0.27
	Pebble	4.351E-07	0.001			
	Gravels	-3.31E-07	0.024			
	Coarse sand	-5.95E-08	0.341			
<b>C</b>	Cotentin	2.24E-02	0.001	0.581	-818.05	2.16
	Pebble	4.14E-07	0.004			
	Gravels	-3.87E-07	0.012			
	Fine sand	-2.95E-09	0.975			
<b>D</b>	Cotentin	2.66E-02	0.002	0.586	-817.89	2.32
	Pebble	4.18E-07	0.001			
	Gravels	-3.45E-07	0.025			
	Coarse sand	1.98E-08	0.789			
	Fine sand	-6.49E-08	0.344			
<b>Null</b>	Geographical distance	6.26e-08	0.01	0.356	-758.87	61.34

