

COLLOQUE INTERNATIONAL
SAMARCH 2022

ORGANISÉ
PAR



EN
COLLABORATION
AVEC



SAUMON & TRUITE DE MER :

DES OUTILS SCIENTIFIQUES
AU SERVICE DE LEUR PROTECTION

17 & 18 MAI 2022 - PLÉNEUF VAL ANDRÉ (FR - 22)

AMÉLIORONS LA GESTION
EN ESTUAIRE & EN MER



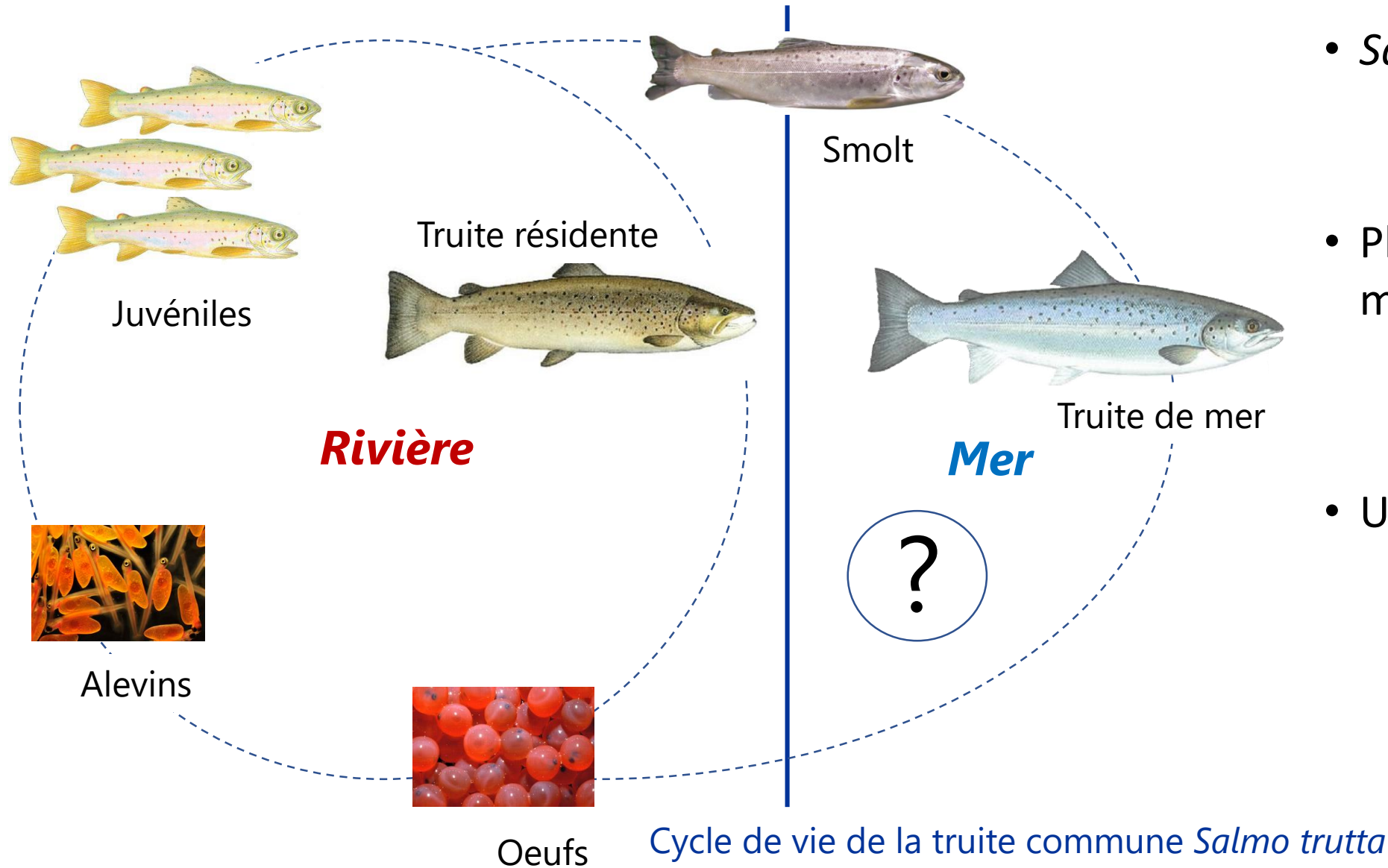
Saumon & Truite de mer : Des outils scientifiques au service de leur protection
17 & 18 MAI 2022 - Pléneuf Val André (FR – 22)

Truite de mer en Manche Que nous apprend la génétique?

Sophie LAUNEY & Jamie Stevens



Problématique



- *Salmo trutta*

- Intérêt patrimonial, écologique, économique

- Phase marine cruciale mais mal connue

- Croissance, survie
- Observation directe difficile

- Utilisation du milieu

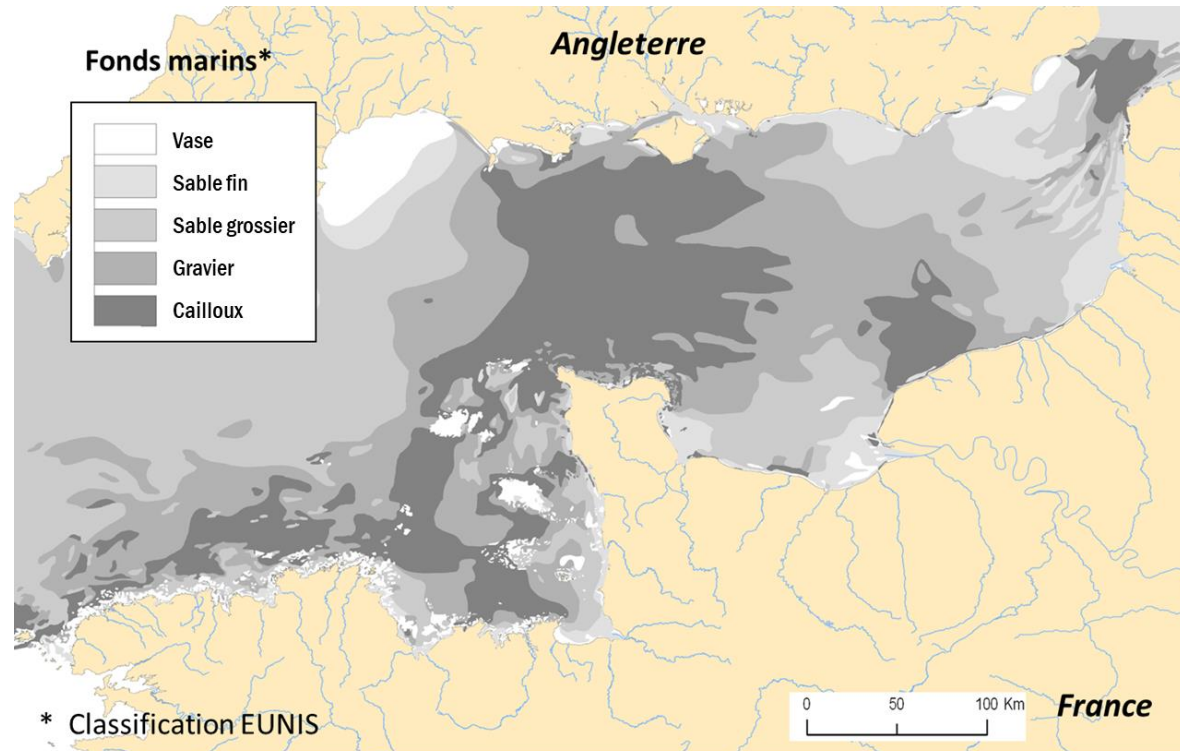
- Estuaire et zones côtières
- Parfois migration à plus longue distance

Problématique

- Milieu hétérogène

- Barrières ou corridors?

- Zones préférentielles pour le déplacement / l'alimentation ?



Problématique

- Milieu hétérogène

- Barrières ou corridors?
- Zones préférentielles pour le déplacement / l'alimentation ?



- Milieu changeant

- Changement climatique
- Anthropisation



Problématique

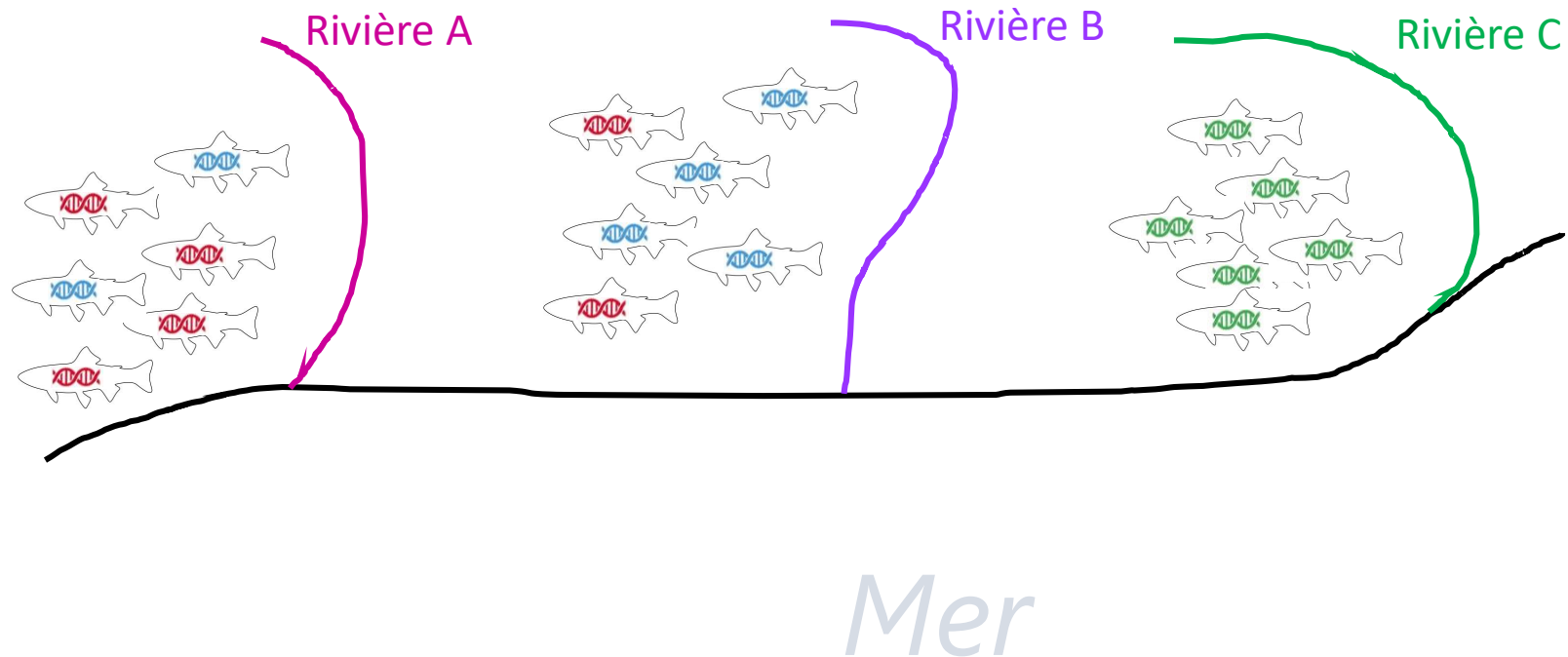
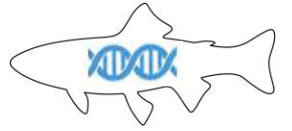
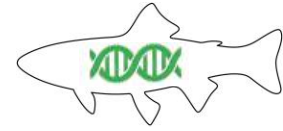
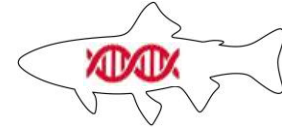
- Comment les truites utilisent-elles le milieu marin pour se déplacer/s'alimenter?
- Quels sont les paramètres environnementaux (naturels/anthropiques) qui facilitent ou empêchent les mouvements des truites dans le milieu marin?
- Peut-on identifier des zones de la Manche et des ZTC (*zones de transition et côtières*) qui sont importantes pour le cycle de vie de la truite?



