

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC

**CARACTÉRISTIQUES GÉNÉTIQUES DES PRINCIPAUX GISEMENTS DE
PÉTONCLE GÉANT (*PLACOPECTEN MAGELLANICUS*) À L'ÉCHELLE DU
GOLFE DU SAINT-LAURENT : ANALYSE À L'AIDE DE MARQUEURS
MICROSATELLITES**

MÉMOIRE

PRÉSENTÉ À

L'UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À RIMOUSKI

comme exigence partielle

du programme de maîtrise en océanographie

PAR

MARC-ANDRÉ ROY

FÉVRIER 2005

MR-00343

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À RIMOUSKI
Service de la bibliothèque

Avertissement

La diffusion de ce mémoire ou de cette thèse se fait dans le respect des droits de son auteur, qui a signé le formulaire « *Autorisation de reproduire et de diffuser un rapport, un mémoire ou une thèse* ». En signant ce formulaire, l'auteur concède à l'Université du Québec à Rimouski une licence non exclusive d'utilisation et de publication de la totalité ou d'une partie importante de son travail de recherche pour des fins pédagogiques et non commerciales. Plus précisément, l'auteur autorise l'Université du Québec à Rimouski à reproduire, diffuser, prêter, distribuer ou vendre des copies de son travail de recherche à des fins non commerciales sur quelque support que ce soit, y compris l'Internet. Cette licence et cette autorisation n'entraînent pas une renonciation de la part de l'auteur à ses droits moraux ni à ses droits de propriété intellectuelle. Sauf entente contraire, l'auteur conserve la liberté de diffuser et de commercialiser ou non ce travail dont il possède un exemplaire.

Je voudrais dédier ce mémoire de maîtrise à mon père décédé le 26 décembre 2000. Je veux te remercier pour tous les petits détails qui me manquent tellement aujourd'hui. Je tiens à respecter tes enseignements et les valeurs que tu as tâché de m'inculquer pendant toutes ces années. J'espère ne pas te décevoir avec ce travail tout comme dans la vie de tous les jours. Les souvenirs des moments passés avec toi sont impérissables...

Je voudrais également partager ce mémoire avec toute ma famille. Ma mère pour son support indéfectible, mon frère pour ce qu'il est et pour m'avoir donné la chance d'être parrain d'une merveilleuse petite puce pendant mon séjour en maîtrise. À ma famille élargie pour leur soutien et leurs encouragements.

REMERCIEMENTS

Je tiens tout d'abord à remercier mon directeur de recherche, Dr Jean-Marie Sévigny, et mes co-directeurs, soit Dr Jean-Pierre Chanut et Dr Réjean Tremblay. Je vous remercie pour vos encouragements, votre dévouement à cette étude, votre patience et de m'avoir fait confiance dès les premiers instants de ce projet.

Je remercie également Éric Parent pour sa terrible efficacité en laboratoire et sa bonne humeur. Mais également pour ses explications parfois rapides, mais tellement utiles. Je tiens également à le remercier pour la production des cartes de ce mémoire. Patrice Goudreau pour tous les petits détails utiles sur la vie trépidante du pétoncle géant, pour l'échantillonnage lors de l'évaluation des stocks et pour la mission dans la baie des Chaleurs en 2002. Toute l'équipe d'échantillonneurs commerciaux de la région du Québec et celle du Golfe (Moniques Niles, Leslie-Anne Davidson et leur équipe).

Il me semble important de souligner l'apport financier au projet des organismes suivants : IMAQUA, PÉTONCLES 2000, PCRDA, MAPAQ, RAQ, le CENTRE AQUACOLE CÔTE-NORD et l'ISMER.

À titre plus personnel, je tiens à remercier Thomas Joly-Mischlich pour la « grandeur » de son travail sur la Basse Côte-Nord. À Jean-François Tessier et Geneviève Oligny-Lompré pour l'assistance et l'ambiance musicale. À Arianne Savoie pour m'avoir remercié... À Oscar Puebla pour les discussions philosophiques lorsqu'il était encore en état de le faire. À Dorothée Picaud, pour son joli sourire et le fait d'être plus petite que moi de quelques centimètres... Je m'en voudrais de passer sous silence l'énorme contribution de Alexandra Valentin dans la métamorphose du petit « magneau »

en quelque chose d'autre... je ne sais pas encore quoi, mais en quelque chose d'autre c'est certain. François Tremblay pour son taille-crayon électrique. À ma Sonia adorée pour l'ensemble de son œuvre et ses magnifiques yeux bleus. Il ne faut surtout pas oublier le petit géranium... Les vendredis « McDo-Gâteau » pour entretenir l'atmosphère du laboratoire et pour maintenir un minimum de cholestérol dans mon organisme... Il ne faut pas oublier tous ceux qui de près ou de loin ont contribué à mon bien être pendant tout ce temps. Je tiens également à remercier tous ceux qui ont fait appel au service de la « Macmobile » pour leur transport entre Rimouski et l'IML pour m'avoir permis de réduire mes frais de déplacements quotidiens, grâce à vous j'ai pu manger un peu...

Ma mère, mon frère et ma famille toute entière pour leurs encouragements, leur intérêt et leur support. La petite puce de mon frère pour m'avoir redonné le sourire aussi facilement.

Enfin, MERCI à tout le monde... ou presque pour m'avoir pris pour moi-même...

RÉSUMÉ

La variabilité génétique, ainsi que la différenciation génétique, du pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) issu de 18 gisements représentant quatre régions du golfe du Saint-Laurent et d'un gisement des États-Unis ont été évaluées à l'aide de six marqueurs microsatellites. La variabilité génétique a été testée au niveau temporel et au niveau spatial à deux échelles, soit : celle des bancs (grande échelle) et celle des gisements (mésos-échelle). La variabilité génétique des différents gisements étudiés est élevée. Aucune différence génétique n'a pu être décelée entre les classes d'âge des gisements de Chandler et de Bonaventure dans la baie des Chaleurs ($F_{st} = -0,001$). La différenciation génétique chez le pétoncle géant semble s'effectuer au niveau régional plutôt qu'au niveau des gisements eux-mêmes malgré le fait que des différences génétiques ont été détectées entre certains gisements d'une même région. En effet, les gisements de la région de la baie des Chaleurs, des Îles-de-la-Madeleine et de la région du sud du Golfe forment un bloc homogène ($F_{st} = 0,0009$) suggérant que le flux génique par la dispersion larvaire est importante. Par contre, le gisement de la Chaîne de la Passe est faiblement différencié des autres gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine. La plupart des gisements de la Basse Côte-Nord se différencient génétiquement entre eux (F_{st} global = 0,002, $p = 0,0013$). Ces résultats pourraient s'expliquer par des patrons de circulation locaux favorisant la rétention larvaire dans de petites baies fermées. La taille efficace de la population pourrait également jouer un rôle dans cette région. En regroupant les gisements par région, la région de la Basse Côte-Nord est systématiquement différente des autres régions du Golfe et de l'échantillon de la baie de Chesapeake. Lorsque les analyses sont effectuées à partir des quatre microsatellites qui montrent le moins de déficit en hétérozygotes ou dont la structure moléculaire est moins complexe, la baie de Chesapeake a tendance à se différencier des autres régions à l'étude.

