

État de santé génétique du chevalier cuivré

Constats et recommandations pour le plan de production



Réalisation

Cette synthèse a été produite par la Direction principale de l'expertise sur la faune aquatique à la suite d'un contrat octroyé au Centre de recherche en écologie de l'Université de Sherbrooke par le ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs (MELCCFP). Ce contrat avait pour objectif d'évaluer la taille efficace de la population du chevalier cuirré et de mettre à jour le plan de reproduction (Bernatchez, 2004) après 20 ans.

Contributeurs du MELCCFP

Guillaume Côté, Direction principale de l'expertise sur la faune aquatique

Marc-Antoine Couillard, Direction principale de l'expertise sur la faune aquatique

Nathalie Tessier, Direction de la gestion de la faune de l'Estrie, de Montréal, de la Montérégie et de Laval

Nathalie Vachon, Direction de la gestion de la faune de l'Estrie, de Montréal, de la Montérégie et de Laval

Illustration en couverture :

Timothé Therrien

Référence à citer :

Ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs (2024). *État de santé génétique du chevalier cuirré*. Gouvernement du Québec.

Dépôt légal – 2024

Bibliothèque et Archives nationales du Québec

ISBN 978-2-555-00041-4 (PDF)

Tous droits réservés pour tous les pays.

© Gouvernement du Québec – 2024

Table des matières

Table des matières	II
Introduction	1
Matériel et méthode	2
Résultats	3
Recommandations	5
Conclusion	6
Références	7

Introduction

La répartition du chevalier cuivré se limite au fleuve Saint-Laurent et à l'embouchure de certains de ses tributaires, dont la rivière Richelieu, qui abrite les deux seules frayères connues et actives de l'espèce.

La rareté de cette espèce, le déclin dans le nombre de captures (notamment dans la rivière Yamaska, où elle est considérée comme disparue) et la force des différentes menaces qui affectent ses habitats ont mené à l'octroi du statut d'espèce « menacée » selon la Loi sur les espèces menacées ou vulnérables (LEMV, LRQ, ch. E-12.01), en 1999, et au statut d'espèce « en voie de disparition » selon la Loi sur les espèces en péril du Canada (LEP, L.C. 2002, ch. 29), en 2007. Afin d'empêcher la disparition de cette espèce et de renverser la tendance à la baisse de ses effectifs, quatre plans de rétablissement ont été rédigés entre 1995 et 2012. Parmi les différentes actions prévues par ces documents, depuis 2004, le MELCCFP mène un programme de reproduction artificielle, basé sur le plan de production de l'espèce (Bernatchez, 2004).

Le présent document a pour objectif de présenter l'état de santé génétique de la population actuelle de chevalier cuivré à la suite des efforts de rétablissement des 20 dernières années. Il est basé sur des analyses réalisées par le D^r Dany Garant et M^{me} Carolyne Houle du Centre de recherche en écologie de l'Université de Sherbrooke (Houle et Garant, 2023; Garant et Houle, 2024) lesquels ont été mandatés par le MELCCFP pour mettre à jour le plan de production et l'état de santé génétique de cette population. Il présente également des recommandations afin de réorienter le programme de reproduction artificielle de l'espèce sur les bases des nouvelles connaissances génétiques acquises.

Matériel et méthode

DONNÉES UTILISÉES

Depuis 1999, le MELCCFP récupère un échantillon génétique de tous les chevaliers cuivrés capturés dans leur aire de répartition lors de différentes activités sur le terrain. Une base de données génétiques a ainsi été créée avec 10 marqueurs microsatellites.

Afin d'évaluer l'état de santé génétique de la population, un sous-échantillon de 369 individus (adultes et subadultes) a été utilisé et les individus ont été regroupés selon leur année de capture pour dégager des tendances temporelles sur trois périodes séparées par approximativement une décennie (tableau 1).