→ Informations cruciales pour instruire les politiques de gestion environnementale et de développement économique des ZTC

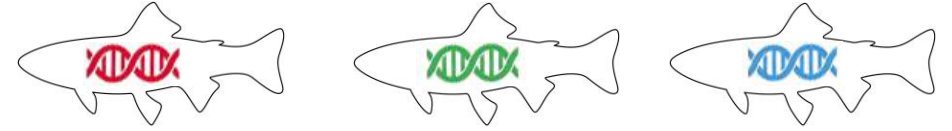
Démarche : génétique des populations

- Chaque poisson possède son propre profil génétique, hérité de son ascendance
- Population : ensemble d'individus qui partagent une unité de reproduction (spatiale/temporelle)

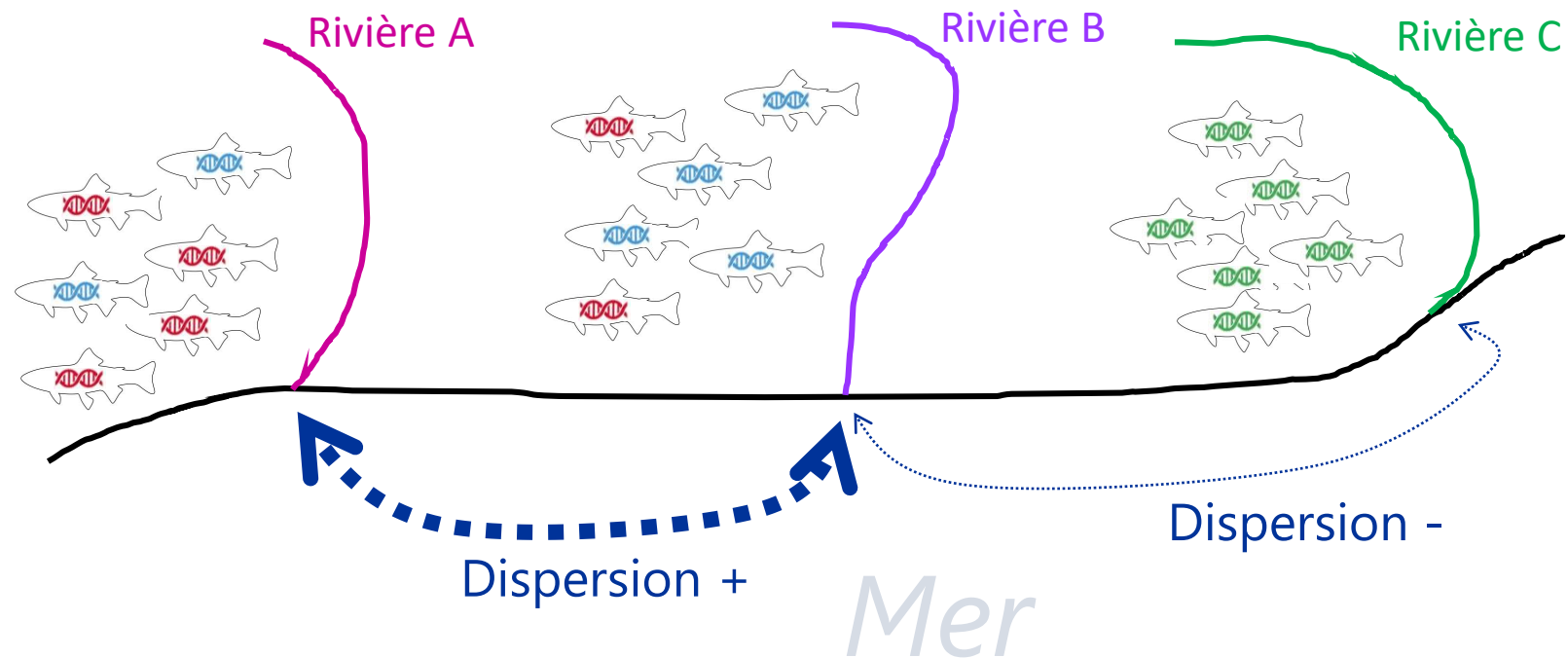


Démarche : génétique des populations

- Chaque poisson possède son propre profil génétique, hérité de son ascendance



- Populations génétiquement proches = flux de gènes important (dispersion des individus reproducteurs d'une rivière à l'autre)

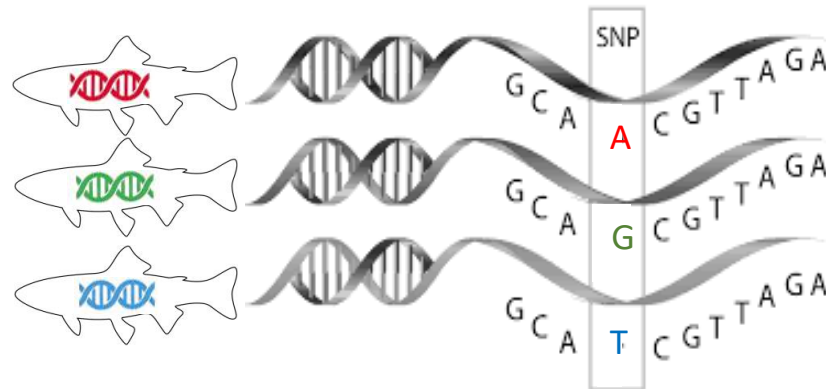


Démarche : génétique des populations

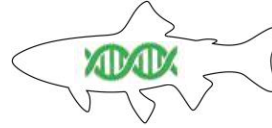


→ Construction d'une base de données génétiques des rivières de la Manche produisant des truites de mer

- Echantillonnage d'un fragment de nageoire (non létal) sur 20 à 30 poissons juveniles par rivière
- Génotypage pour 200 marqueurs génétiques (SNPs – Single Nucleotide Polymorphism)



Démarche : génétique des populations



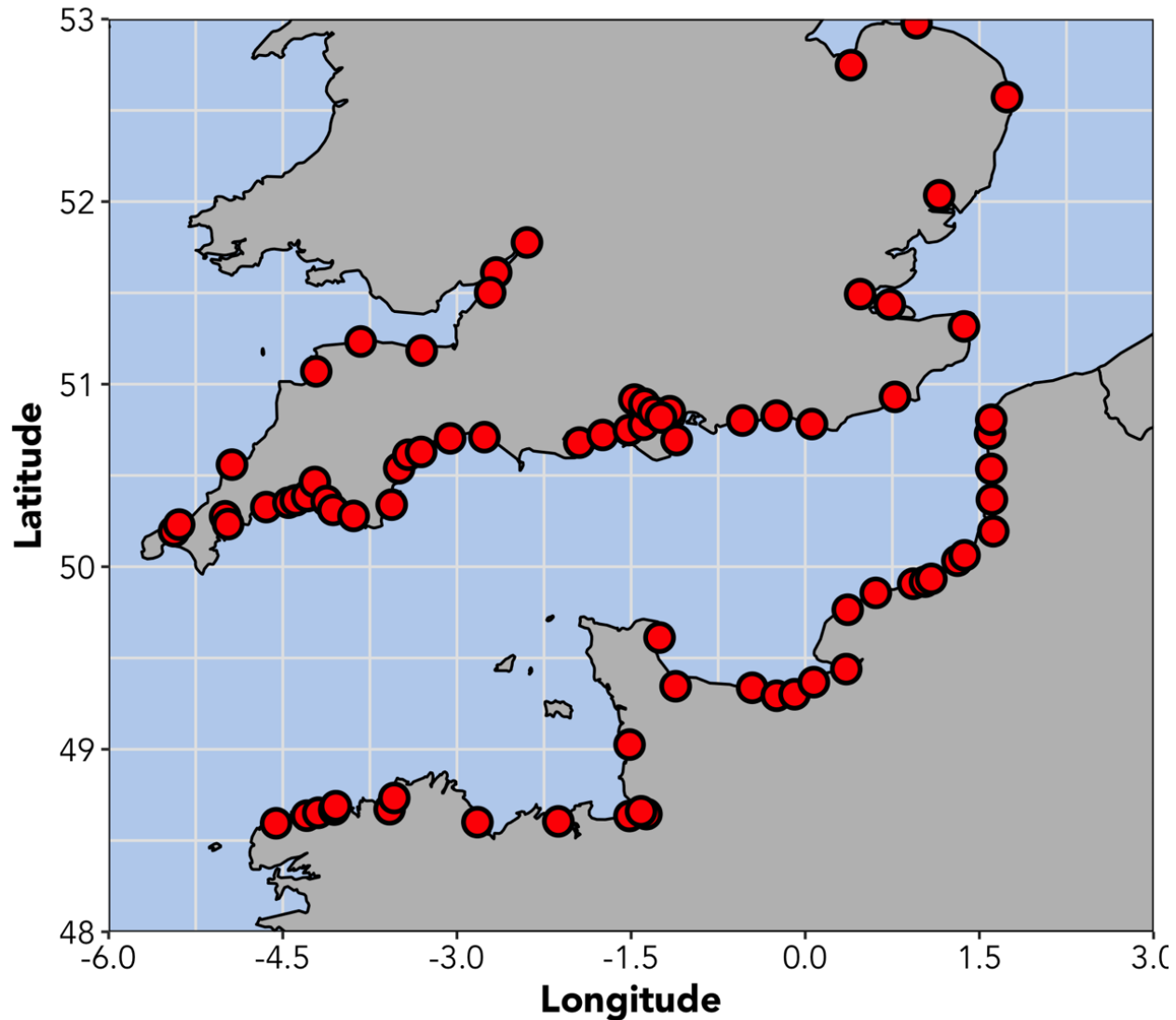
→ Construction d'une base de données génétiques des rivières de la Manche produisant des truites de mer

- Echantillonnage d'un fragment de nageoire (non létal) sur 20 à 30 poissons juveniles par rivière
- Génotypage pour 200 marqueurs génétiques (SNPs – Single Nucleotide Polymorphism)

→ Analyses pour apporter des informations sur les mouvements des truites en mer

- Structure génétique ↔ échanges entre rivières
- Rivières d'origine des truites de mer adultes prises en mer ↔ distances parcourues
- Génétique du paysage ↔ paramètres environnementaux influants sur les déplacements