TABLE DES MATIÈRES

TITRE	I
REMERCIEMENTS.....	II
RÉSUMÉ.....	IV
TABLE DES MATIÈRES	V
LISTE DES TABLEAUX	VII
LISTE DES FIGURES.....	XI
LISTE DES ANNEXES	XV
CHAPITRE I INTRODUCTION	1
CHAPITRE II MATÉRIEL ET MÉTHODES.....	11
2.1 ÉCHANTILLONNAGE.....	11
2.2 DISSECTION DES SPÉCIMENS ET PRÉSERVATION DES TISSUS	12
2.3 DÉTERMINATION DE L'ÂGE DE CHAQUE INDIVIDU.....	13
2.4 SÉLECTION DES INDIVIDUS POUR LES ANALYSES GÉNÉTIQUES	17
2.5 EXTRACTION DE L'ADN À PARTIR DU TISSU MUSCULAIRE.....	17
2.6 ANALYSES GÉNÉTIQUES.....	18
2.7 ANALYSES STATISTIQUES.....	20
2.7.1 Déséquilibre de liaison.....	21
2.7.2 Caractéristiques génétiques des gisements ou classes d'âge.....	21
2.7.3 Variation génétique entre les gisements ou entre les classes d'âge	22
2.7.4 Organisation spatiale ou des classes d'âge.....	23
CHAPITRE III RÉSULTATS	25
3.1 DÉSÉQUILIBRE DE LIAISON.....	25
3.2 CARACTÉRISATION ET DIFFÉRENCIATION GÉNÉTIQUE DES CLASSES D'ÂGE.....	25
3.2.1 <i>Gisement de Chandler (baie des Chaleurs)</i>	25
3.2.1.1 Variabilité génétique intra-classe d'âge.....	26
3.2.1.2 Différenciation génétique entre les classes d'âge	32
3.2.1.3 Organisation des classes d'âge	33
3.2.2 <i>Gisement de Bonaventure (baie des Chaleurs)</i>	34

3.2.2.1	Variabilité génétique intra-classe d'âge.....	34
3.2.2.2	Différenciation génétique entre les classes d'âge	39
3.2.2.3	Organisation des classes d'âge	39
3.3	DIFFÉRENCIATION GÉNÉTIQUE ENTRE LES GISEMENTS DE CHAQUE RÉGION	42
3.3.1	<i>Gisements de la baie des Chaleurs</i>	43
3.3.1.1	Variabilité génétique intra-gisement.....	44
3.3.1.2	Différenciation génétique entre les gisements	49
3.3.2	<i>Gisements des Îles-de-la-Madeleine</i>	50
3.3.2.1	Variabilité génétique intra-gisement.....	50
3.3.2.2	Différenciation génétique entre les gisements	56
3.3.3	<i>Gisements au sud du Golfe</i>	56
3.3.3.1	Variabilité génétique intra-gisement.....	57
3.3.3.2	Différenciation génétique entre les gisements	63
3.3.4	<i>Gisements de la Basse Côte-Nord</i>	63
3.3.4.1	Variabilité génétique intra-gisement.....	64
3.3.4.2	Différenciation génétique entre les gisements	70
3.3.5	<i>Comparaison entre les 19 gisements</i>	70
3.3.6	<i>Organisation spatiale</i>	71
3.3.7	<i>Regroupement par région</i>	74
3.3.7.1	Variabilité génétique intra-région.....	77
3.3.7.2	Différenciation génétique entre les régions	81
3.3.8	<i>Comparaison géographique à l'aide de quatre microsatellites</i>	82
	CHAPITRE IV DISCUSSION	86
4.1	VARIATION GÉNÉTIQUE DES CLASSES D'ÂGE	86
4.2	VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE AU NIVEAU DES GISEMENTS ET DES RÉGIONS	88
4.3	VARIATION DANS LE SUCCÈS REPRODUCTEUR	96
4.4	DÉFICIT EN HÉTÉROZYGOTES	97
4.5	TRANSFERT D'INDIVIDUS ENTRE RÉGIONS.....	101
	CHAPITRE V CONCLUSION	104
	BIBLIOGRAPHIE	106

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1.	Caractéristiques des échantillons de pétoncles géants (<i>Placopecten magellanicus</i>) des 19 gisements de l'étude. F = femelle, M = mâle, I = indéterminé. Taille moyenne en millimètres (écart type) et poids moyen en grammes (écart type) des individus. ND = non disponible.	15
Tableau 2.	Effectifs analysés à l'aide des marqueurs microsatellites en fonction des gisements et des années de naissance.....	15
Tableau 3.	Caractéristiques des loci microsatellites développés par Gjetvaj <i>et al.</i> (1997) pour <i>Placopecten magellanicus</i> utilisés pour la caractérisation génétique du pétoncle géant en provenance du golfe du Saint-Laurent.....	18
Tableau 4.	Définition des catégories (pb) permettant l'identification des allèles pour chaque locus de <i>Placopecten magellanicus</i>	20
Tableau 5.	Résultats des tests de déséquilibre de liaison pour chaque paire de loci, dont la probabilité est significative ($p < 0,05$).	26
Tableau 6.	Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total de la classe d'âge, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par classe d'âge, Fis moyen et nombre total d'allèles par classes d'âge chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour les différentes classes d'âge du gisement de Chandler; baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0012$). E.T. = Écart type.....	29
Tableau 7.	Résultats des comparaisons des valeurs de Fst entre les paires de classes d'âge pour le gisement de Chandler (baie des Chaleurs). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$	32
Tableau 8.	Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total de la classe d'âge, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par classe d'âge, Fis moyen et nombre total d'allèles par classes d'âge chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure; baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0017$). E.T. = Écart type.....	36

Tableau 9.	Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de classes d'âge pour le gisement de Bonaventure (baie des Chaleurs). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$.	40
Tableau 10.	Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les différentes classes d'âge pour la région de la baie des Chaleurs. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$.	43
Tableau 11.	Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(tot)}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique F_{is} , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, F_{is} moyen et nombre total d'allèles par gisement chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour les gisements de la baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0014$). E.T. = Écart type.	46
Tableau 12.	Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de gisements pour la région de la baie des Chaleurs. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0033$. BV = Bonaventure, CH = Chandler, GC, Gascons, PB = Paspébiac, PC = Percé et SP = Pointe Saint-Pierre.	50
Tableau 13.	Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(tot)}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique F_{is} , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, F_{is} moyen et nombre total d'allèles par gisement chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour les gisements des Îles-de-la-Madeleine; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.	53
Tableau 14.	Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de gisements pour la région des Îles-de-la-Madeleine. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CDLP = Chaîne de la Passe, DM = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Sud-Ouest et ML = Millerand.	56
Tableau 15.	Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(tot)}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique F_{is} , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, F_{is} moyen et nombre total d'allèles par gisement chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour	

les gisements du Sud du Golfe; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.....	59
Tableau 16. Résultats des comparaisons des valeurs de <i>Fst</i> entre les paires de gisements pour la région du Sud du Golfe. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CT = Cap Tourmentine, MU = Murray Harbour, VC = Val-Comeau et WP = West Point.	63
Tableau 17. Nombre d'individus analysés (<i>N</i>), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>), richesse allélique, statistique <i>Fis</i> , <i>Ntotal</i> = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, <i>He</i> moyen et <i>Ho</i> moyen par gisement, <i>Fis</i> moyen et nombre total d'allèles par gisement chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour les gisements de la Basse Côte-Nord; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.....	66
Tableau 18. Résultats des comparaisons des valeurs de <i>Fst</i> entre les paires de gisements pour la région de la Basse Côte-Nord. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$	71
Tableau 19. Comparaisons des 19 gisements dont les caractéristiques génétiques sont significativement différentes et probabilité après correction de Bonferroni ($\alpha = 0,0003$) lors du test de comparaisons des <i>Fst</i> par paire pour tous les gisements analysés.....	71
Tableau 20. Nombre d'individus analysés (<i>N</i>), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>), richesse allélique, statistique <i>Fis</i> , <i>Ntotal</i> = effectif total de la région, nombre total et nombre moyen d'allèles par locus, <i>He</i> moyen et <i>Ho</i> moyen par région <i>Fis</i> moyen et nombre total d'allèles par région chez <i>Placopecten magellanicus</i> pour le regroupement par région; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0017$). E.T. = Écart type. CB = baie de Chesapeake BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.....	76
Tableau 21. Résultats des comparaisons des valeurs de <i>Fst</i> entre les paires de gisements pour les différentes régions. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,005$. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.....	82

