

Direction régionale de Québec
Direction régionale du Bas Saint-Laurent / Gaspésie / Îles de la Madeleine
Service de l'aménagement et de l'exploitation de la faune
Service de la faune aquatique
Direction de la gestion des espèces et des habitats

**COMPARAISON DE L'ADN MITOCHONDRIAL DES
ÉPERLANS ARC-EN-CIEL (Osmerus mordax) FRAYANT
DANS LES RÉGIONS DE BEAUMONT, DE RIVIÈRE-OUELLE
ET DE LA BAIE DES CHALEURS EN 1990**

par

Louis Bernatchez

Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche
Québec, septembre 1992

Référence à citer:

Bernatchez, L. 1992. Comparaison de l'ADN mitochondrial des Éperlans arc-en-ciel (Osmerus mordax) frayant dans les régions de Beaumont, de Rivière-Ouelle et de la Baie des Chaleurs en 1990. Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, Direction régionale de Québec, Direction régionale du Bas Saint-Laurent / Gaspésie / Iles de la Madeleine, Service de l'aménagement et de l'exploitation de la faune, Rapp. tech. xi + 27 p.

Dépôt légal
Bibliothèque Nationale du Québec
3^e trimestre 1992
ISBN: 2-550-26637-4

AVANT-PROPOS

L'Éperlan arc-en-ciel de l'estuaire du fleuve Saint-Laurent est une espèce qui a autrefois joué un rôle important en tant que poisson capturé commercialement et sportivement et qui a, de plus, servi de proie au Béluga du Saint-Laurent, aujourd'hui en difficulté et au Bar rayé, aujourd'hui disparu. La population d'éperlans a beaucoup diminué dans les derniers 25 ans; les débarquements commerciaux ont passé de 120 tonnes métriques en 1964 à moins d'une tonne métrique en 1988.

Devant cet état de fait, le ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche et le ministère des Pêches et des Océans (Canada) ont convenu, en avril 1990, de travailler conjointement à la restauration de cette population autrefois si importante. C'est dans le cadre de cette entente que le présent rapport a été produit.

RÉSUMÉ

Dans le cadre du projet de restauration des habitats de fraie dans la rivière Boyer visé par le Plan d'Action Saint-Laurent, une analyse de l'ADN mitochondrial a été réalisée pour tester l'hypothèse voulant que les géniteurs d'Éperlan arc-en-ciel des régions de Beaumont, Rivière-Ouelle et Baie des Chaleurs constituent des populations génétiquement distinctes. La distribution de fréquence des génotypes n'a révélé aucune différence significative entre les échantillons du ruisseau de l'Église (Beaumont) et de Rivière-Ouelle. Ces deux échantillons étaient cependant très distincts des éperlans de la Baie des Chaleurs. Le nombre de génotypes par échantillon, l'indice de diversité génétique et les relations entre la taille de l'échantillon et le nombre de génotypes et de fragments appuient ce constat. Ces résultats suggèrent fortement que les éperlans du fleuve Saint-Laurent constituent une seule population génétique, différant substantiellement des éperlans de la Baie des Chaleurs. L'implication de ces résultats serait qu'une restauration de l'habitat de reproduction dans la rivière Boyer permettrait aux éperlans de l'estuaire d'y revenir frayer ou d'être utilisés pour un repeuplement artificiel.

TABLE DES MATIÈRES

| | <u>Page</u> |
|---|-------------|
| AVANT-PROPOS | iii |
| RÉSUMÉ | v |
| TABLE DES MATIÈRES | vii |
| Liste des tableaux | ix |
| Liste des figures | xi |
| | |
| 1. INTRODUCTION | 1 |
| | |
| 2. MATÉRIEL ET MÉTHODES | 4 |
| 2.1 Échantillons | 4 |
| 2.2 Purification de l'ADMmt | 4 |
| 2.3 Analyse par enzyme de restriction | 4 |
| 2.4 Définition des génotypes | 6 |
| 2.5 Différenciation des populations | 6 |
| 2.6 Effet de la taille de l'échantillon | 8 |
| | |
| 3. RÉSULTATS | 10 |
| 3.1 Définition des génotypes | 10 |
| 3.2 Différenciation des populations | 10 |
| 3.3 Effet de la taille de l'échantillon | 14 |
| | |
| 4. DISCUSSION | 18 |
| 4.1 Implications pour la réhabilitation de la rivière Boyer | 20 |
| | |
| REMERCIEMENTS | 23 |
| Liste des références | 24 |

LISTE DES TABLEAUX

| | <u>Page</u> |
|--|-------------|
| Tableau 1. Lieu et date de capture, taille des échantillons, nombre de génotypes d'ADNmt observés et diversité génétique (h) des populations d'éperlans étudiées | 11 |
| Tableau 2. Description des génotypes d'ADNmt et fréquence pour chaque génotype observé parmi les éperlans de Beaumont, Rivière-Ouelle et Baie des Chaleurs | 12 |
| Tableau 3. Analyse de chi-carré de la distribution de fréquence des génotypes d'ADNmt de Beaumont, Rivière-Ouelle et Baie des Chaleurs | 13 |

LISTE DES FIGURES

| | <u>Page</u> |
|--|-------------|
| Figure 1. Localisation des sites d'échantillonnage d'éperlans analysés dans la présente étude | 5 |
| Figure 2. Exemple de patrons de fragments d'ADNmt de l'Éperlan arc-en-ciel | 7 |
| Figure 3. Effet de la taille de l'échantillon sur le nombre de géotypes d'ADNmt détectés parmi les éperlans capturés à Beaumont, Rivière-Ouelle et dans la Baie des Chaleurs, en avril et mai 1990 | 16 |
| Figure 4. Effet du niveau de résolution (nombre de fragments d'ADNmt analysés) sur le nombre de géotypes d'ADNmt détectés parmi les éperlans capturés à Beaumont, Rivière-Ouelle et dans la Baie des Chaleurs en avril et mai 1990 | 17 |

1. INTRODUCTION

Plusieurs études des caractères biologiques et morphologiques ont été effectuées afin de déterminer la structure et le nombre de populations d'éperlans de l'estuaire et du golfe du Saint-Laurent (Marcotte et Tremblay 1948, Vladykov et Michaud 1957, Magnin et Beaulieu 1965, Fréchet et al. 1983a, 1983b, Giroux et al. 1990). Ces études ont démontré une nette distinction entre les éperlans de l'estuaire, du Saguenay et celui de la Baie des Chaleurs. Par contre, aucune d'entre elles n'a mis en évidence que les éperlans remontant des rivières différentes constituent des populations distinctes. Les résultats de l'ensemble de ces études supportent plutôt l'hypothèse d'un mélange de tous les éperlans de l'estuaire qui composeraient ainsi une seule population. Aucune étude génétique n'a cependant été entreprise à ce jour pour vérifier les conclusions tirées à partir de l'étude de ces caractéristiques biologiques et morphologiques.