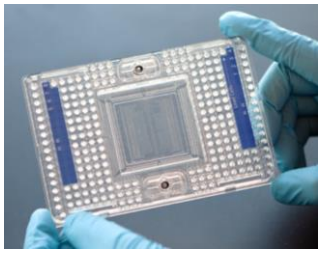
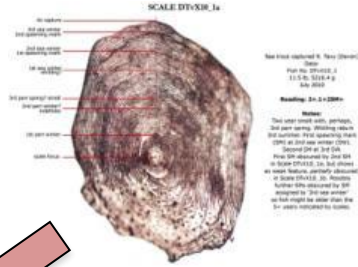
Réalisé : échantillonnage des truites



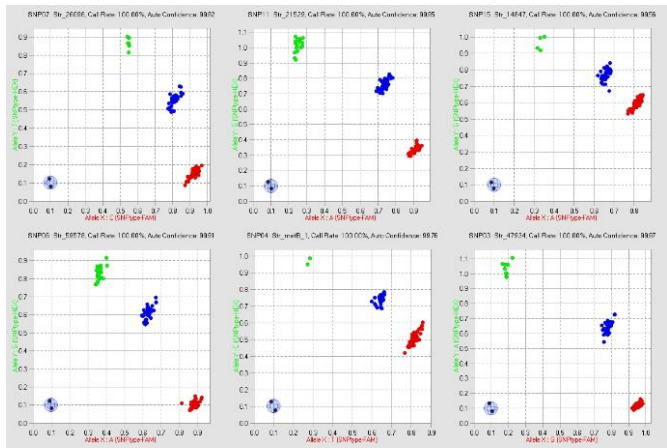
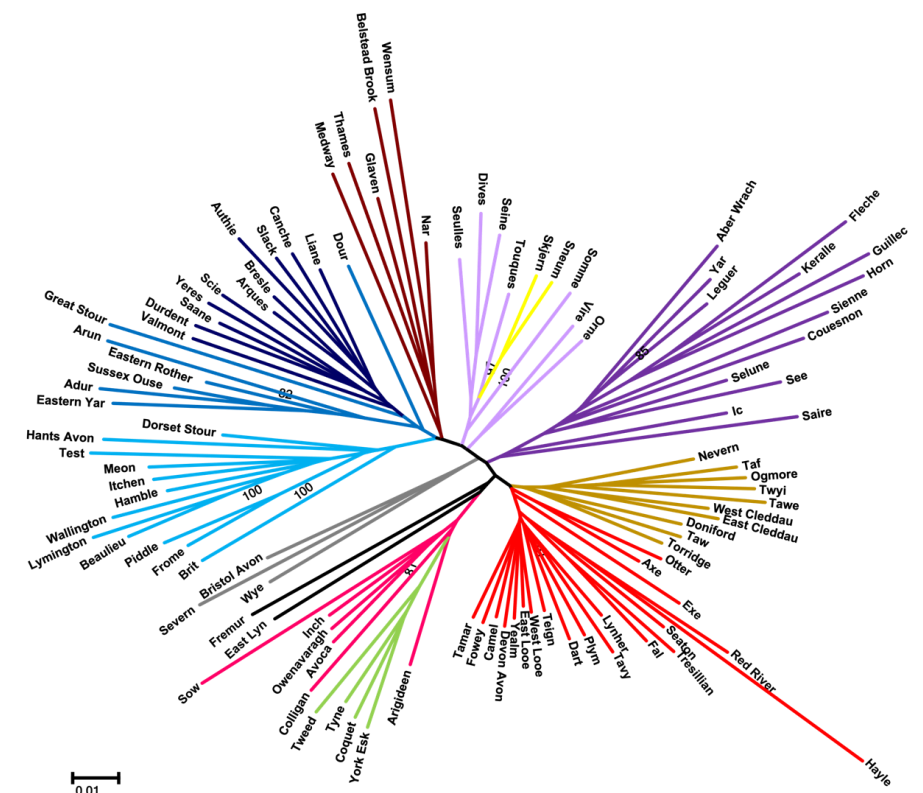
2017-2019 : 2956 poissons, 103 rivières



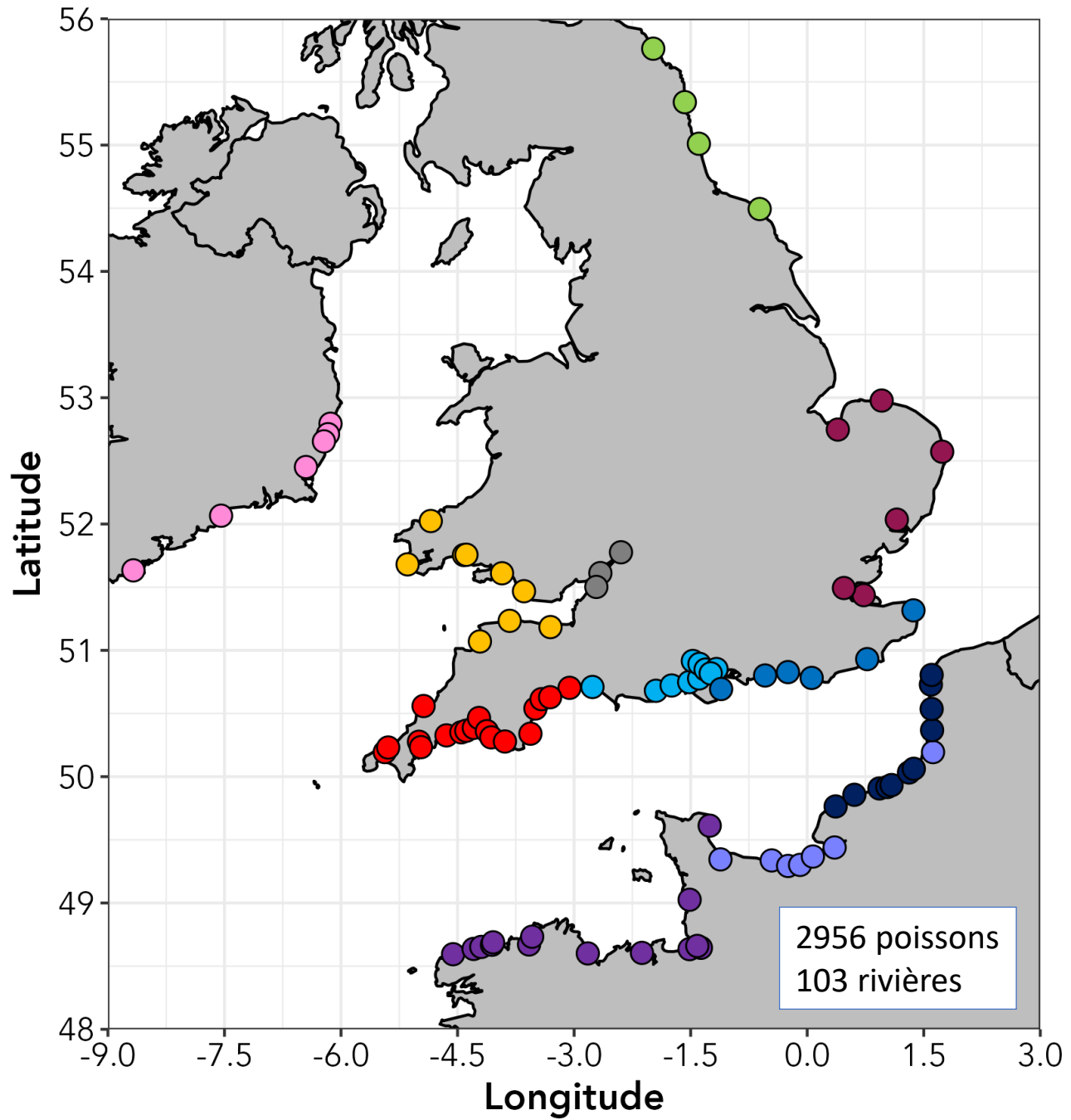
Réalisé : base de données génétiques



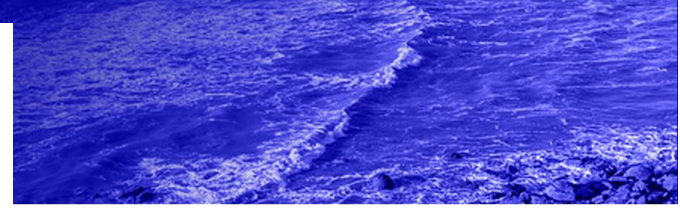
95 marqueurs génétiques
Identification de groupes
génétiques de référence



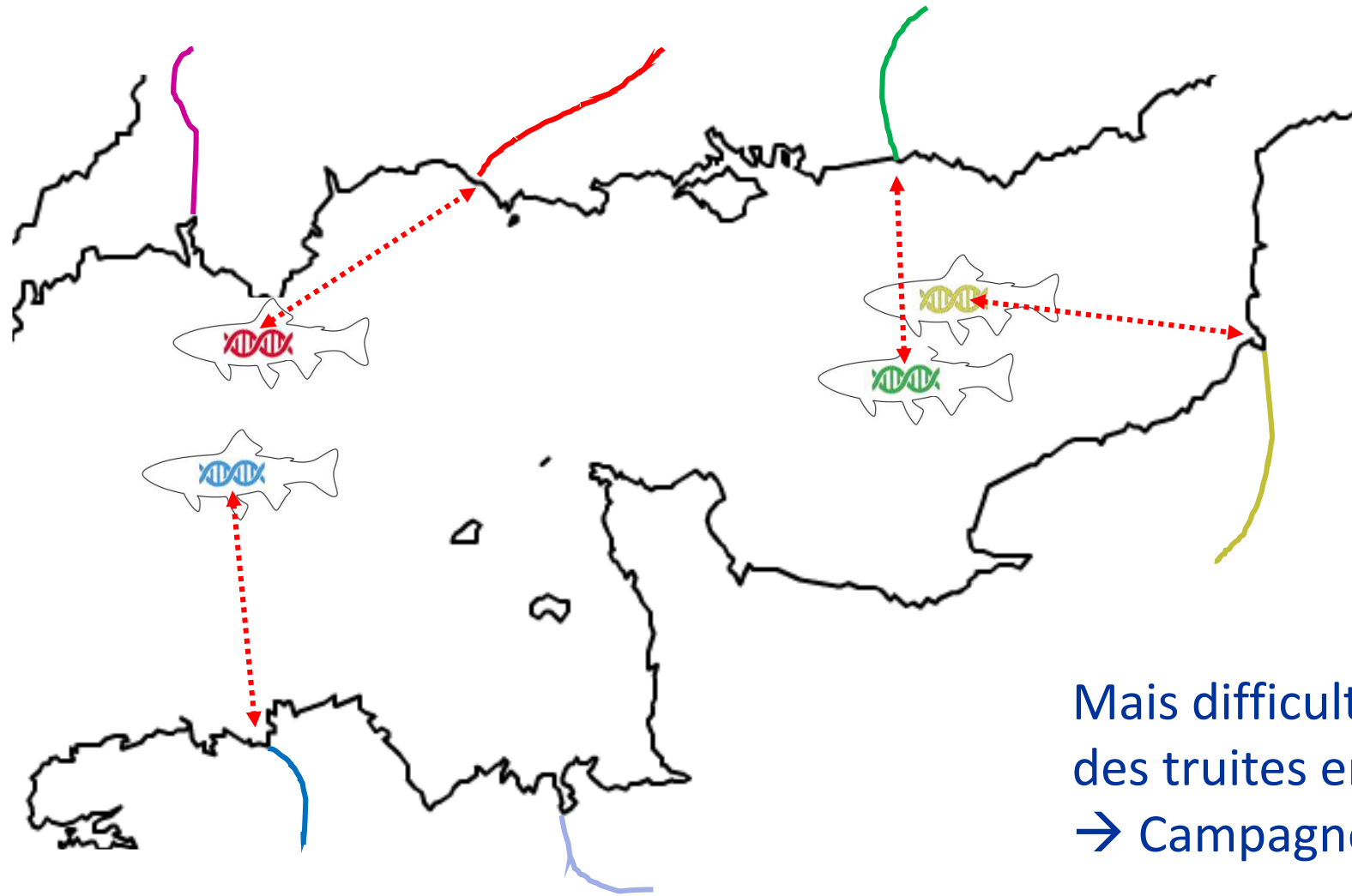
0.01



- NE England
- SE Ireland
- inner Bristol Channel
- outer Bristol Channel
- Devon & Cornwall
- Hants Basin
- SE England
- Thames & Norfolk
- Brittany
- lower Normandy
- upper Normandy