- Tableau 22. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les paires de gisements pour les régions des Îles-de-la-Madeleine et de la Basse Côte-Nord avec quatre marqueurs microsatellites (*Pma130*, *Pma275*, *Pma132* et *Pma212*). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CDLP = Chaîne de la Passe, DM = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Sud-Ouest, ML = Millerand, CV = Chevery, SB = Baie-aux-Saumons, SPR = Rivière St-Paul et TB = La Tabatière.....85
- Tableau 23. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les régions avec quatre marqueurs microsatellites (*Pma130*, *Pma275*, *Pma132* et *Pma212*). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,005$. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.85

LISTE DES FIGURES

- Figure 1. Carte du golfe du Saint-Laurent illustrant les 18 gisements du pétoncle géant, *Placopecten magellanicus*, ayant fait l'objet d'analyses génétiques. Ces gisements se répartissent entre quatre grandes régions : (1) baie des Chaleurs : Bonaventure (BV), Chandler (CH), Paspébiac (PB), Gascons (GC), Percé (PC), Pointe Saint-Pierre (SP); (2) Îles-de-la-Madeleine : Fond du Sud-Ouest (FSO), Millerand (ML), Fond du Dix-Milles (DM), Chaîne de la Passe (CDLP); (3) Sud du Golfe : Val-Comeau (VC), Cap Tourmentine (CT), West Point (WP), Murray Harbour (MU); (4) Basse Côte-Nord : La Tabatière (TB), Chevery (CV) Rivière Saint-Paul (SPR) et Baie-aux-Saumons (SB). Le gisement de la baie de Chesapeake (CB) n'est pas indiqué.13
- Figure 2. Coquille d'un pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) sur laquelle sont indiqués les anneaux de croissance (flèches) à partir desquels l'âge d'un individu est déterminé.14
- Figure 3. Effectif des différentes classes d'âge analysées pour le gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.28
- Figure 4. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différentes classes d'âge des pétoncles géants du gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.28
- Figure 5. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (H_e) et observée (H_o) avec écart type pour les différentes classes d'âge au gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.31
- Figure 6. Valeur moyenne du F_{is} pour les différentes classes d'âge du gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.31
- Figure 7. Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (D_a) de Nei *et al.* (1983) découlant de l'analyse de six loci pour les sept classes d'âge échantillonnées de *Placopecten magellanicus* au gisement de Chandler, baie des Chaleurs. La méthode de re-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations.33
- Figure 8. Effectif des différentes classes d'âge analysées au gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.35
- Figure 9. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.35

Figure 10.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>) avec écart type pour les différentes classes d'âge au gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.	38
Figure 11.	Valeur moyenne du <i>Fis</i> pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.	39
Figure 12.	Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (<i>Da</i>) de Nei <i>et al.</i> (1983) découlant de l'analyse de six loci pour les sept classes d'âge échantillonnées de <i>Placopecten magellanicus</i> au gisement de Bonaventure, baie des Chaleurs. La méthode de re-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations.	41
Figure 13.	Effectif des différentes classes d'âge pour tous les gisements regroupés de la région de la baie des Chaleurs.	42
Figure 14.	Effectif des différents gisements pour la région de la baie des Chaleurs.	44
Figure 15	Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.	48
Figure 16.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>) avec écart type pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.	48
Figure 17.	Valeur moyenne du <i>Fis</i> pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.	49
Figure 18.	Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région des Îles-de-la-Madeleine.	52
Figure 19.	Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.	52
Figure 20.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>), avec écart type, pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.	55
Figure 21.	Valeur moyenne du <i>Fis</i> pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.	55
Figure 22	Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.	58
Figure 23.	Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.	58

Figure 24.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>) pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.....	62
Figure 25.	Valeur moyenne du <i>Fis</i> pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.....	62
Figure 26.	Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région de la Basse Côte-Nord.	65
Figure 27.	Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.	65
Figure 28.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>) pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.....	69
Figure 29.	Valeur moyenne du <i>Fis</i> pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.	69
Figure 30.	Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (<i>Da</i>) de Nei <i>et al.</i> (1983) découlant de l'analyse de 6 loci pour les 18 gisements d'échantillonnage de <i>Placopecten magellanicus</i> dans le golfe du Saint-Laurent et pour celui de baie de Chesapeake. La méthode de re-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations. Les abréviations correspondent à celles de la Figure 1.....	73
Figure 31.	Analyse de type cadrage multidimensionnel non-métrique basé sur la méthode des moindres carrés de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). Bonaventure (BV), Chandler (CH), Paspébiac (PB), Gascons (GC), Percé (PC), Pointe Saint-Pierre (SP); Fond du Sud-Ouest (FSO), Millerand (ML), Fond du Dix-Milles (DM), Chaîne de la Passe (CDLP); Val-Comeau (VC), Cap Tourmentine (CT), West Point (WP), Murray Harbour (MU); La Tabatière (TB), Chevery (CV) Rivière Saint-Paul (SPR), Baie-aux-Saumons (SB) et la baie de Chesapeake (CB).....	74
Figure 32.	Effectif d'individus de <i>Placopecten magellanicus</i> analysés par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.....	75
Figure 33.	Nombre moyen d'allèles par locus par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.....	79
Figure 34.	Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (<i>He</i>) et observée (<i>Ho</i>) par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.	79

- Figure 35. Valeur moyenne du Fis par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.....81
- Figure 36. Circulation générale des courants de surface dans le golfe du Saint-Laurent. Adaptée de Drinkwater et Mountain (1997).....92

LISTE DES ANNEXES

- Annexe 1. Positionnement des différents gisements d'échantillonnage pour l'étude de la structure génétique des populations de *Placopecten magellanicus* dans le golfe du Saint-Laurent.122
- Annexe 2. Résultats des analyses du logiciel Micro-Checker pour évaluer les raisons possibles des déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg.123

CHAPITRE I

INTRODUCTION

Au début des années 1970, la production annuelle de pétoncle par l'aquaculture au niveau mondial était de 200 000 tonnes et en 1996, elle avait augmenté à près de 1,7 million de tonnes. Cette production représentait près de 90% de tous les débarquements de pétoncles au niveau mondial (Bourne, 2000). Dans le nord du Chili, la quantité de pétoncle *Argopecten purpuratus* produite par l'élevage a surpassé celle obtenue par la pêche traditionnelle et est en voie de devenir la seule source de pétoncle disponible (Stotz, 2000). Dans ce pays, la production de pétoncles d'élevage en 1996 était trois fois plus importante que les débarquements de la meilleure année de pêche. En 1996, 27 pays ont enregistré des débarquements de pétoncle provenant de l'aquaculture et/ou de la pêche. Près d'une trentaine d'espèces différentes composaient ces débarquements. Le Japon et la Chine sont deux producteurs importants de cette industrie (Bourne, 2000). Le Japon a développé cette industrie depuis 1960 (Bourne, 2000) à partir d'une seule espèce (*Patinopecten yessoensis*).

L'exploitation commerciale du pétoncle dans les régions du Québec maritime, soit le pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) et le pétoncle d'Islande (*Chlamys islandica*), a supporté une industrie de près de 2,3M\$ en 2001 et de 1,5M\$ en 2002 (Ministère des Pêches et Océans Canada, 2004). Dans le golfe du Saint-Laurent, la surexploitation de certains bancs de pétoncles géants a diminué sensiblement le potentiel économique de cette industrie (Giguère *et al.*, 1995; Cliche et Giguère, 1998; Cliche *et al.*, 1999). Cette situation a entraîné la création et le développement du programme REPERE (Recherche sur le Pétoncle à des fins d'Élevage et de Repeuplement) aux Îles-

de-la-Madeleine. L'objectif de ce programme est d'accroître la biomasse des populations naturelles de *P. magellanicus* dans cette région du golfe du Saint-Laurent. L'approche utilisée par les partenaires du programme a été celle développée par les Japonais. Les juvéniles proviennent d'un captage en milieu naturel et sont placés en pré-élevage durant une année en lagune dans des paniers de style japonais suspendus dans la colonne d'eau jusqu'à ce qu'ils atteignent une taille qui permettra de diminuer les risques de prédation. Ces individus sont ensuite utilisés pour l'ensemencement sur les fonds sélectionnés (Cliche *et al.*, 1997). Des raisons techniques et socio-économiques ont dirigé ce choix afin d'obtenir une industrie économiquement viable en support à la pêche.