Tableau 1 : Nombre d'individus pour chaque période analysée

Groupe	Période	N ^{bre} d'individus
1	1999-2004	186
2	2008-2013	99
3	2017-2022	84

ANALYSES GÉNÉTIQUES

L'ensemble des analyses de diversité génétique (hétérozygotie, richesse allélique, F_{ST} et F_{IS}) ont été réalisées avec le logiciel R (version 4.2.2, R Core Team, 2022) et inspirées des « packages » adegenet (Jombart, 2008), diveRsity (Keenan et coll., 2013), pegas (Paradis, 2010), poppr (Kamvar et coll., 2014) et PopGenReport (Adamack et Gruber, 2014). Pour l'estimation de la taille efficace, le logiciel NeEstimator V2.01 (Do et coll., 2014) a été utilisé pour les estimations de N_e .

Résultats

DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

La statistique F_{ST} , qui représente un indice de différenciation entre des populations potentielles, a été calculée pour l'ensemble des échantillons. Cette valeur, qui se situe entre 0 et 1, représente la proportion de la diversité génétique totale dans des sous-populations relativement à la diversité génétique totale. Une valeur F_{ST} située près de 0 indique qu'il n'y a pas de sous-structure de groupe dans la population testée (c.-à-d. que l'ensemble de la population se ressemble génétiquement). Au contraire, une valeur F_{ST} élevée indique une sous-structure de groupe à même la population. Dans les analyses visées par le présent document, la valeur F_{ST} était très faible (0,0006 [de -0,0010 à 0,0022]). Il ne semble donc pas y avoir de sous-structure au sein de la population, et il est considéré que tous les individus analysés font partie d'une seule et même population.

La richesse allélique (c.-à-d. le nombre d'allèles standardisé selon la plus petite taille d'échantillon) est généralement utilisée pour évaluer la diversité génétique d'une population. Plus elle est élevée, plus une population présente une grande variété d'allèles. Dans le cas de la présente analyse, la richesse allélique ne semble pas diminuer dans le temps, c'est-à-dire entre le groupe 1 et le groupe 3 (tableau 2).

Tableau 2 : Richesse allélique (intervalle de confiance à 95 %), hétérozygotie attendue (H_e), hétérozygotie observée (H_o) et F_{IS} (intervalle de confiance à 95 %)

Groupe	Période	Richesse allélique [95 % CI]	H_e	H_o	F_{IS} [95CI]
1	1999-2004	12,7 [de 11,8 à 13,8]	0,80	0,77	0,029 [de 0,005 à 0,048]
2	2008-2013	11,8 [de 11,3 à 12,2]	0,80	0,81	-0,017 [de -0,051 à 0,007]
3	2017-2022	12,3 [de 11,5 à 12,9]	0,79	0,81	-0,026 [de -0,070 à -0,003]

Dans le cadre de la présente analyse, le niveau de consanguinité de la population a été déterminé par la statistique F_{IS} , qui s'évalue par le ratio entre l'hétérozygotie attendue et observée (H_e et H_o respectivement). Plus la valeur F_{IS} est élevée et positive, plus la population peut être sujette à la consanguinité. Concernant l'hétérozygotie attendue et observée de la population de chevalier cuivré évaluée, elles sont à la fois similaires entre elles et entre les périodes. Pour ce qui est de la statistique F_{IS} , on remarque qu'elle n'augmente pas au fil du temps, et qu'elle a même tendance à diminuer (tableau 1). Ces valeurs très faibles, et le fait que les intervalles de confiance recoupent 0, indiquent qu'il n'y a pas de consanguinité prononcée dans la population. Il est cependant important de mentionner que la constance de ces variables pourrait être une conséquence du long temps de génération de l'espèce (maturation sexuelle vers 10 ans environ).

Tous ces indices montrent des tendances temporelles stables, indiquant qu'il n'y a pas eu de perte dans la diversité génétique populationnelle au cours des 20 dernières années.

TAILLE EFFICACE DE LA POPULATION

La taille efficace (N_e) représente le nombre d'individus participant au processus reproductif à un moment donné dans une population. Elle a été évaluée séparément pour chaque période à l'aide de la méthode d'estimation basée sur le déséquilibre de liaison (voir Waples & Do, 2008 pour plus de détails).