Réalisé : rivière d'origine des truites capturées en mer



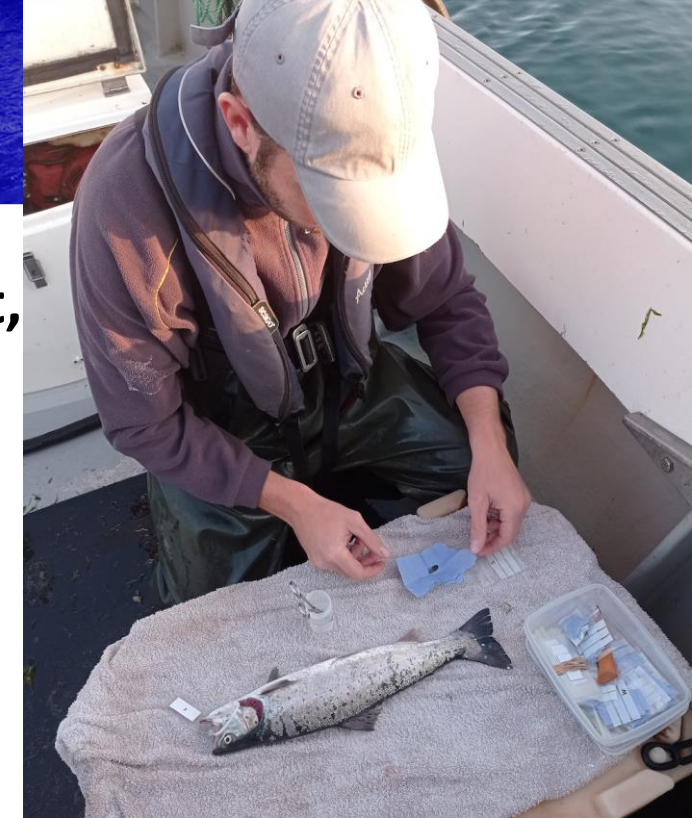
Mais difficultés à capturer
des truites en mer !
→ Campagnes spécifiques

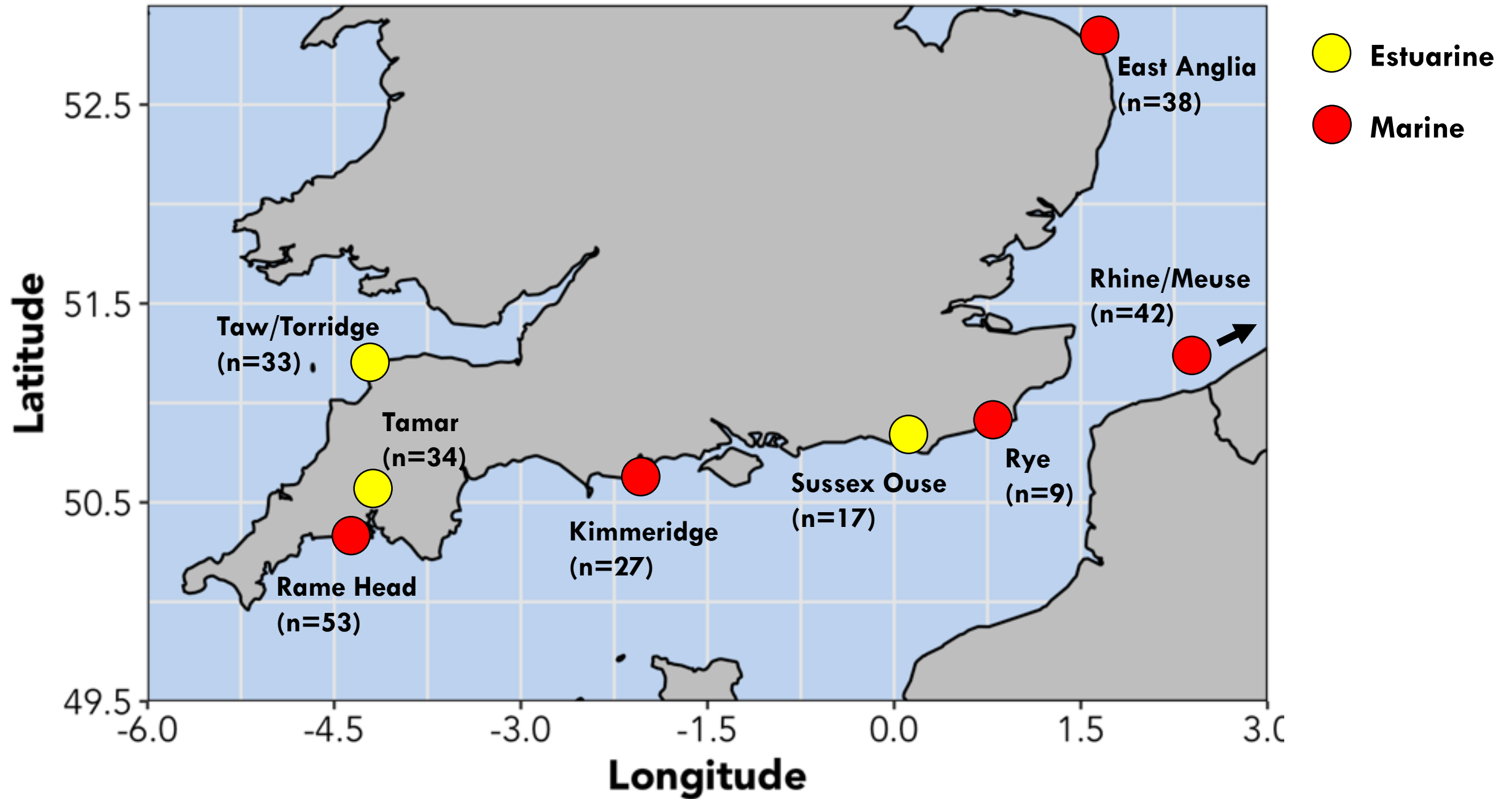
Capture de truites de mer adultes en mer ou en estuaire



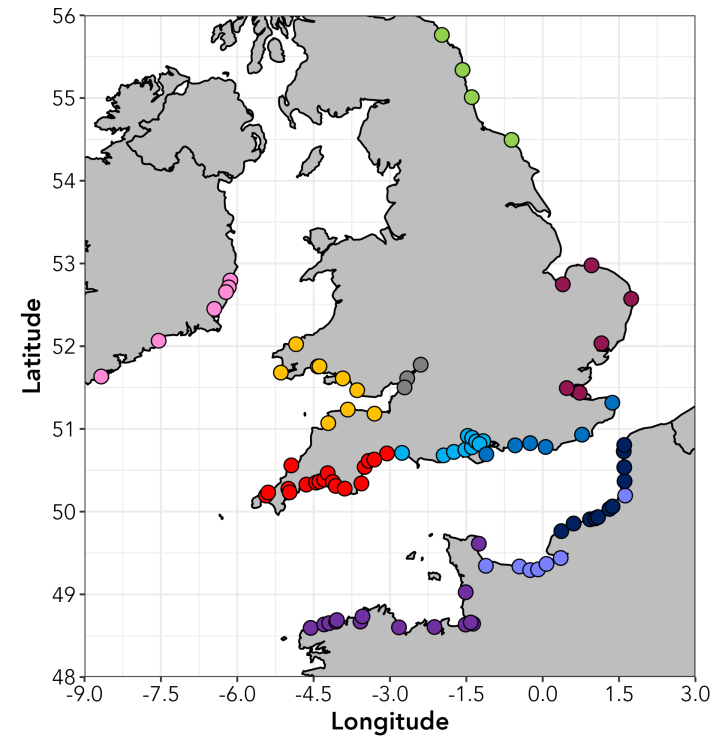
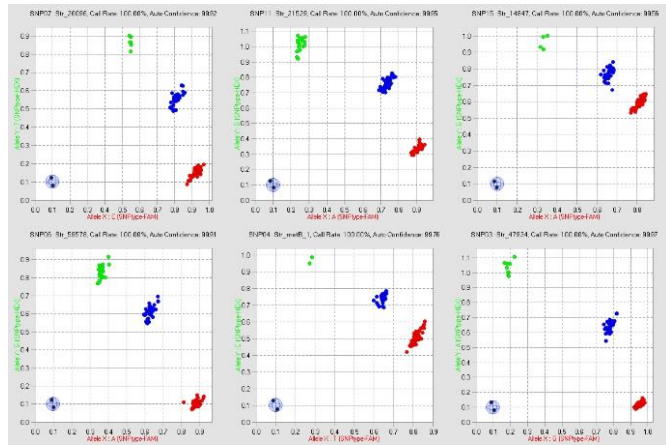
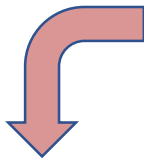
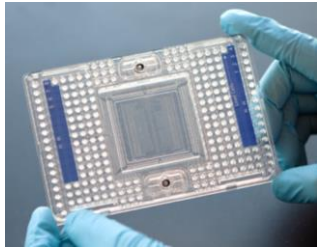
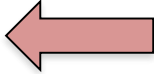
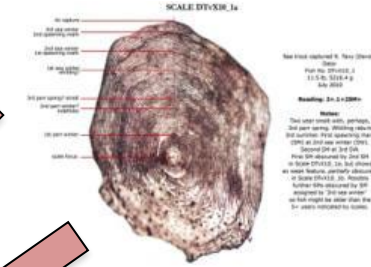
Génotypage de truites prises en mer ou en estuaire

- **Génotypage d'environ ~250 truites de mer d'Angleterre sud et est, et la zone Rhin/Meuse (prises en mer ou en eaux estuariennes)**
- **8 sites d'échantillonnage :**
 - **Trois sites estuariens (Taw/Torridge, Tamar, Sussex Ouse)**
 - **Cinq sites en mer (Whitsand Bay, Kimmeridge, Rye Harbour, filets dérivants East Anglia, Rhine/Meuse)**
- **176 truites de mer issues de 9 rivières françaises**
 - **écailles récupérées par les pêcheurs, issues des collections CNICS**
- **Assignment à la base de données SAMARCH sur la base des génotypes à 94 marqueurs SNPs**
 - **Logiciel = *rubias* – qui combine Mixed Stock Analysis (MSA) et Assignment individuelle (IA)**