La rivière Boyer a déjà été, avec la rivière Ouelle, un des plus importants sites de fraie de l'Éperlan arc-en-ciel anadrome (Osmerus mordax) de l'estuaire sud du fleuve Saint-Laurent. Les pêcheurs y affluaient alors en très grand nombre au printemps. Depuis les années 70, de moins en moins de géniteurs y sont montés, à un point tel que la rivière est maintenant complètement désertée (Trencia et al. 1989). Cette désertion explique la chute dramatique et simultanée des captures par les pêches sportives et commerciales (Robitaille et Vigneault 1990).

Des projets de restauration et de mise en valeur des populations de poisson et de leur habitat figurent dans le cadre du Plan d'Action Saint-Laurent (Robitaille et Vigneault 1990; Robitaille et al. 1990). L'Éperlan anadrome du sud de l'estuaire et la rivière Boyer figurent parmi ces projets. Dans cette optique, il convenait de vérifier si la population du sud de l'estuaire est homogène ou si au contraire chaque rivière de

fraye accueille des populations distinctes génétiquement, ce que les auteurs précédents ont réfuté à partir des seuls caractères morphométriques et biologiques.

La confirmation de l'hypothèse d'une population homogène pour le sud de l'estuaire sans distinction selon la rivière de fraye, permettrait d'envisager des possibilités de restauration plus variées telles que la transplantation d'éperlans entre les rivières. La conclusion contraire (populations distinctes selon les rivières de fraye) obligerait à concentrer les travaux de restauration que sur la rivière Boyer pour rétablir les pêches sportives et commerciales d'autrefois.

Le ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche a donc entrepris une étude comparative des Éperlans arc-en-ciel reproducteurs comportant deux volets: un premier, l'objet du présent rapport, visant à détecter l'existence de populations différentes par l'étude de l'ADN mitochondrial des Éperlans arc-en-ciel reproducteurs de la région de Beaumont, de Rivière-Ouelle et de la Baie des Chaleurs et un second, décrivant et comparant les caractéristiques biologiques des géniteurs de la région de Beaumont et de Rivière-Ouelle (Giroux et al. 1990).

Au cours des dernières années, l'analyse de l'ADN mitochondrial (ADNmt) par enzyme de restriction s'est avérée une approche génétique fort prometteuse pour l'étude de la structure des populations animales et en particulier des poissons (e.g. Bernatchez et Dodson 1990a, 1990b, Bentzen et al. 1989, Billington et Hebert 1988). L'efficacité de la méthode est due à certaines caractéristiques de l'ADNmt et de l'approche analytique elle-même. L'ADNmt est une molécule beaucoup plus petite que l'ADN nucléaire et transmise uniquement par les femelles, éliminant donc certains problèmes d'interprétation relatifs au phénomène de recombinaison. L'ADNmt évolue 5 à 10 fois plus rapidement que l'ADN nucléaire, offrant ainsi une perception amplifiée de la différenciation génétique des populations. Enfin, parce que l'analyse s'effectue au niveau de l'ADN même et non à celui de son produit (protéines), celle-ci est

susceptible de révéler un degré plus élevé de variabilité. Les marqueurs ainsi détectés sont strictement de nature génétique et conséquemment, non influencés par les conditions environnementales.

Cette méthode a donc été appliquée à l'étude des Éperlans arc-en-ciel anadromes frayant dans les régions de Beaumont (ruisseau de l'Église), de Rivière-Ouelle et de la Baie des Chaleurs (Carleton) pour tester l'hypothèse voulant que les éperlans du sud de l'estuaire constituent une population homogène, distincte de celle de la Baie des Chaleurs.

2. MATÉRIEL ET MÉTHODES

2.1 Échantillons

Trente-six femelles ont été recueillies en 1990 pendant la montaison de fraie dans chacun des tributaires (figure 1). Les oeufs ont été extraits et conservés sur glace humide jusqu'au moment de la purification en laboratoire de l'ADNmt qui a été effectuée au plus tard sept jours suivant la capture.

2.2 Purification de l'ADNmt

L'ADNmt a été extrait à partir d'oeufs selon la méthode décrite en détails par Bernatchez et al. (1988). Brièvement, 5g d'oeufs ont été homogénéisés dans 15 ml de tampon TKC, pH 7.5 (Tris-HCl 50 mM, KCl 1,5%, CaCl₂ 3mM) pour briser les cellules. L'homogénat a été centrifugé une première fois à basse vitesse afin de faire précipiter les noyaux et autres débris cellulaires indésirables et une seconde fois à haute vitesse, afin de recueillir les mitochondries. Celles-ci étaient ensuite lysées par l'addition d'un détergent (Nonidet 1%) et l'ADNmt ainsi libéré était purifié par extraction phénol-chloroforme. L'ADNmt purifié était gardé à -20°C jusqu'aux analyses de restriction.