Le Québec a développé une bonne expertise dans le domaine de la pectiniculture depuis 1990 avec le programme REPERE dans la région des Îles-de-la-Madeleine ainsi que le programme REPERE II, qui s'est élargi à l'ensemble des régions du Québec maritime et à toutes les techniques d'élevage (ensemencement, élevage en suspension, production en éclosérie, etc.). Dans le cadre de ce programme, des ensemencements expérimentaux ont eu lieu dans la région des Îles-de-la-Madeleine, sur le Fond du Sud-Ouest et dans la baie de Plaisance pendant quatre années (Cliche et Giguère, 1998). Depuis 1993, tous les ensemencements ont été effectués dans le secteur de la Chaîne de la Passe (Figure 1) par une corporation privée impliquant les pêcheurs locaux. Depuis ce temps, près de 27,8 millions de pétoncles géants ont été ensemencés dans ce secteur (Hébert et Vigneau, 2001). La province du Nouveau-Brunswick fait également des ensemencements dans trois secteurs : (1) dans la baie des Chaleurs, (2) à l'embouchure de la baie de Miramichi et (3) à l'entrée Ouest du détroit de Northumberland. Depuis l'année 2000, huit millions de pétoncles géants ont été ensemencés dans la baie des

Chaleurs au Nouveau-Brunswick (Pointe Verte et Bathurst), 730 000 individus dans le secteur de l'entrée ouest du détroit de Northumberland et 381 000 dans le secteur de la baie de Miramichi. Les collecteurs artificiels fournissant le naissain sont mis à l'eau dans les secteurs qui seront éventuellement ensemencés (Anonyme, 2002; Anonyme, 2003). La différence fondamentale entre ces ensemencements et ceux de la région des Îles-de-la-Madeleine est que ceux de la région du Nouveau-Brunswick se font directement à partir des collecteurs artificiels sans pré-élevage (Anonyme, 2003).

L'aire de répartition du pétoncle géant, *P. magellanicus*, s'étend du Labrador au Cap Hatteras (Caroline du Nord, USA) (Brand, 1991; Black *et al.*, 1993). Cette espèce possède une aire de répartition exclusive à l'Atlantique Nord-Ouest. La distribution de *P. magellanicus* est discontinue, c'est-à-dire que les régions colonisées par le pétoncle géant sont séparées par de grandes distances. Ces régions de grande concentration sont souvent localisées dans des zones où les caractéristiques océanographiques favorisent la rétention larvaire (Sinclair *et al.*, 1985; Sinclair, 1988). La distribution du pétoncle géant est habituellement décrite selon trois échelles spatiales : (1) les bancs de plusieurs dizaines de kilomètres à un niveau régional (par exemple les Îles-de-la-Madeleine et le banc Georges) seront désignés comme région dans le reste du texte, (2) les gisements qui s'étendent sur quelques kilomètres (exemple, le gisement du Fond du Sud-Ouest aux Îles-de-la-Madeleine) et (3) les agrégations de l'ordre de la dizaine à la centaine de mètres (Brand, 1991; Stokesbury et Himmelman, 1993). Dans le golfe du Saint-Laurent, le pétoncle géant se retrouve principalement dans quatre régions : (1) la péninsule gaspésienne et la baie des Chaleurs, (2) les Îles-de-la-Madeleine, (3) le détroit de Northumberland et la côte ouest de l'Île du Cap Breton et, de manière moins importante,

(4) le sud et l'ouest de Terre-Neuve ainsi que la Basse Côte-Nord au Québec (Brand, 1991).

Le pétoncle géant est une espèce à fécondité élevée, les femelles pouvant produire chacune plus de 10 millions d'œufs annuellement. Son cycle de vie est caractérisé par la présence d'une phase larvaire pélagique dont la durée est d'environ quatre à cinq semaines (Black *et al.*, 1993). La mortalité juvénile chez les invertébrés marins benthiques pourrait atteindre les 90% du contingent initial. (Gosselin et Qian, 1997). Lorsque la larve atteint la phase pédivéligère, elle se fixe et se métamorphose en juvénile pour entreprendre la phase benthique (Couturier *et al.*, 1995). Durant sa phase benthique, le pétoncle géant a une mobilité restreinte bien qu'il puisse se déplacer grâce à un comportement de nage par saut (« stepwise ») qui lui permet de s'élever et d'utiliser les courants de fond (Manuel et Daswell, 1991). Par contre, durant la phase larvaire, les pétoncles peuvent être transportés par les courants marins sur de grandes distances.

La distribution discontinue, la faible mobilité des individus et le fait que les zones de concentration importante de pétoncle géant soient situées dans des zones de rétention larvaire, pourraient favoriser la différenciation génétique à grande échelle chez cette espèce. Kenchington *et al.* (1999) ont effectué une étude sur la variation génétique de 10 gisements de pétoncle géant entre le New Jersey (USA) et le banc Saint-Pierre (Terre-Neuve, Canada), incluant le golfe du Saint-Laurent. À l'aide de six marqueurs microsatellites, ils ont pu déceler des différences génétiques entre les gisements et entre les différentes classes d'âge d'un gisement de la baie de Fundy. Finalement, l'étude de Herbinger *et al.* (1998) portant sur la différenciation génétique à faible échelle géographique, n'a pas permis de mettre en évidence de différences génétiques entre deux

gisements de pétoncles géants séparés par quelques kilomètres à Trinity Bay (Terre-Neuve). Par contre, la présence d'une phase pélagique pendant le cycle de vie du pétoncle géant pourrait se traduire par un flux génétique élevé entre les différents gisements d'une région ou entre les régions elles-mêmes favorisant la panmixie, c'est-à-dire l'homogénéité génétique sur de vastes régions. En effet, les espèces marines ayant une capacité de dispersion élevée, grâce à la présence d'une phase larvaire pélagique de longue durée, répondent généralement à un modèle de panmixie comparativement à des espèces ayant une capacité de dispersion limitée (voir Burton, 1983; Bohonak, 1999 et références incluses). La structure génétique des populations d'organismes marins sédentaires ou sessiles est souvent reliée à la capacité de dispersion durant la phase larvaire (ex : Palumbi, 1995; Hellberg, 1996; Hoskin, 1997; Arndt et Smith, 1998; Kyle et Boulding, 2000). Des marqueurs RAPD (« Randomly Amplified Polymorphic DNA ») ont été utilisés pour déterminer la structure génétique du homard américain (*Homarus americanus*) dans l'Atlantique Nord-Ouest sans trouver de différences génétiques entre la région du golfe du Maine et du golfe du Saint-Laurent (Harding *et al.*, 1997).

Certaines études ont porté sur la structure génétique des *Pectinidae* dans différentes parties du globe. Ces études ont utilisé les allozymes comme outil génétique pour différencier les populations. En Amérique du Sud, Real *et al.* (2004) ont pu observé que chez *Aequipecten tehuelchus*, certains sites étaient génétiquement différenciés sur les côtes de l'Argentine. Ces auteurs ont attribué ces différences au temps de résidence des eaux (300 jours) dans ces secteurs qui excéderait de beaucoup la durée du stade larvaire de *A. tehuelchus* (30 jours). Au Chili, Moragat *et al.* (2001) ont expliqué la présence de deux populations de pétoncle (*A. purpuratus*) par un flux génétique limité dû aux

courants marins de surface (gyres et particularités locales). Beaumont (1982) a observé la présence de quatre populations de *Chlamys opercularis* autour des Îles Britanniques. Il a attribué ces différences à la dérive génétique, la sélection et la rétention de certains allèles à certains sites particuliers malgré un fort potentiel de dispersion dû à la présence d'une phase planctonique. Dans le nord de l'Atlantique, Fevolden (1989) a également détecté une structure génétique chez le pétoncle d'Islande (*C. islandica*) et a proposé d'adopter un plan de gestion et de conservation comme si chaque région géographique contenait une population génétiquement distincte. D'autres aspects de la génétique des pétoncles tels l'ADN mitochondrial, la relation entre l'hétérozygoté et la croissance, la génétique quantitative et la consanguinité ont été revus par Beaumont et Zouros (1991).