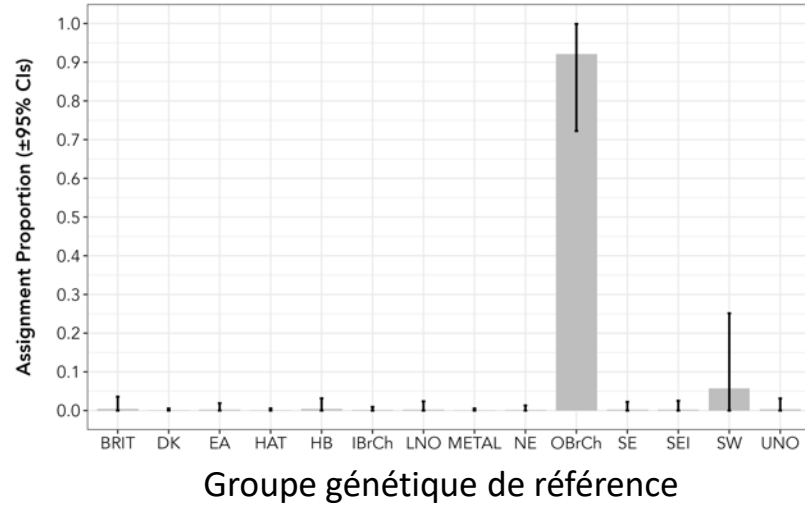


Assignation des truites à une rivière / un groupe génétique de référence

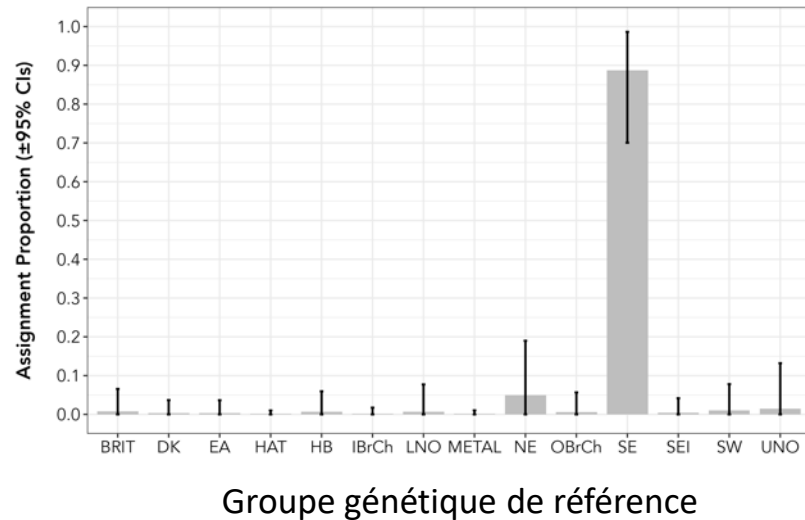


- NE England
- SE Ireland
- inner Bristol Channel
- outer Bristol Channel
- Devon & Cornwall
- Hants Basin
- SE England
- Thames & Norfolk
- Brittany
- lower Normandy
- upper Normandy