2.3 Analyse par enzyme de restriction

Les enzymes de restriction sont des agents biochimiques qui reconnaissent et coupent l'ADN en des endroits précis. Ainsi, chaque enzyme différent reconnaît une séquence spécifique de 4, 5 ou 6 paires de bases d'ADN. L'ADN est coupé à tous les endroits où se retrouve la séquence particulière d'un enzyme donné. La "digestion" de l'ADN par un enzyme de restriction résulte donc en une série de fragments d'ADN

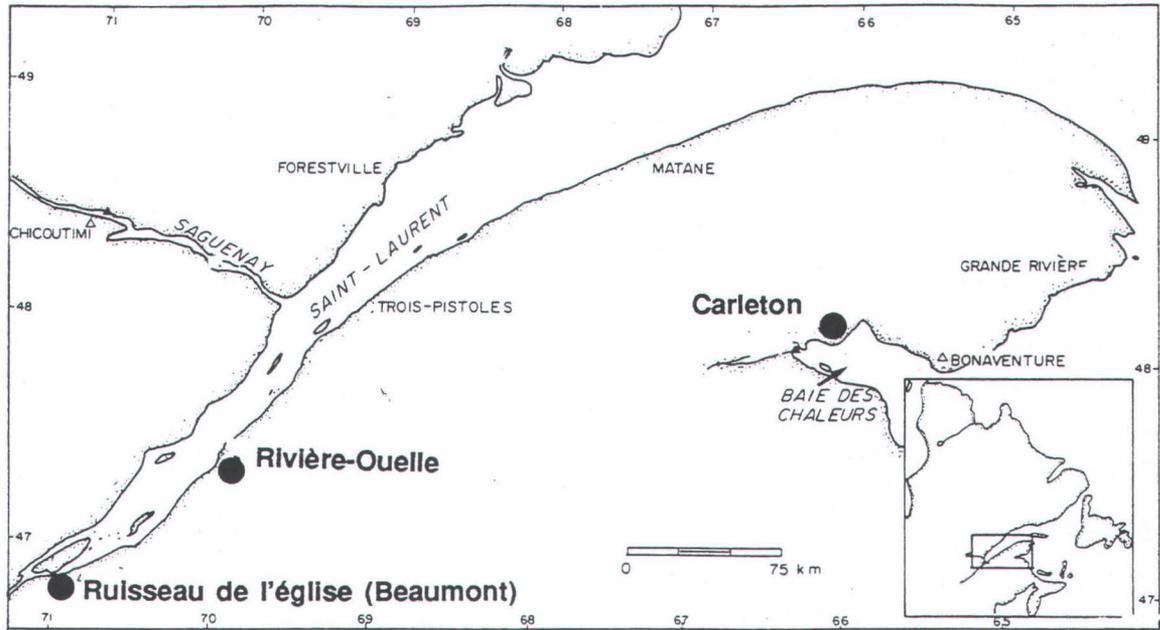


Figure 1. Localisation des sites d'échantillonnage d'éperlans analysés dans la présente étude.

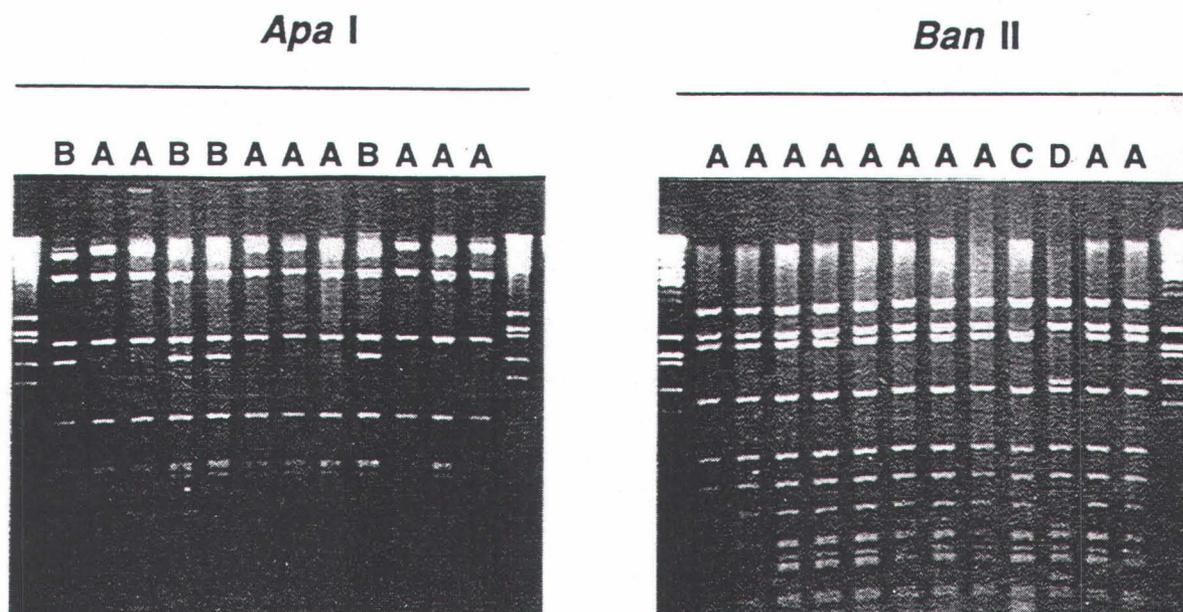
de tailles différentes que l'on peut séparer et visualiser. Dans la présente étude, les fragments ont été séparés en faisant migrer les échantillons digérés à travers un gel d'agarose soumis à un courant électrique. La séparation des fragments s'est faite selon leur taille, les petits migrant plus rapidement que les plus grands. Les gels étaient préalablement imprégnés de bromure d'éthidium, ce qui permet la visualisation des fragments par éclairage des gels sur une table à lumière ultra-violet. Le gel éclairé était photographié par une caméra Polaroid. Les photographies des fragments constituaient les données brutes à analyser dont deux exemples sont reproduits à la figure 2.

2.4 Définition des génotypes

L'analyse des données a été effectuée en plusieurs étapes. La première consistait en l'identification des génotypes d'éperlan. Pour ce faire, les patrons de fragments ont été définis pour chacun des 12 enzymes utilisés. Un patron de fragments consiste en une combinaison particulière de fragments produite par la digestion d'un enzyme donné (figure 2). Par convention, une lettre différente a été assignée pour chacun des patrons de fragments d'un enzyme donné et ce pour les 12 enzymes utilisés. Ainsi, le génotype de chaque poisson analysé était défini par un code de 12 lettres, correspondant au patron de fragments observé pour chacun des 12 enzymes.