Rios *et al.* (1996) ont mis en évidence une relation entre le génotype et la période de ponte chez la coquille St-Jacques (*Pecten jacobaeus*) en Espagne. Les auteurs ont discuté des implications de cette relation sur la structure de la population et sur le phénomène de déficits en hétérozygotes chez les bivalves. Volckaert et Zouros (1989) n'ont pu déterminer de relation entre le génotype et la croissance de *P. magellanicus*.

Dès études sur la structure génétique des invertébrés marins dans le golfe du Saint-Laurent ont déjà été effectuées. Addison et Hart (2004) n'ont pas observé de différence génétique chez l'oursin vert, *Strongylocentrotus droebachiensis*, dans le golfe du Saint-Laurent, une espèce qui possède un stade larvaire pélagique de longue durée. Puebla (2003) a montré à l'aide de huit marqueurs microsatellites que le crabe des neiges, *Chionoecetes opilio*, formait une population quasi-panmitique à l'échelle du golfe du Saint-Laurent. Sévigny *et al.* (2000) n'ont pas observé de différences génétiques chez la crevette nordique (*Pandalus borealis*) à l'échelle de l'Atlantique nord-ouest, incluant le

golfe du Saint-Laurent. Des travaux sur la balane (*Semibalanus balanoides*) ont montré l'existence de différences génétiques entre certains sites dans le golfe du Saint-Laurent (Holm et Bourget, 1994). L'étude de Dufresne *et al.* (2002) a démontré une différenciation génétique de populations de balanes entre les sites au nord et au sud de la baie de Miramichi (Nouveau-Brunswick), au niveau des allozymes mais pas au niveau des marqueurs microsatellites. Cette différenciation génétique serait maintenue par un phénomène de sélection se mesurant au niveau des allozymes. Aux Îles-de-la-Madeleine, Tremblay *et al.* (1998) ont observé des différences dans les taux d'hétérozygotie et non au niveau des fréquences alléliques chez la moule bleue (*Mytilus edulis*) présente dans les lagunes séparées par de faibles distances géographiques. Ces résultats suggèrent que les différences génétiques observées pourraient être causées par la sélection affectant les premiers stades de développement.

Certains auteurs ont observé une structuration génétique caractérisée par des différences à petites échelles géographiques chez des organismes ayant une phase larvaire pélagique de longue durée (Avisé, 1994; Palumbi, 1997; Benzie, 1999). Ce phénomène a été observé chez différents groupes taxonomiques incluant la patelle (Johnson et Black, 1982, 1984a et 1984b), les étoiles de mer (Benzie et Stoddart, 1992), les gastropodes (Campton *et al.*, 1992), les oursins (Watts *et al.*, 1990; Edmands *et al.*, 1996) et le bivalve *Spisula ovalis* (David *et al.*, 1997). Pour expliquer ce phénomène, Johnson et Black (1984a) ont énoncé l'hypothèse selon laquelle la variabilité du recrutement dans le temps et l'espace pouvait être une source potentielle de différenciation génétique. Certaines études ont démontré que les caractéristiques génétiques des nouvelles recrues ou celles des adultes par rapport aux juvéniles pouvaient varier (Johnson et Black, 1984a; Campton

et al., 1992; Kordos et Burton, 1993; Hedgecock, 1994; Li et Hedgecock, 1998; Moberg et Burton, 2000). Une autre hypothèse a été émise par Hedgecock (1994) pour tenter d'expliquer ce phénomène concernant la variabilité du succès reproducteur. Cette hypothèse stipule qu'il serait possible d'observer une différenciation génétique entre les différentes classes d'âge d'un même gisement. Cette différenciation génétique serait le résultat d'une population efficace réduite. La variabilité dans le succès reproducteur des individus serait due à la haute fécondité des organismes et à la possibilité de synchroniser les activités de reproduction avec les conditions océanographiques nécessaires pour la maturation des gonades, la fertilisation des gamètes femelles, le développement larvaire, la fixation et le recrutement (Li et Hedgecock, 1998).

Lewis et Thorpe (1994) ont souligné l'importance de vérifier la présence de différences génétiques dans le temps afin d'avoir une image géographique fiable, puisque l'utilisation d'échantillons contenant plusieurs classes d'âge est fréquente dans les études de différenciation génétique à un niveau spatial. Dans ce contexte, il est important d'évaluer la variabilité génétique dans le temps. La grande fécondité des femelles de pétoncles géants et le fait que la ponte soit habituellement massive et relativement synchrone (Brand, 1991; Gaudet et Côté, 1995; Bonardelli *et al.*, 1996) pour l'ensemble des individus dans une région donnée pourrait influencer les caractéristiques génétiques de la population.

Alors que le potentiel de la culture de mollusques devient plus important, les transferts d'individus prennent de l'ampleur. Les transferts concernent les déplacements d'individus d'une région à une autre à l'intérieur de la zone de répartition géographique naturelle de l'espèce (Beaumont, 2000). Le concept de transfert inclut aussi les

déplacements d'individus dans les régions où l'espèce existait auparavant. Afin d'explorer les conséquences génétiques potentielles des transferts d'individus de pétoncle géant, il est essentiel de connaître les caractéristiques génétiques des populations sauvages afin de déterminer si une certaine structuration est présente. Ainsi, les caractéristiques génétiques des individus transférés, tout comme les caractéristiques des gisements qui les recevront seront connues avant le transfert.

Les objectifs visés par cette étude peuvent être formulés comme suit :

1. Décrire la variabilité génétique de *Placopecten magellanicus* à l'échelle du golfe du Saint-Laurent.
2. Décrire la variabilité génétique spatiale des quatre régions d'exploitation du pétoncle géant dans le golfe du Saint-Laurent, soit : la Basse Côte-Nord, les Îles-de-la-Madeleine, la baie des Chaleurs et Gaspésie et le Sud du golfe du Saint-Laurent.

Pour atteindre ces objectifs, (1) la variabilité génétique de différentes classes d'âge sera étudiée à deux sites de la baie des Chaleurs pour déterminer la stabilité temporelle des caractéristiques génétiques et (2) la variabilité génétique de plusieurs gisements sera étudiée dans chaque région.

Les hypothèses suivantes seront testées :

1. Les caractéristiques génétiques ne diffèrent pas entre les classes d'âge d'un même gisement.

2. Les caractéristiques génétiques ne diffèrent pas entre les gisements d'une même région.
3. Les caractéristiques génétiques ne diffèrent pas entre les régions du golfe du Saint-Laurent.

CHAPITRE II

MATÉRIEL ET MÉTHODES

2.1 Échantillonnage

L'aire d'étude correspond à l'ensemble du golfe du Saint-Laurent, incluant la Basse Côte-Nord, le détroit de Northumberland, la baie des Chaleurs et les Îles-de-la-Madeleine (Figure 1). Un gisement à proximité de la baie de Chesapeake (longitude : -74.66667°, latitude : 37.52033°) aux États-Unis (USA) a également été échantillonné comme groupe externe.

Le plan d'échantillonnage a été élaboré de façon à décrire les caractéristiques génétiques des pétoncles géants à trois échelles différentes. La première correspond aux quatre grandes régions du golfe du Saint-Laurent où se retrouve le pétoncle géant, soit : la Basse Côte-Nord, la baie des Chaleurs, les Îles-de-la-Madeleine et le sud du Golfe. La deuxième est la méso-échelle, ou échelle intermédiaire, qui correspond aux gisements de chacune des quatre grandes régions du Golfe. La troisième correspond aux classes d'âge. Des individus appartenant à différentes classes d'âge ont été examinés afin de déterminer si les caractéristiques génétiques observées aux échelles géographiques sont stables sur une échelle temporelle. Bien que l'emphase ait été mise sur les gisements de Bonaventure et de Chandler. Des individus appartenant à différentes classes d'âge ont également été analysés pour la plupart des gisements. La sélection des gisements a pris en considération des facteurs tel que les lieux de pêches traditionnels, les lieux de mises à l'eau de collecteurs pour le programme REPERE et les patrons de circulation dans le Golfe.