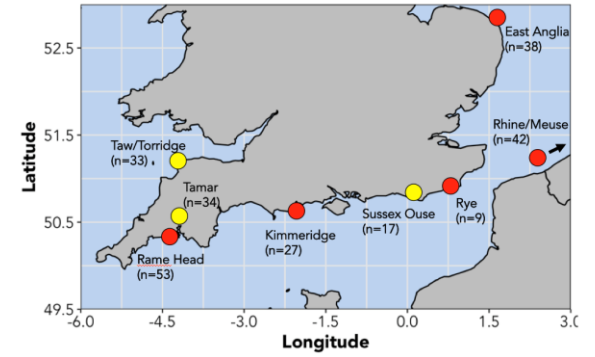
Taw/Torridge



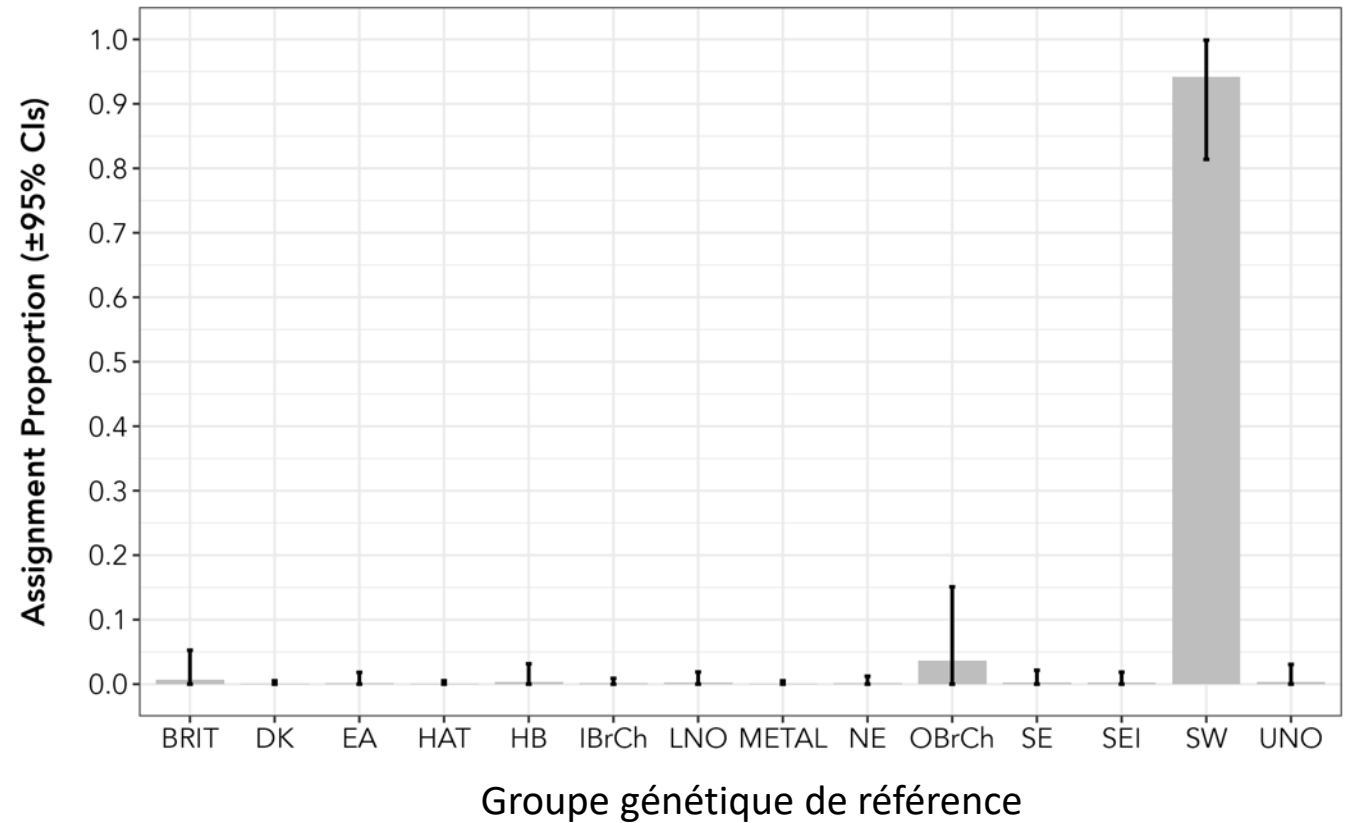
Sussex Ouse

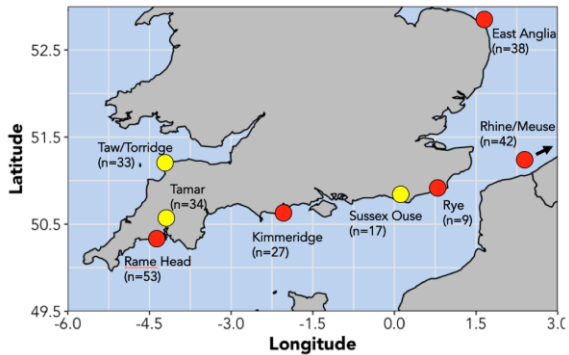


Assignation des individus capturés en estuaire

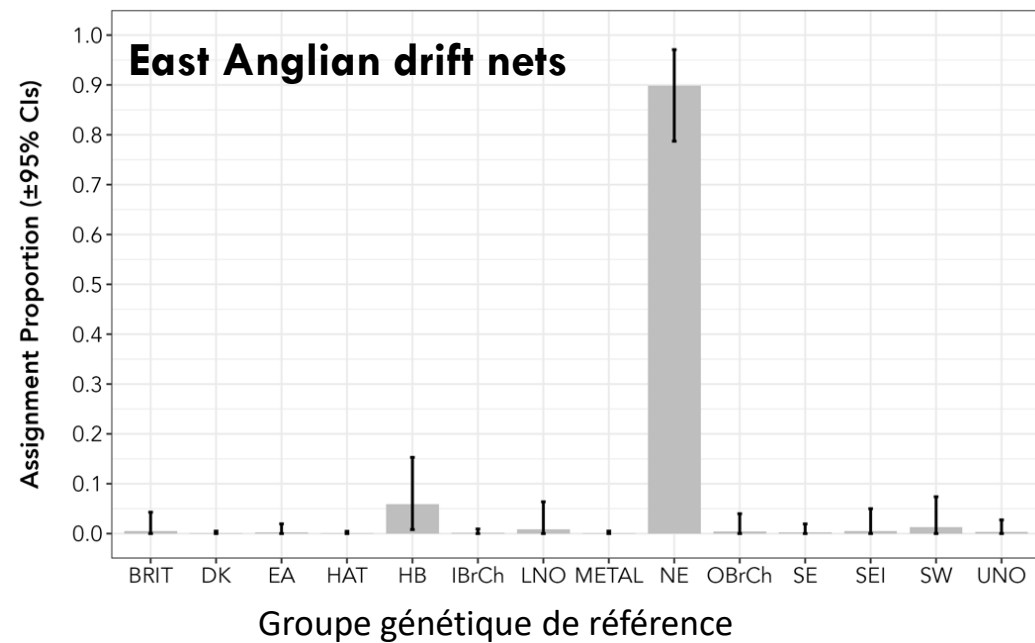
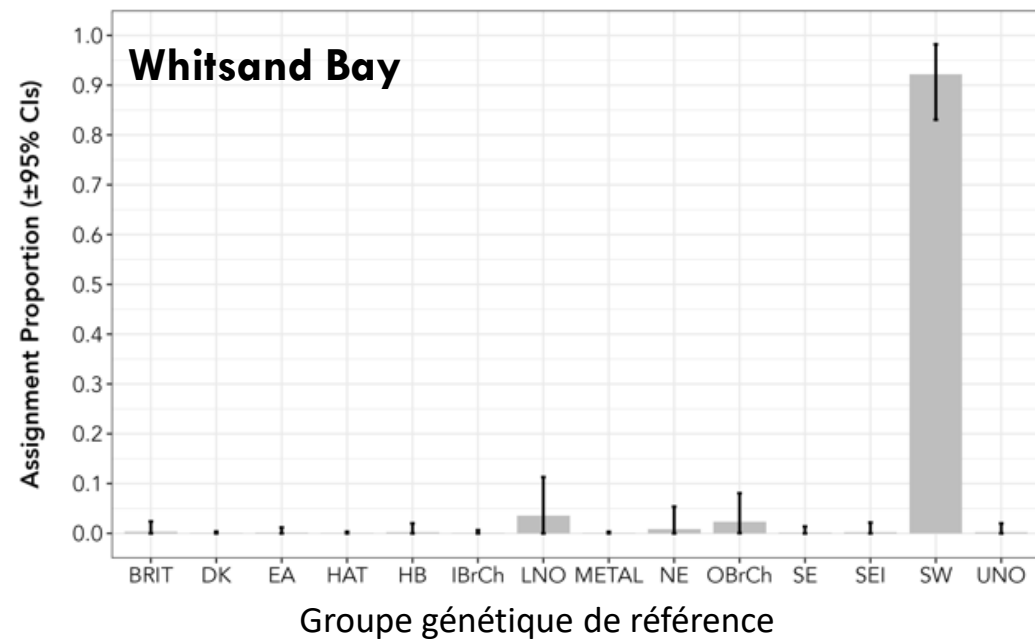
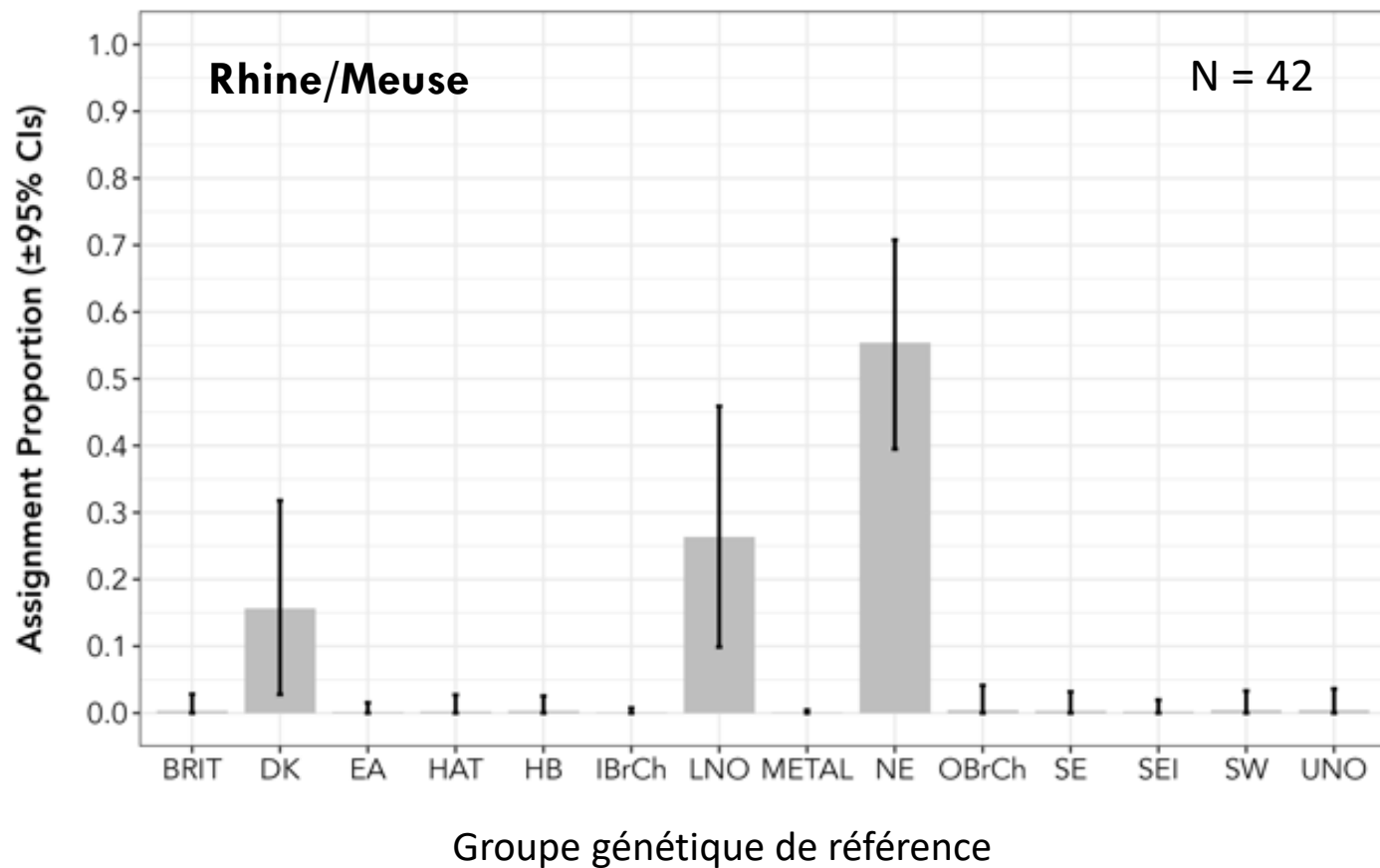


Tamar (Gunnislake)





Assignation des individus capturés en mer



Assignation des truites à une rivière / un groupe génétique

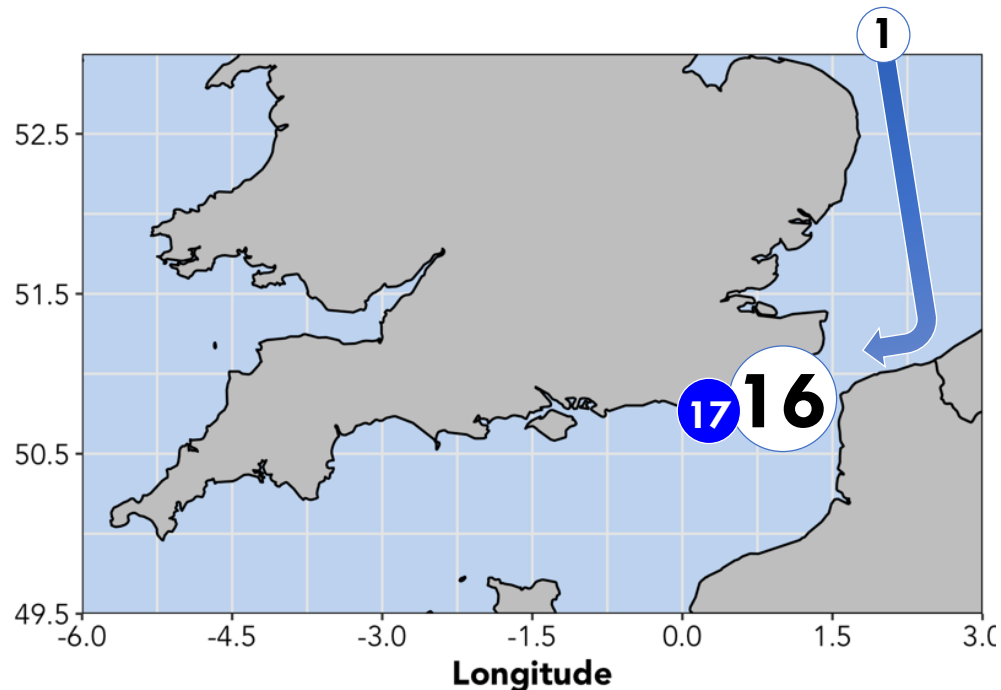
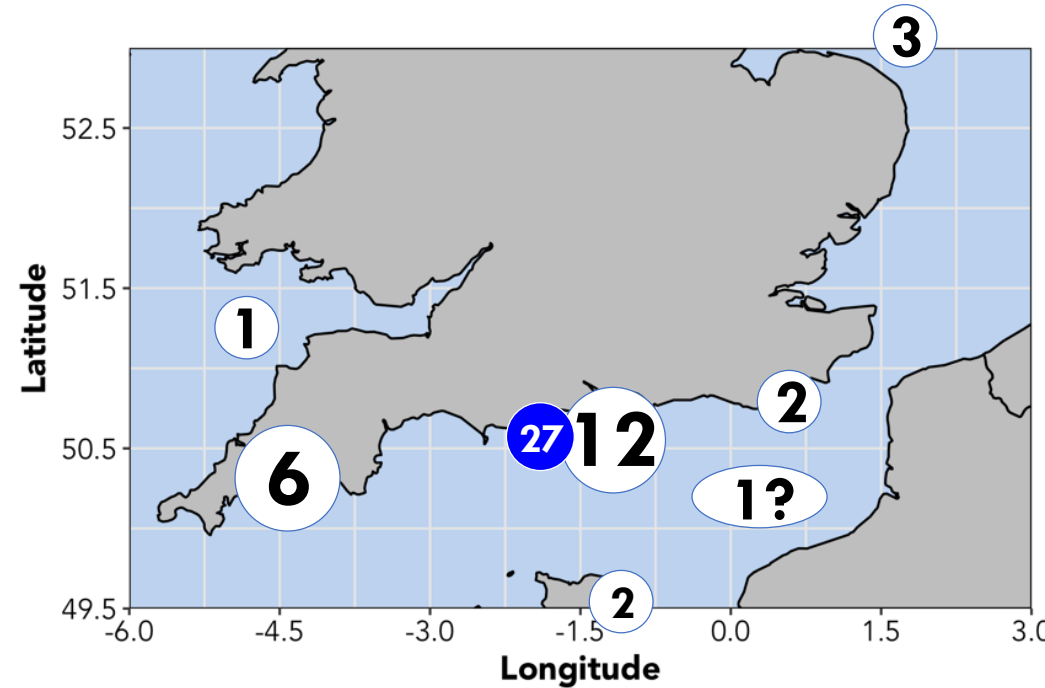
Kimmeridge/Poole Harbour : **27 poissons**

12 assignés à Hampshire Basin, 6 à Devon/Cornwall

1 à Angleterre Sud, 2 à Angleterre SE, 3 à Angleterre NE,

2 à Basse Normandie et un non-assigné (faible

assignation à plusieurs groupes)