2.5 Différenciation des populations

La différenciation génétique des populations a été établie par l'analyse de la diversité et de l'abondance relative des génotypes dans chacune d'elles.



Les fragments sont séparés selon leur taille, du haut vers le bas (du plus grand fragment au plus petit). Pour chaque photographie de gel, les colonnes aux extrémités gauche et droite représentent des standards. Les 12 autres colonnes représentent autant d'échantillons d'ADNmt d'Éperlan digérés avec le même enzyme. Les patrons de fragments différents sont identifiés par des lettres différentes. Photo gauche: éperlans du Ruisseau de l'Église; photo droite: éperlans de la Rivière Ouelle.

Figure 2. Exemple de patrons de fragments d'ADNmt de l'Éperlan arc-en-ciel.

Premièrement, la diversité génétique (h) de chaque échantillon a été estimée selon la formule de Nei et Tajima (1981):

$$h = \frac{1}{n-1} \left\{ n \left(1 - \sum_{i=1}^l x_i^2 \right) \right\}$$

où x_i est la fréquence du $i^{\text{ème}}$ génotype dans un échantillon de n individus et l est le nombre total de génotypes observé dans l'échantillon. La valeur de h varie entre 0 et 1, 0 correspondant à la situation où tous les individus ont le même génotype et inversement, 1 est observé quand tous les individus analysés ont un génotype différent.

La fréquence de distribution des génotypes parmi les trois populations a été comparée par une analyse de chi-carré ($\alpha = 0,05$). Une différence statistique significative de la distribution des génotypes implique une séparation des populations. L'absence de différence suggère à l'inverse un mélange des populations.

2.6 Effet de la taille de l'échantillon

Finalement, afin d'estimer si l'approche analytique utilisée était appropriée pour détecter tous les génotypes présents dans chaque population, l'approche combinatoire décrite par Bernatchez et al. (1989) a été appliquée. Cette méthode consistait en l'estimation de la relation entre le nombre de génotypes détectés et la taille de l'échantillon d'une part, et le nombre de fragments analysés d'autre part. Pour l'estimation de l'effet de la taille de l'échantillon, nous avons repigé au hasard 3, 6, 9, 12, ..., 36 individus dans chaque population et noté le nombre de génotypes détectés à chaque augmentation. Cette pige a été répétée 10 fois pour chaque augmentation. Pour l'estimation de l'effet du nombre de fragments, nous avons pigé au hasard 2, 4, 6, 8, 10 et 12 enzymes et évalué le nombre de génotypes définis à chaque

augmentation puis répété l'opération 10 fois. Parce que chaque enzyme générait un nombre différent de fragments, le nombre d'enzymes pigés était transformé en nombre de fragments. Le but final de l'application de cette méthode était d'établir les relations graphiques du nombre de génotypes détectés en fonction de la taille de l'échantillon et du nombre de génotypes.

3. RÉSULTATS

3.1 Définition des génotypes

Les 12 enzymes de restriction ont généré un total de 175 fragments différents et une moyenne de 102 fragments par individu. L'analyse a de plus révélé beaucoup de variabilité génétique au sein de chacun des échantillons. Au total, 41 génotypes ont été identifiés parmi les 108 poissons analysés (tableaux 1 et 2). L'abondance de chacun des génotypes était très variable, trois d'entre eux étant plus fréquents. Ainsi, le génotype 1 composait à lui seul 40% de tous les individus. Les deux autres génotypes les plus abondants représentaient 10.2% (génotype 28) et 8.33% (génotype 14) de l'échantillon total. La majorité de tous les autres génotypes ont été observés pour un seul individu.

3.2 Différenciation des populations

Une différence marquée a été observée dans le nombre de génotypes entre les échantillons (tableau 1). Alors que les éperlans de Beaumont et Rivière-Ouelle étaient très similaires (13 et 14 génotypes respectivement), le nombre de génotypes dans l'échantillon de la Baie des Chaleurs était nettement supérieur (24 génotypes). La même tendance a été observée dans les valeurs d'indice de diversité génétique (tableau 1). Alors que Beaumont et Rivière-Ouelle étaient pratiquement semblables (0.73 et 0.75), la diversité pour la Baie des Chaleurs était nettement supérieure (0.95).

Une différence significative ($p = 0.028$) dans la distribution de fréquence des génotypes a été observée parmi les trois populations (tableau 3). Cependant le test de chi-carré peut être non valide étant donné que 50% des cellules ont des

Tableau 1. Lieu et date de capture, taille des échantillons, nombre de géotypes d'ADNmt observés et diversité génétique (h) des populations d'éperlans étudiées.

| SITE | DATE | n | NOMBRE DE GÉOTYPES | DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE (h) |
|------------------------------|----------|----|--------------------|-------------------------|
| Beaumont | 30-04-90 | 36 | 13 | 0.73 |
| Rivière-Ouelle | 01-05-90 | 36 | 14 | 0.75 |
| Baie des Chaleurs (Carleton) | 28-05-90 | 36 | 24 | 0.95 |

Tableau 2. Description des génotypes d'ADNmt et fréquence pour chaque génotype observé parmi les éperlans de Beaumont, Rivière-Ouelle et Baie des Chaleurs.