Les échantillons de pétoncle géant proviennent soit d'un échantillonnage commercial, d'un échantillonnage effectué en plongée ou encore d'un échantillonnage effectué lors des missions pour l'évaluation des stocks de pétoncles conduites par Pêches et Océans Canada (MPO) ou le Northeast Fisheries Center (NESFC) aux États-Unis. Tous les échantillons, à l'exception de ceux des gisements de Percé et Pointe Saint-Pierre, ont été expédiés congelés à l'Institut Maurice-Lamontagne (IML). Les individus de pétoncle géant des gisements de Percé et Pointe Saint-Pierre ont été expédiés vivants. À l'IML, les échantillons ont été conservés à -40°C jusqu'à leur dissection.

2.2 Dissection des spécimens et préservation des tissus

Tous les individus récoltés durant la période d'échantillonnage ont été disséqués et ont fait l'objet de prélèvements de tissu musculaire. Un échantillon du muscle adducteur, d'au plus 1cm^3 (≈ 500 milligrammes), a été conservé dans un vial à scintillation contenant 20 ml d'éthanol 95% en vue des analyses génétiques ultérieures.

La taille, le poids vif et le poids du muscle ont été mesurés (Tableau 1). Le sexe des individus a été identifié selon la couleur des gonades (mâle : beige-crème; femelle : rouge-orangé) lorsque leur état de maturation le permettait (Tableau 1). Les coquilles vides ont été nettoyées, numérotées et séchées pendant 48 heures sous une hotte afin de déterminer l'âge des individus.

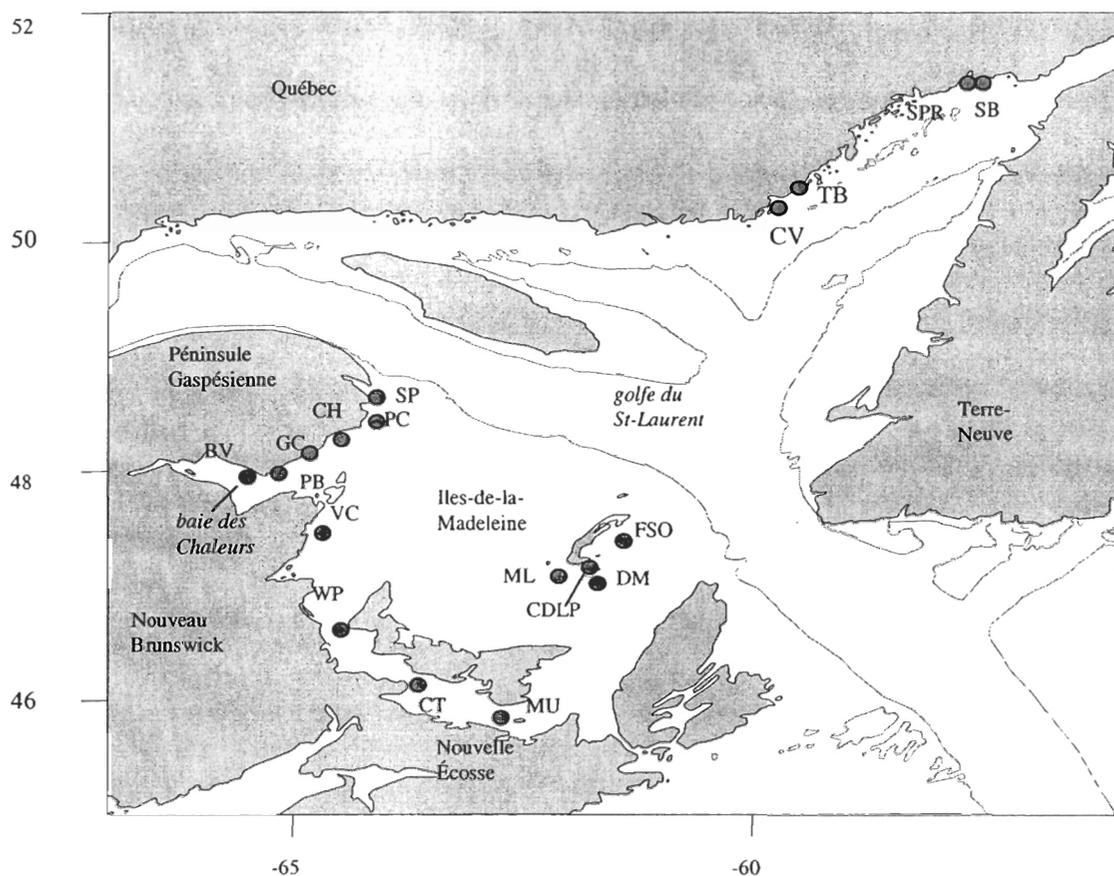


Figure 1. Carte du golfe du Saint-Laurent illustrant les 18 gisements du pétoncle géant, *Placopecten magellanicus*, ayant fait l'objet d'analyses génétiques. Ces gisements se répartissent entre quatre grandes régions : (1) baie des Chaleurs : Bonaventure (BV), Chandler (CH), Paspébiac (PB), Gascons (GC), Percé (PC), Pointe Saint-Pierre (SP); (2) Îles-de-la-Madeleine : Fond du Sud-Ouest (FSO), Millerand (ML), Fond du Dix-Milles (DM), Chaîne de la Passe (CDLP); (3) Sud du Golfe : Val-Comeau (VC), Cap Tourmentine (CT), West Point (WP), Murray Harbour (MU); (4) Basse Côte-Nord : La Tabatière (TB), Chevery (CV) Rivière Saint-Paul (SPR) et Baie-aux-Saumons (SB). Le gisement de la baie de Chesapeake (CB) n'est pas indiqué.

2.3 Détermination de l'âge de chaque individu

L'âge de tous les individus de pétoncle géant a été déterminé dans le but d'identifier les classes d'âge et de sélectionner les individus utilisés pour les analyses génétiques (Tableau 2). L'âge de chaque individu a été déterminé selon la méthode de

Merrill *et al.* (1966) qui consiste à faire le compte des anneaux de croissance sur la coquille (Figure 2). L'âge de chaque individu a été déterminé par deux lecteurs jusqu'à l'obtention d'un consensus. La distance du premier anneau de croissance par rapport à l'umbo a été prise en note pour ajuster l'âge si nécessaire. Lorsque le premier anneau était situé à plus de 18 mm de l'umbo, un an était systématiquement ajouté au nombre d'anneaux comptés, alors que deux ans étaient ajoutés lorsque cette ligne se situait à plus de 35mm.

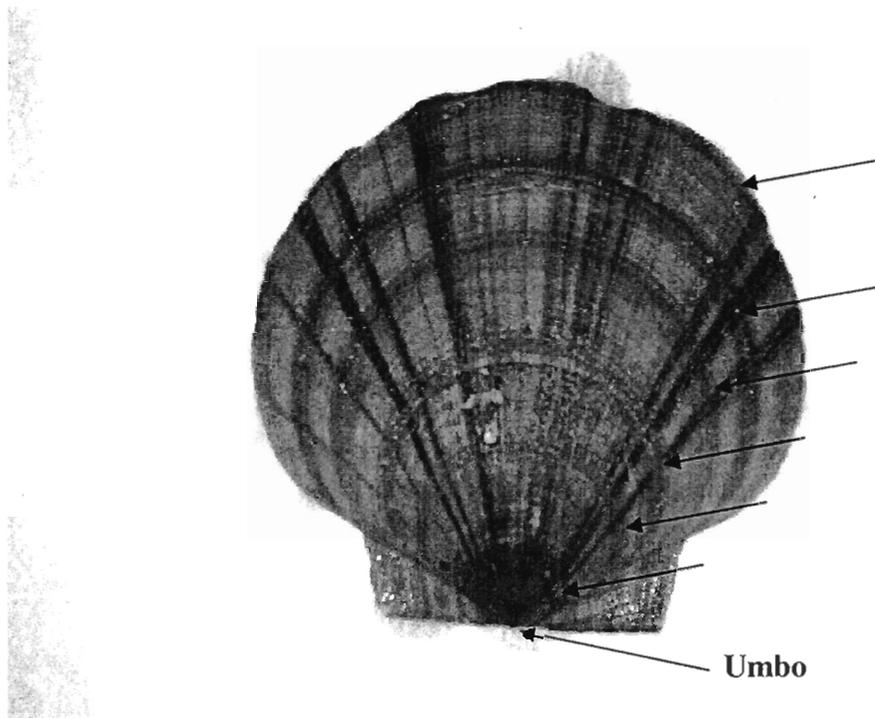


Figure 2. Coquille d'un pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) sur laquelle sont indiqués les anneaux de croissance (flèches) à partir desquels l'âge d'un individu est déterminé.