En bref, la taille efficace estimée pour le premier groupe est de 496 individus (intervalle de confiance, IC : de 346 à 833) (figure 1). Cependant, les estimations de la taille efficace obtenues pour le deuxième groupe (172, IC : de 132 à 239) et le troisième groupe (205, IC : de 143 à 340) sont plus faibles. Il s'agit d'une diminution d'environ 60 % en l'espace d'une décennie. Par contre, la stabilisation de la N_e entre le groupe 2 et le groupe 3 laisse croire que la taille efficace est restée similaire au cours de la dernière décennie.

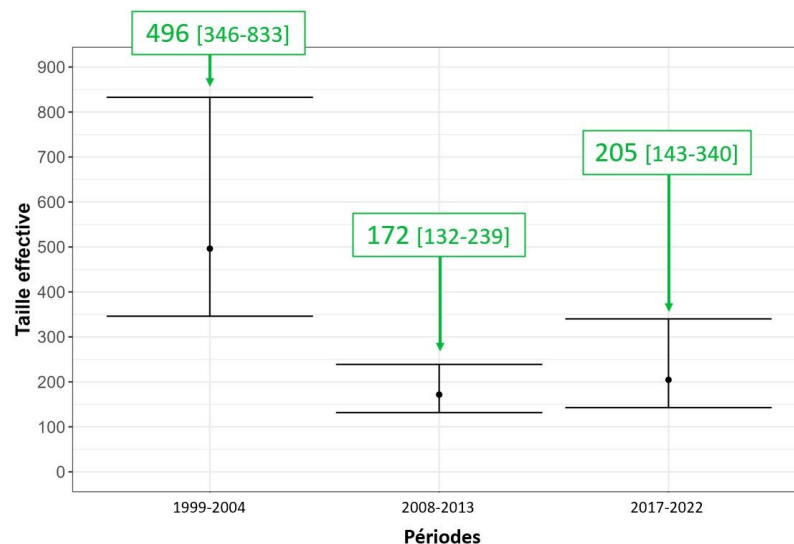


Figure 1 : Taille efficace (N_e) calculée pour les trois groupes de chevaliers cuivrés

Selon les connaissances actuelles en génétique de population, la N_e est l'indicateur de l'état de santé génétique qui répond le plus rapidement aux changements d'abondance d'une population. Ainsi, pour la population de chevalier cuivré, il est attendu que les indicateurs de diversité génétique (richesse allélique, hétérozygotie et F_{IS}) évoluent à la baisse au cours des prochaines années si la valeur de la N_e n'augmente pas.

La taille efficace de la population a subi une diminution de près de 60 % entre 2000 et 2010, mais elle semble s'être stabilisée entre 2010 et 2020.

Recommandations

En s'appuyant sur cet état de santé génétique de la population de chevalier cuivré, les conclusions du rapport de Garant et Houle (2023) concernant le plan de reproduction du chevalier cuivré (Bernatchez, 2004) comportent cinq recommandations :

Augmenter le nombre effectif de reproducteurs de chevaliers cuivrés

Les efforts de conservation de la population de chevalier cuivré doivent mener à une augmentation significative du nombre effectif de reproducteurs, tout en maintenant la diversité génétique de l'espèce. Il est à noter qu'une valeur de N_e qui se rapproche de 100 est considérée comme une valeur minimale viable pour une population et qu'une cible de 1 000 serait préférable pour la survie à long terme de cette espèce.

Éviter les croisements entre individus apparentés

Dans l'optimisation du programme de reproduction artificielle, une attention particulière doit être portée pour ne croiser que des individus qui permettent de maintenir une bonne diversité génétique. Le pedigree de chaque individu utilisé en reproduction artificielle devrait donc être connu au préalable, sinon, il est risqué d'augmenter le niveau de consanguinité dans la population. Une gestion efficace de la diversité génétique et des croisements de type factoriel complet (où tous les individus d'un sexe sont croisés avec tous les individus de l'autre sexe), effectués en tenant compte de l'apparentement entre géniteurs, est donc à préconiser.

Augmenter de façon significative le nombre de géniteurs participant à la reproduction artificielle chaque année

Un nombre inférieur à 30 reproducteurs croisés (15 mâles et 15 femelles) ne permet pas de maintenir une diversité génétique comparable à la population naturelle actuelle au sein de la population générée par reproduction artificielle. Le MELCCFP doit donc s'assurer d'atteindre ce nombre pour la reproduction artificielle chaque année pour assurer une diversité génétique suffisante.