| GÉNOTYPE ¹ | # DU GÉNOTYPE | FRÉQUENCE D'OCCURENCE DU GÉNOTYPE | | | |
|-----------------------|---------------|-----------------------------------|--------------|--------------------|-----------------------|
| | | n | | | |
| | | TOTAL (1+2+3) | (1) BEAUMONT | (2) RIVIÈRE-OUELLE | (3) BAIE DES CHALEURS |
| AAAAAAAAAAAA | 1 | 43 | 18 | 18 | 7 |
| AAAAAAAAAAAAAB | 2 | 1 | 1 | | |
| AAAAAAAAAAAAFA | 3 | 1 | | 1 | |
| AAAAAAAAAAAAIA | 4 | 1 | | | 1 |
| AAAAAAAAAAAACAA | 5 | 1 | | | 1 |
| AAAAAAAAAADAA | 6 | 1 | | | 1 |
| AAAAAAAAABAACA | 7 | 3 | 1 | 2 | |
| AAAAAABAAAAA | 8 | 1 | | | 1 |
| AAAAABAAAAAA | 9 | 1 | | 1 | |
| AAAAACAAAAAA | 10 | 1 | | | 1 |
| AAAACAAAAAAA | 11 | 1 | 1 | | |
| AAAAEAAAAAAA | 12 | 1 | | | 1 |
| AAAAHAAAAAAA | 13 | 1 | | | 1 |
| AACAAAAAAA | 14 | 9 | 2 | 2 | 5 |
| AACAAAAAABAA | 15 | 2 | 1 | | 1 |
| AACAABAAAAAA | 16 | 1 | 1 | | |
| AACAADAAAAAA | 17 | 1 | | | 1 |
| AACAEAAAAAAA | 18 | 1 | | 1 | |
| AACAGAAAAAHA | 19 | 1 | | | 1 |
| AAFAAAAAAA | 20 | 1 | | 1 | |
| AAGAAAAAAA | 21 | 1 | | 1 | |
| AAIAAAAAAAA | 22 | 1 | | | 1 |
| AAKAAAAAAA | 23 | 1 | | | 1 |
| ABEAAAAAAAEA | 24 | 1 | 1 | | |
| ACCAAAAAAA | 25 | 1 | 1 | | |
| ADAAAAAAA | 26 | 1 | | 1 | |
| ADAAAAAAAF | 27 | 1 | | | 1 |
| BABABAAAABBA | 28 | 11 | 6 | 2 | 3 |
| BABABAAAABDA | 29 | 3 | 1 | 2 | |
| BABABAAAABGA | 30 | 1 | | 1 | |
| BABABAAAABJA | 31 | 1 | | | 1 |
| BABABAAAABBA | 32 | 1 | 1 | | |
| BABAJAAAABBA | 33 | 1 | | | 1 |
| BADABAAAABBA | 34 | 1 | | | 1 |
| BADADAAAABBA | 35 | 2 | | 2 | |
| BADALAAAABBA | 36 | 2 | 1 | | 1 |
| BADAMAAAABBA | 37 | 1 | | | 1 |
| BAHAIAAAAABBA | 38 | 1 | | | 1 |
| CAAAABAAAAAA | 39 | 1 | | 1 | |
| DAAAFAAAAAAA | 40 | 1 | | | 1 |
| EAJAKAAAAAAA | 41 | 1 | | | 1 |

¹ Les génotypes sont définis par un code de 12 lettres correspondant au patron de fragment observé pour chacun des 12 enzymes de restriction utilisés. Les enzymes sont par ordre, de gauche à droite; *ApaI*, *AvaI*, *AvuI*, *BanI*, *BanII*, *BglI*, *BstEII*, *DraI*, *EcoRV*, *HindI*, *NciI*, *PstI*.

Tableau 3. Analyse de chi-carré de la distribution de fréquence des génotypes d'ADNmt de Beaumont, Rivière-Ouelle et Baie des Chaleurs.

| SITE | GÉNOTYPE ¹ | | | |
|-------------------|-----------------------|-------|---------|---------|
| | 1 | 14 | 28 | autres |
| Beaumont | 18 (14.3) | 2 (3) | 6 (3.6) | 10 (15) |
| Rivière-Ouelle | 18 (14.3) | 2 (3) | 2 (3.6) | 14 (15) |
| Baie des Chaleurs | 7 (14.3) | 5 (3) | 3 (3.7) | 21 (15) |

$$\chi^{20.005} = 14.12, \quad 0,025 < P < 0.05 \quad (p = 0.028)$$

¹ Les génotypes 1, 14 et 28 ont été analysés individuellement alors que les autres génotypes ont été regroupés dû à leur faible abondance. Les valeurs entre parenthèses correspondent aux fréquences théoriques attendues.

fréquences théoriques attendues inférieures à 5¹. Si on refait l'analyse en regroupant le faible nombre de spécimens de génotype 14 avec les génotypes "autres", on augmente les fréquences théoriques attendues dans chacune des cellules du tableau de contingence, ce qui améliore la validité du test (33% des cellules ont une valeur théorique attendue inférieure à 5). On observe que l'assurance d'une différence entre ces trois échantillons s'accroît ($p = 0.008$).

En examinant de plus près le tableau 3, il devient apparent que la distribution de fréquence des génotypes dans l'échantillon de la Baie des Chaleurs diffère substantiellement de celle de Beaumont et de celle de Rivière Ouelle, particulièrement pour l'abondance du génotype I qui est beaucoup moins abondant que dans les deux autres échantillons. En fait, si on regroupe les spécimens de Rivière-Ouelle avec ceux de Beaumont et on compare alors la distribution de fréquence des génotypes 1, 28 et "autres", on observe une différence significative ($p = 0.004$).