Tableau 1. Caractéristiques des échantillons de pétoncles géants (*Placopecten magellanicus*) des 19 gisements de l'étude. F = femelle, M = mâle, I = indéterminé. Taille moyenne en millimètres (écart type) et poids moyen en grammes (écart type) des individus. ND = non disponible.

Région	Gisement	Date d'échantillonnage	F	I	M	Effectif	Taille	Poids
baie des Chaleurs	Bonaventure	18/07 et 19-22/09/2002	133	214	139	486	67,2 (34,7)	72,6 (88,8)
	Chandler	05/06 et 25-28/09/2002	265	425	285	975	63,5 (33,4)	60,9 (84,4)
	Gascons	24/07/2002	58		48	106	77,1 (3,3)	57,2 (9,1)
	Paspébiac	05/06, 13/07 et 21-22/09/2002	142	303	139	584	57,3 (40,9)	72,0 (88,7)
	Percé	04/08 et 20/12/2002	84	7	151	242	95,6 (26,7)	131,5 (89,7)
Basse Côte-Nord	Pointe Saint-Pierre	04/10/2002	42	14	133	189	77,7 (26,5)	83,7 (107,1)
	Chevery	20/09/2002	13		79	92	81,1 (9,2)	56,7 (22,4)
	La Tabatière	08/08/2002	16	47	24	87	92,4 (6,8)	85,3 (20,5)
	Baie-aux-Saumons	29/08/2002	49		43	92	101,5 (2,4)	100,9 (0,3)
Iles-de-la-Madeleine	Rivière St-Paul	08/08/2002	38		52	90	117,7 (21,4)	161,8 (80,5)
	Chaîne de la Passe	06/12/2002	31	1	34	66	113,3 (13,0)	188,2 (73,7)
	Fond du Dix-Milles	06/12/2002	39	3	32	74	104,6 (9,4)	161,1 (38,0)
	Fond du Sud-Ouest	08-10/2002	157	3	147	307	125,6 (14,7)	210,9 (118,9)
Sud du Golfe	Millerand	06/12/2002	30	4	34	68	102,7 (12,9)	155,5 (56,6)
	Cap Tourmentine	05/09/2002	46	1	43	90	93,3 (5,2)	126,6 (26,8)
	Murray Harbour	22/11/2002	54	1	39	94	90,2 (8,5)	111,4 (34,0)
	Val-Comeau	09/07/2002	49		49	98	89,6 (10,0)	116,2 (42,9)
États-Unis	West Point	22/05/2003	53	3	36	92	93,6 (11,8)	139,0 (55,6)
	baie de Chesapeake	08/2003	23	11	32	66	96,3 (3,8)	ND
Total			1690	1059	1956	4705		

Tableau 2. Effectifs analysés à l'aide des marqueurs microsatellites en fonction des gisements et des années de naissance.

Région	Gisement	Année de naissance de l'individu												Total
		1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	
baie des Chaleurs	Bonaventure						11	28	49	17	29	43	25	202
	Chandler						30	34	54	58	57	49	41	323
	Gascons								68					68
	Paspébiac								54					54
	Percé				3	13	6	6						28
	Pointe Saint-Pierre									61				61
Basse Côte-Nord	Chevery						2	4	12	23	5			46
	La Tabatière							4	28	17	1			50
	Baie-aux-Saumons						1	9	27	12				49
	Rivière St-Paul			1	2	6	11	12	12	4				48
Iles-de-la-Madeleine	Chaîne de la Passe			4	7	4	9	14	14					52
	Fond du Dix-Milles			2	2	5	13	20	14					56
	Fond du Sud-Ouest	2	5	9	6	11	7	3	7	1				51
	Millerand					7	12	11	25					55
Sud du Golfe	Cap Tourmentine						2	11	28	8				49
	Murray Harbour						1	3	31	16				51
	Val-Comeau							1	15	27	1			44
	West Point						2	8	25	10				45
États-Unis	baie de Chesapeake						1	1	7	46	7		62	
Total														1394

2.4 Sélection des individus pour les analyses génétiques

Les classes d'âge de 1994 à 2000 ont été sélectionnées pour tester la différenciation génétique temporelle sur les gisements de Chandler et de Bonaventure. Pour les autres gisements de la baie des Chaleurs, la classe d'âge de 1996 a été choisie pour faire la caractérisation génétique à l'échelle spatiale à l'exception de Percé où seulement des individus plus âgés étaient disponibles. Seulement les échantillons possédant un effectif de plus de 25 individus étaient pris en considération pour les analyses statistiques.

Les individus représentant les autres gisements du Golfe ont été sélectionnés selon la distribution des fréquences de taille disponible dans l'échantillon. Ces individus ont été sélectionnés parmi les classes de taille les mieux représentées afin de réduire le plus possible le nombre de classes présentes dans les analyses. Tous les pétoncles géants du gisement de la baie de Chesapeake ont fait l'objet d'analyses génétiques. Un total de 1394 individus ont été sélectionnés pour les analyses génétiques sur un ensemble de 19 gisements (Tableau 2).

2.5 Extraction de l'ADN à partir du tissu musculaire

L'ADN de chaque individu sélectionné a été extrait d'après le protocole pour tissu animal de la compagnie QIAGEN à partir d'environ 15 mg de tissu musculaire préservé dans l'éthanol à 95%. La concentration de l'ADN a été mesurée à l'aide d'un spectrophotomètre WPA, modèle UV 1101, à la longueur d'onde de 260 nm. La

concentration d'ADN obtenu variait entre 15 et 135 ng/ μ l. La solution d'ADN ainsi obtenue était conservée dans un réfrigérateur à 4°C pour la durée des analyses.

2.6 Analyses génétiques

Six microsatellites (*Pma130*, *Pma132*, *Pma135*, *Pma200*, *Pma212* et *Pma275*) ont été amplifiés par Réaction de Polymérisation en Chaîne (PCR) suivant les conditions décrites par Gjetvaj *et al.* (1997). Les caractéristiques de ces marqueurs microsatellites apparaissent au Tableau 3.

Tableau 3. Caractéristiques des loci microsatellites développés par Gjetvaj *et al.* (1997) pour *Placopecten magellanicus* utilisés pour la caractérisation génétique du pétoncle géant en provenance du golfe du Saint-Laurent.

Locus	Séquence des amorces (5'-3')	Motifs répétés
<i>Pma130</i>	CCCGGATTGTATTTGAACTGCT CCATCCTGAATCCTCTTACGA	(GA)22
<i>Pma132</i>	GACGGTTTTGTTTACATCTCGG CCTATATTCATCATCATCCATTTAATCCA	(GTT)9(GGT)3
<i>Pma135</i>	GTGCACAAATTACAACAAGTCAA ATGATTTGACGATACTACCAGATG	(GACA)10 [(N)6 (GACA)3] (N)45 GACA
<i>Pma200</i>	TATACGCACTCAATCACCC GTTGCGTGATTCCNCCTG	(GA)31
<i>Pma212</i>	TAAACTGCTTTGTTGGGATG GAATTTGACCTAGAGACCAG	(GA)16
<i>Pma275</i>	GAGAAAGTTAGTGTGTGAATG AGAAATGCTTCTCGTCACC	(GA)23

L'amplification des différents loci a été effectuée en utilisant de 15 à 135 ng d'ADN, 0,2 mM de chacun des dNTP, 0,75 à 0,9 μ M de chacune des amorces, 0,35 U de polymérase (« Expand High Fidelity Polymerase », Roche Diagnostic) et 1X tampon « Expand High Fidelity » avec 1,5 mM MgCl₂. Un volume total de 10 μ l était utilisé pour amplifier les brins d'ADN comprenant 0,5 μ l d'ADN de chaque individu.