Sussex Ouse (filets estuariens): **17 poissons**

16 assignés à Angleterre SE, 1 à Angleterre NE

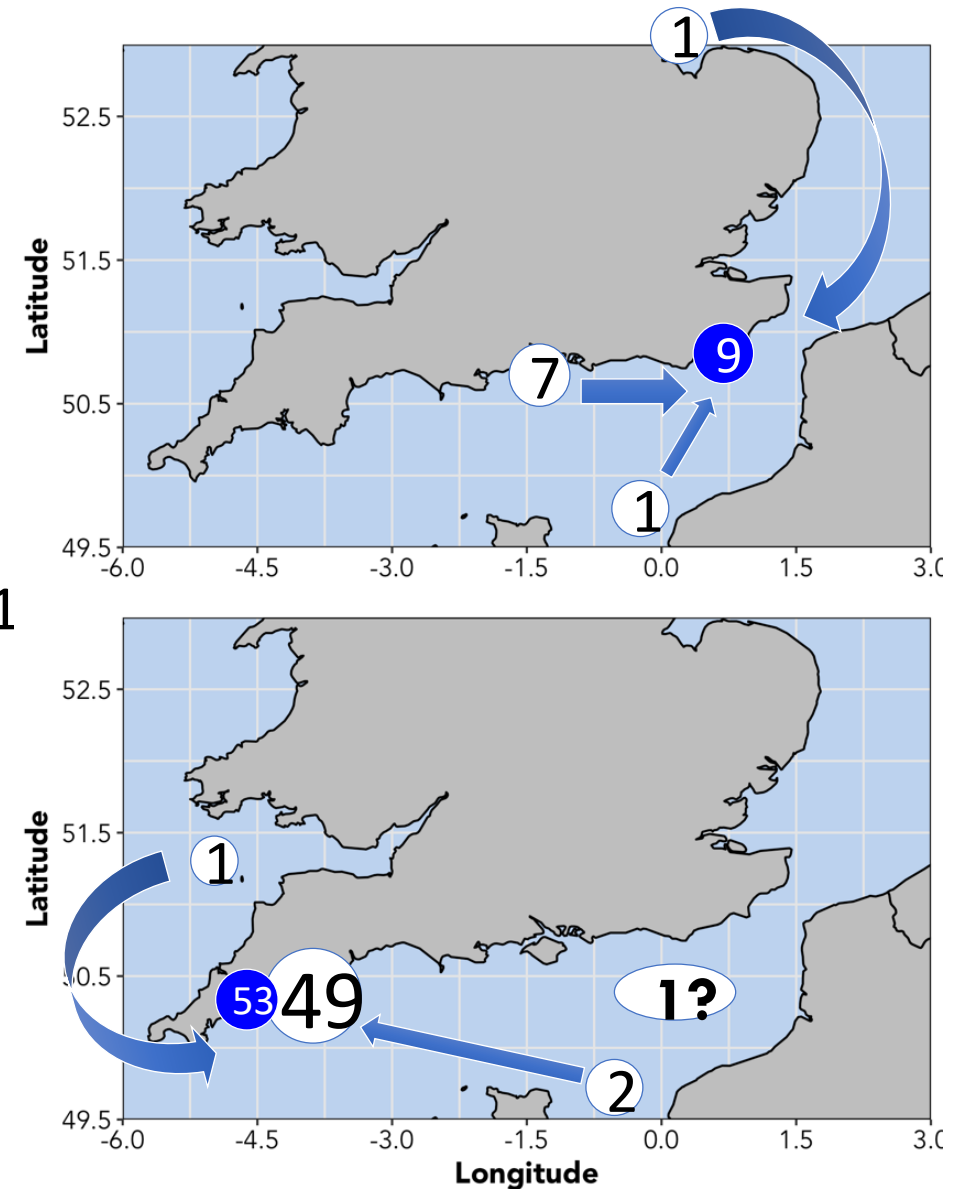
Assignation des truites à une rivière / un groupe génétique

Rye Harbour: **9 poissons**

7 assignés à Hampshire Basin, 1 à Angleterre SE, 1 à Angleterre NE et 1 à Devon/Cornwall

Cornwall: **53 poissons**, 49 assignés à Devon/Cornwall et 1 à Angleterre NE, 2 à Basse-Normandie, 1 non-assigné

→ Plusieurs indications de mouvement à grande distance dans le sud de la Mer du Nord et en Manche



Assignation des truites à une rivière / un groupe génétique : en conclusion

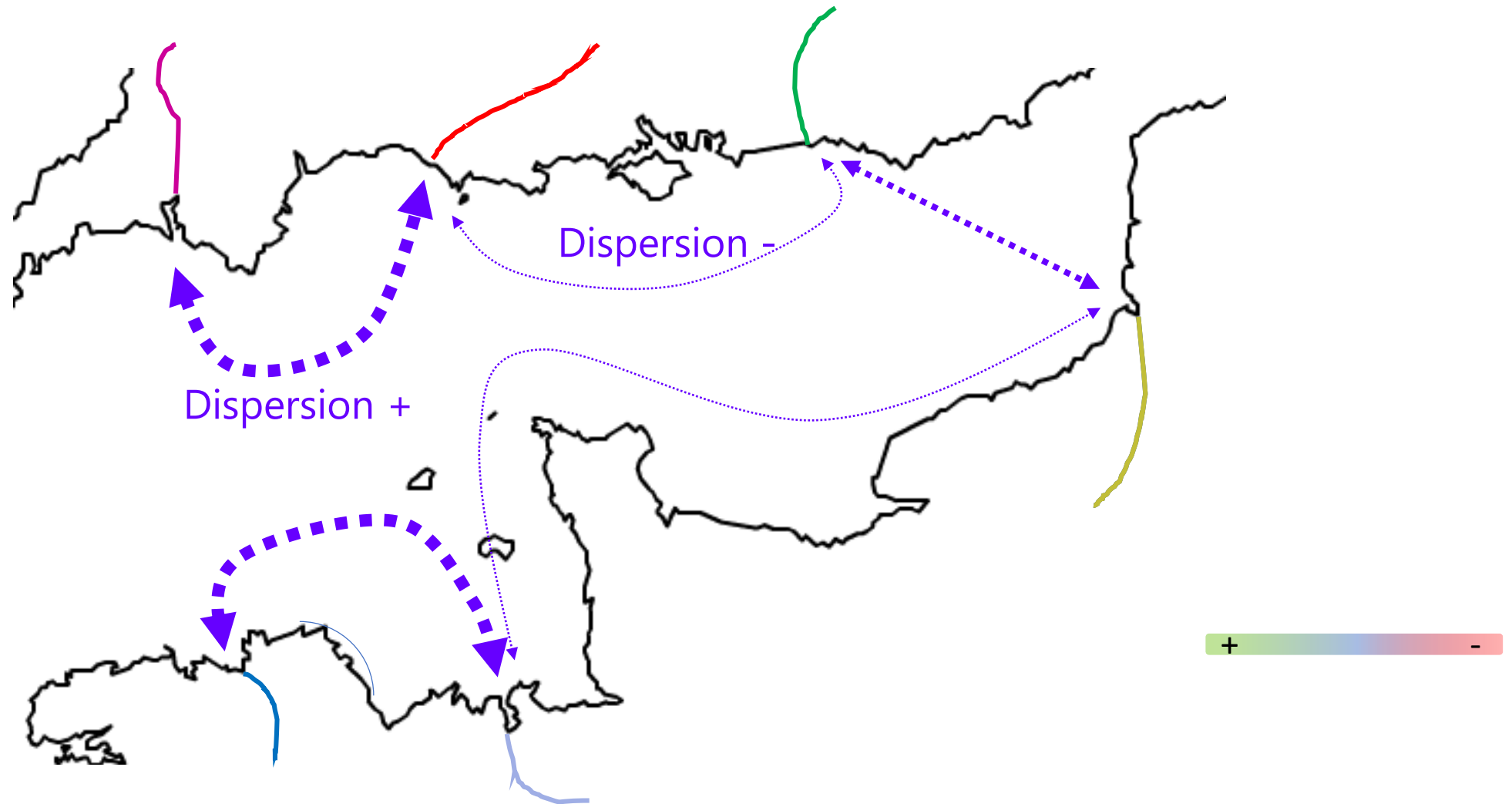
- **Les analyses sont en cours...**
les résultats sont préliminaires!
- Les individus des rivières françaises ne sont pas encore assignés



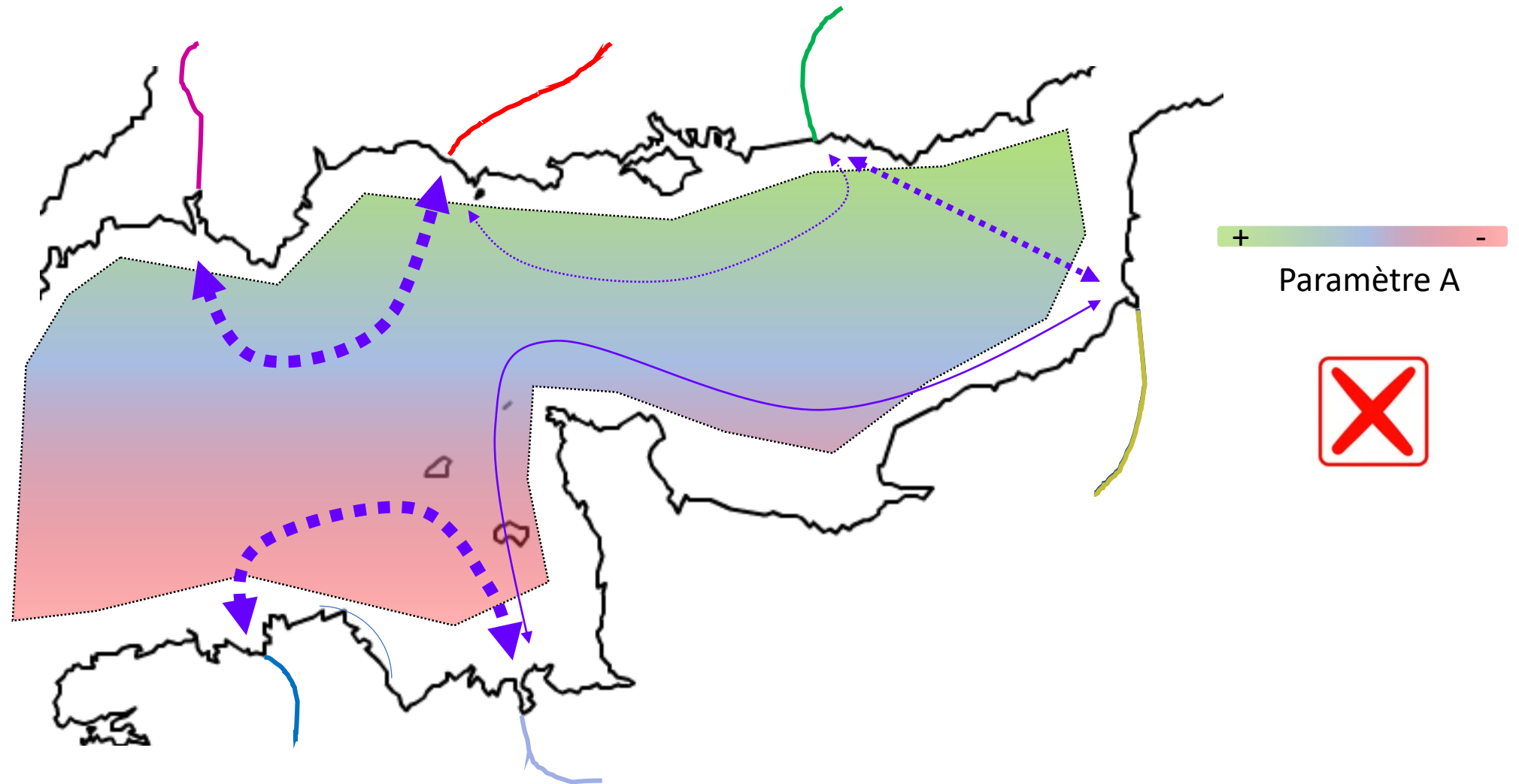
Cependant :

- Si les résultats sont confirmés, la truite de mer capturée à Rame Head (Est Cornwall) originaire d'Angleterre NE a parcouru plus de 1000km. De même, la truite de Devon/Cornwall trouvée dans les filets en East Anglia a parcouru plus de 600km
- Les pêcheries en mer au filet sont toutes, dans une certaine mesure, des pêcheries de stock mélangés (individus de différentes origines)