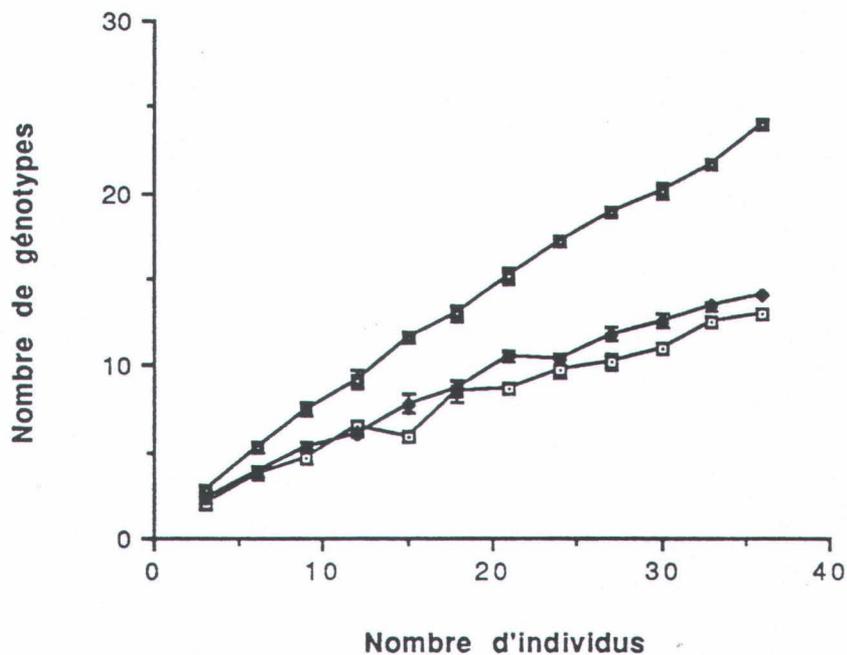
De plus, les échantillons de Beaumont et de Rivière-Ouelle sont très similaires et si on compare entre eux les fréquences d'occurrence des génotypes 1, 28 et "autres", il ne semble pas y avoir de différence ($p = 0.276$). Cependant, 33% des cellules ont des fréquences théoriques attendues inférieures à 5, ce qui peut rendre le test chi-carré non valide.

3.3 Effet de la taille de l'échantillon

L'analyse combinatoire a révélé que la relation entre le nombre de génotypes identifiés et le nombre d'individus analysés augmentait de façon quasi linéaire pour les trois populations (figure 3) quand l'échantillon est petit. Il semble donc qu'il aurait

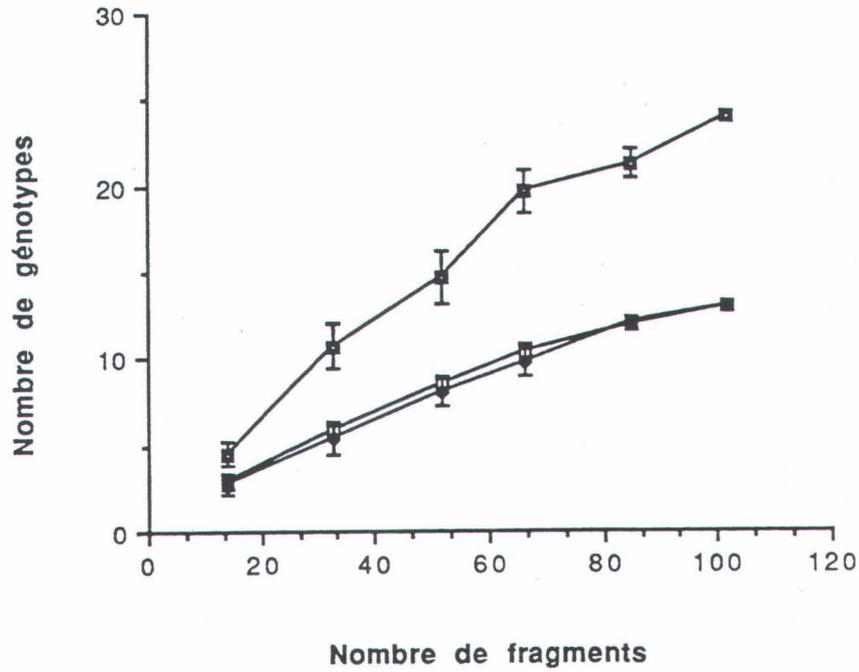
¹ On considère que le test est valide lorsque pas plus de 20% des cellules ont une fréquence théorique attendue inférieure à 5.

fallu échantillonner plus de 36 individus pour détecter la totalité des génotypes dans chaque population. Par contre, il est aussi évident que les relations entre le nombre de génotypes et la taille de l'échantillon sont comparables pour les échantillons de Beaumont et Rivière-Ouelle mais que ces relations diffèrent substantiellement de celle de Baie des Chaleurs. De la même façon, les relations entre le nombre de génotypes et le nombre de fragments étaient très similaires pour les échantillons de Beaumont et Rivière-Ouelle mais nettement différentes pour la population de Baie des Chaleurs (figure 4).



Les barres verticales correspondent à l'erreur standard.

Figure 3. Effet de la taille de l'échantillon sur le nombre de génotypes d'ADNmt détectés parmi les éperlans capturés à Beaumont (□), Rivière-Ouelle (●) et dans la Baie des Chaleurs (■) en avril et mai 1990.



Les barres verticales correspondent à l'erreur standard

Figure 4. Effet du niveau de résolution (nombre de fragments d'ADNmt analysés) sur le nombre de génotypes d'ADNmt détectés parmi les éperlans capturés à Beaumont (□), Rivière-Ouelle (●) et dans la Baie des Chaleurs (■) en avril et mai 1990.

4. DISCUSSION

Les différences dans le nombre de génotypes, l'indice de diversité de chaque échantillon, les relations entre le nombre de génotypes, la taille de l'échantillon et le nombre de fragments de même que l'analyse statistique de la distribution de fréquence des génotypes indiquent que l'échantillon de la Baie des Chaleurs est distinct des deux autres échantillons. Les reproducteurs frayant à la Baie des Chaleurs proviennent donc d'une population génétiquement différenciée de ceux provenant des deux autres endroits. De plus, autant ces différences sont marquées entre les échantillons provenant de la Baie des Chaleurs et de l'estuaire sud (Beaumont et Rivière-Ouelle), autant les rivières de l'estuaire montrent des différences minimales entre elles.

Différentes raisons peuvent être invoquées a priori pour expliquer l'absence de différenciation entre ces deux échantillons; (1) l'effet stochastique inhérent à tout échantillonnage, (2) des génotypes anciens et communs à toutes les rivières de l'estuaire sont demeurés également distribués suite à l'isolement des populations, (3) l'homogénéité des échantillons reflète l'absence réelle de séparation et le mélange génétique entre les éperlans frayant dans les deux rivières.

Cette étude ne permet pas d'éliminer complètement les deux premières explications. Ainsi, l'analyse combinatoire a démontré que plus de génotypes auraient été identifiés en augmentant la taille de l'échantillon (figure 3). La taille des échantillons était tout de même suffisante pour différencier la population de la Baie des Chaleurs en utilisant le même plan d'échantillonnage et le même niveau de résolution que pour les deux autres échantillons.