Revoir les cibles d'ensemencement

Les cibles d'ensemencement présentées dans Bernatchez (2004) doivent être réévaluées afin de garder la contribution des individus ensemencés inférieure à 20 % de la population totale pour limiter les effets négatifs d'un point de vue génétique. Cette réévaluation sera possible en clarifiant les éléments suivants :

- L'effectif total de la population naturelle;
- Le nombre annuel de reproducteurs;
- Le taux de survie de la progéniture ensemencée selon les différents stades de vie.

Maintenir une population « captive » à long terme pour minimiser les risques d'extinction totale et irréversible de l'espèce

Il est recommandé d'avoir en tout temps un nombre d'individus représentatif de la population naturelle en station piscicole, à titre « d'assurance biodiversité ». Cependant, afin de limiter les risques de domestication pour la génétique de cette population « captive », cette dernière devrait être soumise au renouvellement le plus fréquent possible. Cette recommandation devra être maintenue jusqu'au rétablissement de l'espèce.

Conclusion

Le présent document présente les connaissances les plus actuelles dont le MELCCFP dispose sur l'état de la santé génétique de la population de chevalier cuivré. Les analyses ont montré que la population de chevalier cuivré ne souffre pas pour l'instant d'une perte de diversité génétique et qu'elle ne montre pas de signe de consanguinité, malgré une diminution importante de la taille efficace. Cependant, si la taille efficace devait encore diminuer, on devrait s'attendre à observer une diminution de la diversité génétique.

Il est donc nécessaire d'augmenter la taille efficace de la population de chevalier cuivré au cours des prochaines décennies, notamment en poursuivant lesensemencements et en s'assurant de la disponibilité d'habitats de qualité.

Références

Adamack, A. T. et Gruber B. (2014). PopGenReport: Simplifying basic population genetic analyses in R. *Methods in Ecology and Evolution*. 5, 384–387.

Bernatchez, L. (2004). Considérations génétiques et protocole de reproduction relatifs au plan de rétablissement du chevalier cuivré (*Moxostoma hubbsi*). Étude réalisée pour le compte du ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, direction de l'aménagement de la faune de Montréal, de Laval et de la Montérégie, Longueuil et Pêches et Océans Canada, région du Québec, Rapport technique 16-22, viii + 38 p.

Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J. et Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*. 14, 209-214.

Équipe de rétablissement du chevalier cuivré du Québec. (2012). Plan de rétablissement du chevalier cuivré (*Moxostoma hubbsi*) au Québec - 2012-2017, Ministère des Ressources naturelles et de la Faune du Québec, Faune Québec, 55 p.

Garant, D. et Houle, C. (2024). Protocole de reproduction relatif au plan de rétablissement du Chevalier cuivré (*Moxostoma hubbsi*) : mise à jour à l'aide de modélisations des caractéristiques génétiques populationnelles. Étude réalisée pour le Ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs. Rapport technique, 40 p.

Houle, C. et Garant, D. (2023). Rapport d'analyses génétiques sur le Chevalier cuivré (*Moxostoma hubbsi*). Étude réalisée pour le Ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs. Rapport technique, 11 p.

Jombart, T. (2008). Adegenet: An R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*. 24 (11), 1403-1405.

Keenan, K., McGinnity, P., Cross, T. F., Crozier, W. W., et Prodöhl, P. A. (2013). diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*. 4 (8), 782-788.

Kamvar, Z. N., Tabima, J. F., Grünwald, N. J. (2014). Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*. 2: e 281.

Lippé, C., Dumont, P., et Bernatchez, L. (2006). High genetic diversity and no inbreeding in the endangered copper redhorse, *Moxostoma hubbsi* (Catostomidae, Pisces): the positive sides of a long generation time. *Molecular Ecology*. 15 (7), 1769-1780.

Paradis, E. (2010). Pegas: An R package for population genetics with an integrated–modular approach. *Bioinformatics*. 26, 419–420.

R Core Team. (2022). R: A language and environment for statistical computing. R foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>

Waples, R. S. et Do, C. H. I. (2008). LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources*. 8, 753-756.

