

Thèse présentée par Charles Perrier (UMR INRA Agrocampus Écologie et Santé des Écosystèmes, 65 rue de Saint-Brieuc, 35000 Rennes) le 10 décembre 2010 à 9h00, Amphithéâtre Rieffel, bâtiment 11, Agrocampus Ouest, 65 rue de Saint-Brieuc, 35000 Rennes. Cette thèse a été co-dirigée par Jean-Luc Baglinière, René Guyomard, Guillaume Evanno, et Alain Ourry.

Cette thèse porte sur la structuration génétique des populations françaises de saumon Atlantique. Nous avons notamment étudié l'effet de facteurs environnementaux et des repeuplements sur la distribution spatiale de la diversité génétique. 1739 individus échantillonnés dans 34 rivières et provenant de cohortes anciennes (1965-1987) et récentes (1998-2006) ont été génotypés à 17 marqueurs microsatellites. Les analyses des échantillons récents montrent l'existence de cinq groupes de populations génétiquement et géographiquement distincts. La distance côtière entre les populations ainsi que la longueur des rivières sont deux facteurs fortement corrélés à la différenciation des populations. Le cas de la population de l'axe Loire-Allier suggère une adaptation locale à la difficulté de montaison liée à la grande distance entre les frayères et l'estuaire et illustrée par la grande taille des poissons, leur phénologie de migration particulière, et une forte différenciation de cette population. La comparaison d'échantillons anciens et récents montre d'une façon générale une relative stabilité temporelle de la structure génétique observée associée à une réduction de la différenciation entre les populations. Certaines des variations temporelles observées pourraient être les conséquences d'introgressions des populations natives par celles utilisées lors des repeuplements. Pour certaines rivières dépeuplées et non sujettes au repeuplement, nous avons observé des recolonisations spontanées par des poissons provenant de stocks voisins et distants. Afin de quantifier l'impact des repeuplements dans certaines populations pour lesquelles ces pratiques étaient bien documentées, nous avons développé une approche utilisant des simulations individus centrées temporellement explicites. Cette étude suggère une faible survie des poissons déversés. Enfin, parallèlement aux analyses génétiques, nous avons réalisé des analyses microchimiques sur les otolithes d'une centaine d'individus issus de populations repeuplées. Le couplage d'analyses microchimiques et génétiques a permis de déterminer si les poissons ayant des caractéristiques génétiques de pisciculture provenaient de repeuplement ou de reproduction in natura de poissons précédemment déversés.