La meilleure explication semble donc que l'absence de différenciation des échantillons de Beaumont et Rivière-Ouelle résulte du mélange génétique des éperlans frayant dans les deux rivières, autrement dit qu'ils font partie d'une même population.

Ces résultats appuyant l'existence d'une population homogène dans l'estuaire sud sont en accord avec les études des caractéristiques biologiques des éperlans du fleuve Saint-Laurent. Ainsi, la comparaison des tailles des éperlans capturés en différents points du fleuve, de Neuville à Matane, n'a pas permis de conclure à l'existence de populations différenciées (Magnin et Beaulieu 1965). Suite à l'analyse des caractères méristiques et parasitaires, Fréchet et al. (1983a, 1983b) ont conclu que les éperlans de l'estuaire moyen du Saint-Laurent faisaient partie d'une seule population. L'étude des caractères de croissance et de fécondité des éperlans de Beaumont et de Rivière-Ouelle par Giroux et al. (1990) a également révélé une absence de différenciation des reproducteurs de ces deux rivières.

Toutes ces observations corroborent les théories courantes relativement à l'évolution des populations de poissons marins. Selon Sinclair (1988), deux facteurs sont essentiels pour le maintien de populations distinctes; (1) la propension de retour au site natal des adultes pour la reproduction, année après année (homing), (2) l'existence de structures océanographiques et géographiques dans lesquelles les jeunes stades peuvent survivre et se maintenir par des mécanismes passifs et comportementaux. Selon cette théorie, le nombre de populations de poissons n'est pas directement fonction du nombre de sites de fraie (du nombre de tributaires pour les espèces anadromes) mais plutôt du nombre d'aires de rétention favorisant la survie des jeunes stades de poisson.

Dans le cas de l'éperlan, il n'existe pas d'évidence que les adultes du fleuve Saint-Laurent retournent frayer à la même rivière année après année. Des 2 387 éperlans marqués dans la rivière Boyer, aucun n'a été recapturé dans cette même rivière

l'année suivante. Ces travaux intensifs de marquage ont démontré que la majorité des éperlans adultes étaient recapturés entre 80 et 160 km du site de marquage (Vladykov et Michaud 1957, Magnin et Beaulieu 1965). Les auteurs ont conclu qu'un mélange des reproducteurs s'opérait tout au long du fleuve.

De plus, l'étude des mouvements larvaires aux rivières Boyer et Ouelle n'a révélé aucune évidence de rétention larvaire entre les frayères et l'embouchure de la rivière (Ouellet et Dodson 1985a, 1985b). Plutôt, les larves sont mélangées aux eaux estuariennes à toutes les 24h suivant l'éclosion et s'accumulent dans la région nord de l'estuaire moyen. Les larves semblent capables de se maintenir dans cette aire de rétention par des mécanismes passifs et actifs, ces dernières ne se retrouvant pas en aval de l'Île-aux-Coudres (Able 1978, Laprise et Dodson 1989).

Ces observations appuient l'hypothèse voulant que tous les éperlans de l'estuaire du Saint-Laurent forment une seule population, ne migrant pas à une rivière natale spécifique mais à l'aire géographique de rétention des jeunes que constitue l'estuaire moyen. Les résultats de la présente étude, de même que ceux de Magnin et Beaulieu (1965) et Fréchet et al. (1983a, 1983b) suggèrent de plus que la Baie des Chaleurs constitue une autre aire de rétention des jeunes qui différencie les éperlans de cette région en une population distincte.

4.1 Implications pour la réhabilitation de la rivière Boyer

Du point de vue de la conservation et de la gestion efficace d'une espèce, il est primordial de définir le nombre de populations qui la composent afin de gérer chaque population individuellement (MacLean et Evans 1981). Les résultats de la présente étude appuient fortement l'hypothèse voulant que les éperlans frayant de Rivière-Ouelle à Beaumont constituent une seule population. Conséquemment, ces résultats suggèrent que les éperlans qui remontaient frayer dans la rivière Boyer ne

provenaient pas d'une population génétiquement distincte des éperlans remontant les autres tributaires.

S'il ne s'agit que d'une seule et même population, pourquoi la rivière Boyer serait-elle la seule à être désertée?

Deux explications sont possibles. Premièrement, parce qu'il n'a pas été possible d'analyser des éperlans capturés dans la rivière Boyer même, on ne peut rigoureusement exclure la faible possibilité que ceux-ci représentaient une population distincte. Comme de très rares individus adultes s'aventurent encore dans la rivière au moment de la fraie (Giroux et al. 1990), un effort de pêche intensif pourrait être déployé au cours d'une prochaine montaison afin de capturer et analyser des éperlans de la rivière. Une deuxième explication plus probable serait que la montaison des éperlans soit freinée à l'embouchure de la rivière Boyer. Sans rejeter certaines autres explications possibles du déclin de l'éperlan, Trecia et al. (1989) ainsi que Robitaille et Vigneault (1990) ont suggéré qu'une détérioration de l'habitat de fraie de la rivière Boyer soit la principale cause de la baisse d'abondance de l'espèce dans ce cours d'eau depuis 20 ans. Si tel est le cas, il est théoriquement possible que les éperlans puissent détecter dès l'embouchure de la rivière Boyer, par des stimuli physiques, chimiques ou autres, que la rivière n'est pas convenable pour la fraie. À la lumière des résultats obtenus dans la présente étude, cette deuxième explication apparaît la plus plausible.

En conclusion, les résultats de la présente étude ajoutent à l'évidence que les éperlans de la rivière Boyer n'étaient pas génétiquement différenciés de ceux remontant la Rivière-Ouelle ou le ruisseau de l'Église à Beaumont. Ceci implique que si la détérioration de l'habitat est la cause première du déclin de la population, il semble que la recolonisation naturelle ou artificielle de la rivière Boyer par les éperlans sera vouée au succès suivant des travaux de correction et de restauration

de la rivière. De plus, toute mesure favorisant les éperlans frayant dans les autres rivières de l'estuaire aidera la population du sud de l'estuaire sans en menacer l'intégrité génétique.

