

NOTE SYNTHÉTIQUE SUR LES AVANCÉES DU PROJET SAMARCH - DÉVELOPPEMENT DE NOUVEAUX OUTILS GÉNÉTIQUES POUR LA GESTION DES POISSONS MIGRATEURS

Auteur : Sophie LAUNEY, INRAe ESE

Novembre 2020

L'objectif général du projet SAMARCH est de produire de nouvelles données à partir d'opérations pilotes (OP) permettant d'améliorer les outils disponibles pour une gestion adaptative des populations de salmonidés, particulièrement dans les eaux côtières et de transition, afin d'atténuer les effets des changements environnementaux. Dans ce cadre, l'un des modules de travail cherchera, à partir de données génétiques, à identifier les zones principalement utilisées par les truites de mer lors de leur séjour en mer (alimentation, dispersion...).

Cela se fait en plusieurs étapes : (i) Constitution d'une base de données génétiques pour 20 à 30 rivières de chaque côté de la Manche (France et Angleterre), (ii) Utilisation de cette base de données pour identifier l'origine de truites de mer échantillonnées dans les zones côtières, estuariennes ou à l'aval des rivières, (iii) Utilisation de toutes ces informations génétiques pour identifier les chemins les plus 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...).

Pour constituer la base de données, 30 à 40 truites sont échantillonnées pour une trentaine de rivières de la Bretagne aux Hauts de France. Un échantillonnage similaire a lieu sur les côtes anglaises de la Manche. L'ensemble de ces échantillons seront génotypés avec un panel de marqueurs génétiques adaptés à l'étude de la variabilité génétique des truites de la Manche, panel développé spécialement pour le programme.

Bilan des échantillonnages dans les rivières françaises

L'âge visé est juvénile 1+ et/ou 0+. Les sites choisis sont dans la partie aval des rivières, idéalement proches des zones de reproduction des truites de mer, dans tous les cas en aval du premier obstacle infranchissable.





Truite fario 0+ (S. Launey, INRAe)

Entre 2017 et 2019, trois campagnes de pêche électrique ont permis l'échantillonnage de 1142 truites, dans 32 rivières de 9 départements (du Finistère au Pas de Calais, voir carte). Ces campagnes ont été coordonnées à l'aide de BGM et NGM, ainsi que Seinormigr, et réalisées sur le terrain sous contrôle des FDPPMA des départements 29, 22, 35, 50, 14, 27, 76, 80 et 62. En ce qui concerne la Bretagne, les bassins échantillonnés sont ceux de l'Aber-Wrac'h, la Flèche, le Kerallé, le Guillec, le Horn, le Yar, le Léguer, l'Ic, le Frémur et le Couesnon.



Pêche d'échantillonnage de juvéniles de truite fario (0+) sur le bassin du Couesnon (à gauche) et sur le Frémur (à droite) (©S. Launey, INRAe)



Carte des rivières échantillonnées



	Rivières	Nb. Ech.
1	Aber Wrac'h	26
2	Flèche	35
3	Kéralié	44
4	Guillec	37
5	Horn	36
6	Yar	50
7	Léguer	35
8	Ic	38
9	Frémur	29
10	Couesnon	35
11	Sélune	30
12	Sée	38
13	Sienne	34
14	Saire	30
15	Vire	31
16	Seulles	40
17	Orne	33
18	Dives	39
19	Touques	35
20	Seine	63
21	Valmont	30
22	Durdent	26
23	Saône	30
24	Scie	30
25	Arques	77
26	Yères	30
27	Bresle	40
28	Somme	31
29	Authie	14
30	Canche	27
31	Liane	36
32	Slack	33
	Total	1142

Développement du panel de marqueurs

Les marqueurs retenus sont de type SNP (single nucléotide polymorphism). Le panel de marqueurs génétiques a été développé au cours de l'année 2019. Le panel final inclut 431 marqueurs qui ont montré une variabilité génétique satisfaisante dans une analyse préliminaire de 6 populations. Cependant, les analyses génétiques sur l'ensemble des populations a pris du retard, du fait de problèmes techniques inattendus et également du fait de la fermeture des laboratoires en France et GB lors de la pandémie de Covid19. A l'automne 2020 ces analyses sont encore en cours.