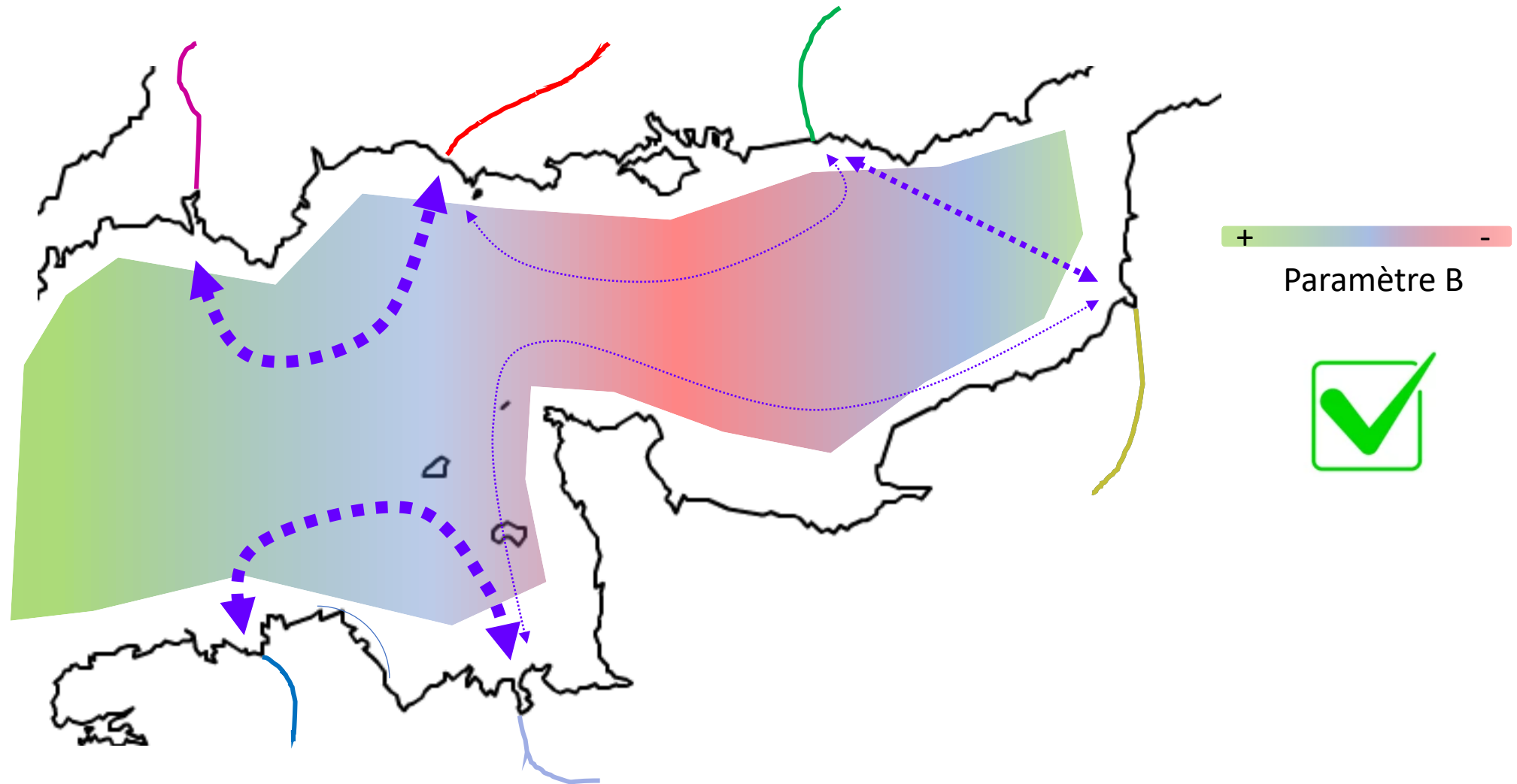
A venir : identification des paramètres du paysage marin qui influencent le mouvement des truites



A venir : identification des paramètres du paysage marin qui influencent le mouvement des truites



A venir : identification des paramètres du paysage marin qui influencent le mouvement des truites

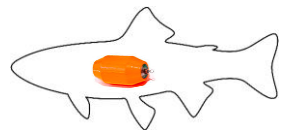


A venir : identification des paramètres du paysage marin qui influencent le mouvement des truites



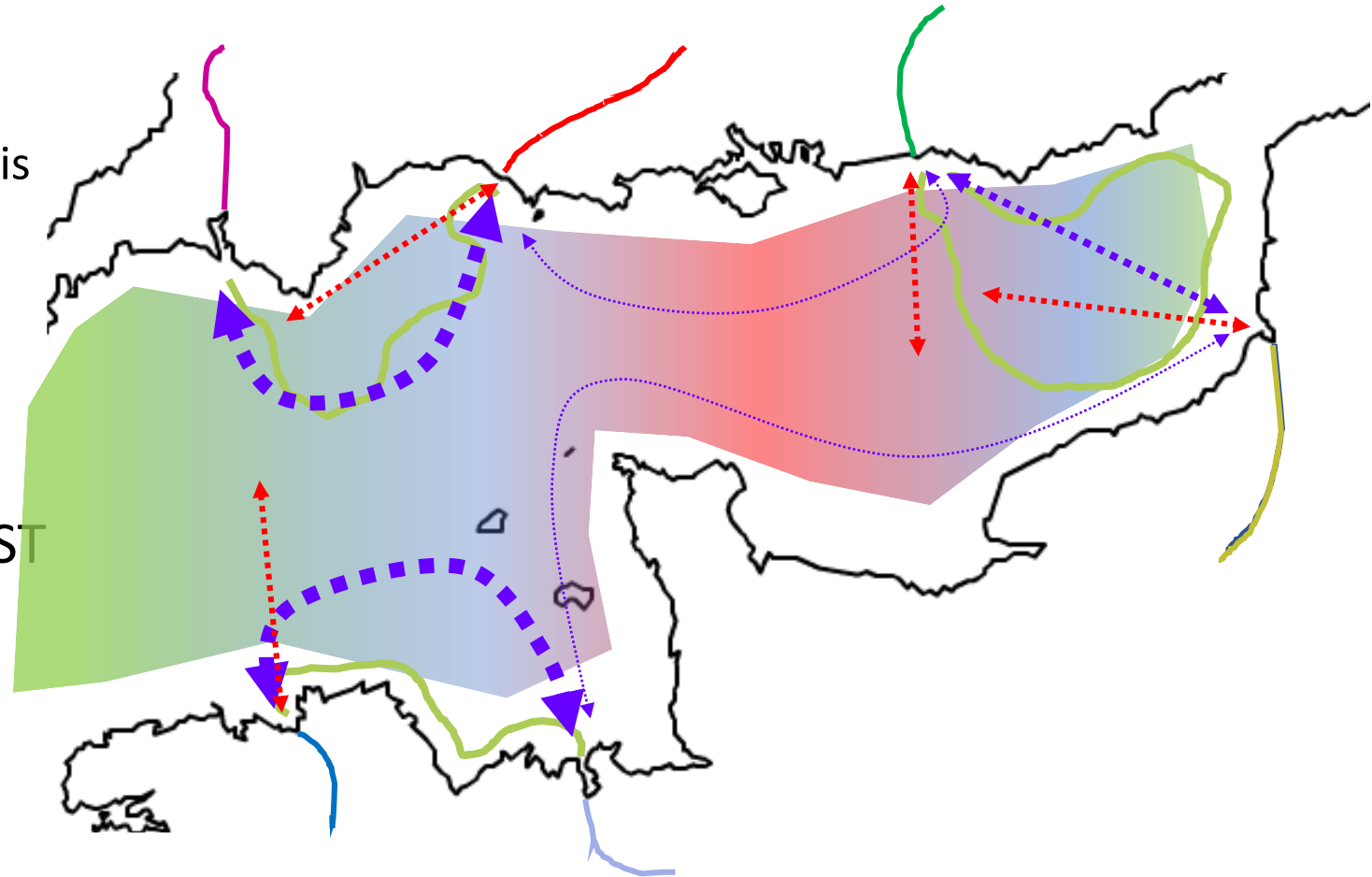
• Données génétiques

- Distance parcourue depuis la rivière d'origine
- Dispersion entre rivières
- corrélée à paramètres environnementaux



• Données des marques DST (C. Artero)

- Trajectoires en mer

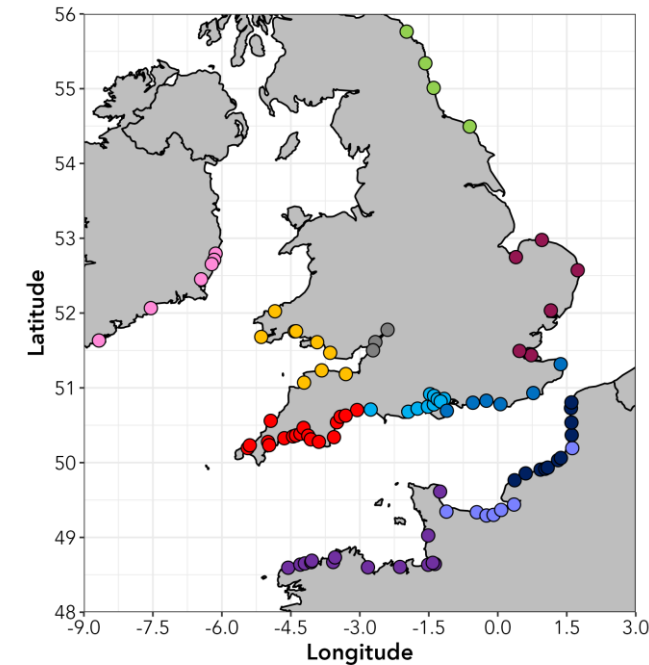


A venir : identification des paramètres du paysage marin qui influencent le mouvement des truites

- Carte intégrative documentant :
 - La localisation des captures de truites en mer et dans les ZTC
 - La rivière probable d'origine de chaque truite de mer
 - Les potentielles route de migration des truites de mer en Manche
 - Les paramètres environnementaux corrélés aux mouvements
- Cela 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.
- Cela aidera à identifier les zones de la Manche qui seraient les plus utilisées par les truites de mer et les paramètres environnementaux pouvant influencer sur cette utilisation du milieu

Conclusion : ce que la génétique nous a déjà appris sur la truite de mer dans le projet SAMARCH

- ✓ Structure génétique des populations selon une base géographique
- ✓ Barrière du Cotentin
- ✓ La dispersion se fait préférentiellement vers les rivières de proximité, mais des déplacements à grande distance sont possibles (plusieurs centaines de km)
- ✓ Les pêcheries en mer se font sur des stocks génétiquement mélangés
- ✓ Pour l'instant pas d'identification de paramètre environnemental à effet global (effet local toujours possible)



Travail toujours en cours, à confirmer!



Remerciements



T Jousseume L Meslier AL Besnard M Vanhove



J Stevens RA King



seinormigr
Seine-Normandie Migrateurs



OFB
OFFICE FRANÇAIS
DE LA BIODIVERSITÉ



Environment
Agency

Merci de votre attention