REMERCIEMENTS

Je tiens à remercier sincèrement le Docteur Julian Dodson, professeur de biologie à l'Université Laval qui a assumé le support logistique des analyses de restriction de l'ADNmt. Mes remerciements s'adressent également à Marie Giroux, biologiste, Ann-Marie Savaria, Raymond Bossé, Clément Caron, Donald Carrier, Gaston Picard et Paul Beauchemin qui ont capturé les éperlans nécessaires à l'analyse. Guy Trencia, Guy Verreault et Fay Cotton, biologistes au MLCP ont assumé la coordination et l'édition du rapport. Jocelyne Beauchemin, secrétaire au MLCP, a révisé le rapport.

LISTE DES RÉFÉRENCES

- ABLE, K. W. 1978. Ichthyoplankton of the St. Lawrence estuary: composition, distribution, and abundance. *J. Fish. Res. Board Can.* 35: 1518-1531.
- BENTZEN P., G. G. BROWN, and W. C. LEGGETT. 1989. Mitochondrial DNA polymorphism, population structure and life history variation in american shad (*Alosa sapidissima*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 46: 1446-1454.
- BERNATCHEZ L., L. SAVARD, J. J. DODSON, and D. PALLOTTA. 1988. Mitochondrial DNA sequence heterogeneity among James-Hudson Bay anadromous coregonines. *Finnish Fish. Res.* 9: 17-26.
- BERNATCHEZ L., J. J. DODSON and S. BOIVIN. 1989. Population bottlenecks: influence on mitochondrial DNA diversity and its effect in coregonine stock discrimination. *J. Fish Biol.* 35 (suppl. A): 233-244.
- BERNATCHEZ L., and J. J. DODSON. 1990a. Allopatric origin of sympatric populations of lake whitefish (*Coregonus clupeaformis*) revealed by mitochondrial DNA restriction analysis. *Evolution.* 44. (sous presse).
- BERNATCHEZ, L., and J. J. DODSON. 1990b. Mitochondrial DNA variation among anadromous populations of cisco (*Coregonus artedii*) as revealed by restriction analysis. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 47: 533-543.
- BILLINGTON, N., and P. D. N. HEBERT. 1988. Mitochondrial DNA variation in Great Lakes Walleye (*Stizostedion vitreum*) populations. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 45: 643-654.

- FRÉCHET, A., J.J. DODSON, and H. POWLES. 1983a. Use of variation in biological characters for the classification of anadromous rainbow smelt (Osmerus mordax) groups. *Can J. Fish. Aquat. Sci.* 40: 718-727.
- FRÉCHET, A., J.J. DODSON et H. POWLES. 1983b. Les parasites de l'Éperlan d'Amérique (Osmerus mordax) anadrome du Québec et leur utilité comme étiquettes biologiques. *J. Can. Zool.* 61: 621-626.
- GIROUX, M., G. TRENCIA ET G. VERREAULT. 1990. Étude comparative des caractéristiques biologiques des populations d'Éperlans arc-en-ciel (Osmerus mordax) de la région de Beaumont et de Rivière-Ouelle durant la fraie, 1990. Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, Service de l'Aménagement et de l'exploitation de la Faune, région de Québec.
- LAPRISE, R. and J. J. DODSON. 1989. Ontogeny and importance of tidal vertical migrations in the retention of larval smelt Osmerus mordax in a well-mixed estuary. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 55: 101-111.
- MAGNIN, E. et G. BEAULIEU. 1965. Quelques données sur la biologie de l'Éperlan Osmerus eperlanus mordax (Mitchill) du Saint-Laurent. *Nat. Can.* 92(3-5): 81-105.
- MARCOTTE, A. et J.-L. TREMBLAY. 1948. Notes sur la biologie de l'éperlan Osmerus mordax (Mitchill) de la province de Québec. *Contrib. Stn. biol. Saint-Laurent, Can.* No. 18.
- McLEAN, J. A., and D. O. EVANS. 1981. The stock concept, discreteness of fish stocks and fisheries management. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 38: 1889-1898.

- NEI, M., and F. TAJIMA. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*. 97: 145-163.
- OUELLET, P. and J.J. DODSON. 1985a. Tidal exchange of anadromous rainbow smelt (*Osmerus mordax*) larvae between a shallow spawning tributary and the St. Lawrence estuary. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 42: 1352-1358.
- OUELLET, P. and J.J. DODSON. 1985b. Dispersion and retention of anadromous rainbow smelt (*Osmerus mordax*) larvae in the middle estuary of the St. Lawrence River. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 42: 332-341.
- ROBITAILLE, J.A. et Y. VIGNEAULT. 1990. L'éperlan arc-en-ciel (*Osmerus mordax*) anadrome de l'estuaire du Saint-Laurent: synthèse des connaissances et problématiques de la restauration des habitats de fraie dans la rivière Boyer. *Rapp. manus. can. sci. halieut. aquat.* no 2057: vi + 56 p.
- ROBITAILLE, J.A., F. MARCOTTE ET G. TRENCHIA. 1990. Plan de restauration du bassin versant de la rivière Boyer et de l'habitat de fraie de l'Éperlan arc-en-ciel (*Osmerus mordax*) anadrome. Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, Service de l'aménagement et de l'exploitation de la faune, Direction régionale Québec, *Rapp. tech.* xi + 49 p.
- SINCLAIR, M. 1988. *Marine populations. An essay on population regulation and speciation.* University of Washington Press, Seattle. 252p.
- TRENCHIA, G., G. VERREAULT ET D. CARRIER. 1989. Le passé, le présent et le futur de l'éperlan de l'estuaire, une histoire de disparition ou de restauration. Symposium sur le Saint-Laurent "Un fleuve à reconquérir". Coll. Environnement et Géologie, vol. II, Université de Montréal, p. 471-496.

VLADYKOV, V. D. et A MICHAUD. 1957. Les voyages de l'éperlan. *Actualités marines*, 1(1): 15-19.