Trois microsattellites, soit *Pma130*, *Pma200* et *Pma275*, ont été amplifiés à l'aide d'un thermocycleur de type Robocycler™. Les trois autres microsattellites (*Pma132*, *Pma135* et *Pma212*) ont été amplifiés à l'aide d'un thermocycleur de type Perkin Elmer™. Une goutte d'huile minérale était ajoutée lors de l'amplification pour empêcher l'évaporation durant la réaction PCR.

Pour chacun des loci, une des amorces était marquée à la fluorescence, soit *Pma130* (VIC), *Pma132* (NED), *Pma135* (VIC), *Pma200* (6FAM), *Pma212* (6FAM) et *Pma275* (NED). Les paramètres de PCR étaient les suivants : pour tous les loci, une dénaturation initiale de 30 secondes à 94°C a été effectuée. Pour *Pma130*, *Pma212* et *Pma275*, vingt-cinq cycles de 20 secondes à 94°C et 80 secondes à 52°C. Pour le locus *Pma200*, vingt-cinq cycles de 20 secondes à 94°C et 80 secondes à 50°C. Pour le locus *Pma135*, vingt-cinq cycles de 20 secondes à 94°C, 20 secondes à 57°C et 30 secondes à 72°C. Finalement, pour le locus *Pma132*, vingt-cinq cycles de 20 secondes à 94°C, 20 secondes à 50°C et 30 secondes à 72°C.

Les fragments amplifiés ont été séparés par électrophorèse capillaire en utilisant le système automatique d'analyse génétique ABI Prism 310™ (PE Applied Biosystems). Un mélange de 12µl de formamide et de 0,2µl de standard, auquel était ajoutée une quantité (0,2 à 3µl) des produits de la PCR de chaque individu, était placé dans le séquenceur. Un standard servait de point de référence afin d'établir la taille des allèles, en paire de bases, dans chaque analyse effectuée. Le standard pour les loci *Pma130*, *Pma200* et *Pma275* était le 400HD rox, alors que le standard pour les loci *Pma132*, *Pma135* et *Pma212* était le 2 500 rox. Le temps d'analyse variait en fonction de la taille

des allèles rencontrés aux différents loci. Une durée de 25 minutes était nécessaire pour le standard 400HD rox. Le temps d'analyse pour le standard 2 500 rox était de 40 minutes.

L'identification des allèles a été faite à partir des logiciels GeneScan 3.1.2 / Genotyper 2.5 (Applied Biosystems Division, Perkin Elmer, Foster City, CA) en s'assurant de déterminer les allèles de manière uniforme pour chaque locus. Les catégories des allèles pour les six loci microsatellites utilisés ont été déterminées à partir des résultats bruts obtenus et de la structure du microsatellite. Les premiers résultats ont permis d'établir la répartition des allèles selon leur taille brute par rapport au standard utilisé. À partir de ces informations, les catégories ou appellations des différents allèles ont été déterminées selon le motif des séquences répétées (Tableau 4).

Tableau 4. Définition des catégories (pb) permettant l'identification des allèles pour chaque locus de *Placopecten magellanicus*.

Locus	Intervalle entre chaque catégorie	Tolérance	Catégorie minimum	Catégorie maximum
<i>Pma130</i>	2 pb	± 1,00 pb	090	228
<i>Pma132</i>	3 pb	± 1,25 pb	175	262
<i>Pma135</i>	4 pb	± 1,90 pb	260	956
<i>Pma200</i>	2 pb	± 1,00 pb	090	188
<i>Pma212</i>	2 pb	± 1,00 pb	080	238
<i>Pma275</i>	2 pb	± 1,00 pb	070	182

pb = paire de bases

2.7 Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été réalisées avec les individus dont la caractérisation génétique a été réalisée avec succès sur un minimum de cinq loci. Au total, 94,7% des analyses génétiques effectuées ont donné des résultats. Selon les loci, le pourcentage

d'individus analysés variait de 82,4% (*Pma200*) à 99,3% (*Pma132*). Au total, 68,6% des individus ont été analysés avec succès sur les six loci. Tous les fichiers de données ont été d'abord analysés avec le logiciel Microchecker (Van Oosterhout *et al.*, 2004). Ce logiciel a été utilisé afin de détecter les erreurs possibles dans la détermination du génotype et/ou de déterminer la présence d'allèle nul. Le locus *Pma135* n'a pas été analysé par ce logiciel pour des raisons d'incompatibilité entre les valeurs des données et les exigences du logiciel. Les résultats de ces tests sont présentés à l'annexe 2.

2.7.1 Déséquilibre de liaison

Le test de déséquilibre de liaison a été effectué à partir d'un fichier dans lequel 1317 individus ont été regroupés par gisement. Le logiciel FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002, mise à jour de la version 1995) a été utilisé pour évaluer l'importance de l'association entre génotypes pour chaque paire de loci. Le logiciel effectue le test de déséquilibre de liaison pour chaque paire de loci à l'intérieur de chaque gisement. Le test était également effectué pour tous les individus de tous les gisements regroupés pour chaque paire de loci. Le test utilisé correspond à la statistique G du rapport des logarithmes de la vraisemblance.

2.7.2 Caractéristiques génétiques des gisements ou classes d'âge

Les statistiques descriptives concernant les caractéristiques génétiques à l'intérieur d'un échantillon ont été déterminées à l'aide de deux logiciels. Le nombre d'allèles, le nombre moyen d'allèles par locus, les hétérozygoties attendue (*He*) et observée (*Ho*) ont été calculés à partir du logiciel GENETIX 4.04 (Belkhir *et al.*, 1999). La statistique *Fis*, ou coefficient de consanguinité, a été calculée selon la méthode de

Weir et Cockerham (1984) à l'aide du logiciel FSTAT 2.9.3.2 avec randomisations. Le seuil de signification (α corrigé) de la statistique *Fis* a été établi à partir du nombre de loci (six) pour un gisement ou une classe d'âge et le nombre de gisements ou de classes d'âge considéré dans le test. La richesse allélique a également été déterminée avec ce logiciel. La richesse allélique représente le nombre d'allèles à un locus donné dans une population donnée (El Mousadik et Petit, 1996) en tenant compte des effectifs qui diffèrent selon les gisements échantillonnés. Le respect des équilibres de Hardy-Weinberg a été testé pour chaque gisement ou classe d'âge et pour l'ensemble des gisements ou des classes d'âge à l'aide du logiciel FSTAT 2.9.3.2 à partir de 10 000 randomisations. Les randomisations permettant de tester l'équilibre pour chaque population sont basées sur la permutation des allèles entre les individus d'un échantillon. Les randomisations effectuées pour tester les déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg de l'ensemble des populations sont basées sur la permutation des allèles entre les différents échantillons.

2.7.3 Variation génétique entre les gisements ou entre les classes d'âge

La différenciation génétique entre les gisements et entre les classes d'âge a été déterminée à l'aide de la statistique *Fst* à partir de la méthode de Weir et Cockerham (1984). Cette statistique représente une mesure de la variation génétique distribuée entre les échantillons comparée à celle distribuée à l'intérieur des échantillons. La valeur de cette statistique varie de 0, quand les fréquences alléliques des échantillons sont identiques, à 1, lorsque des allèles différents sont fixés dans chaque échantillon. Cette différenciation a été basée sur 10 000 randomisations, en n'assumant pas l'équilibre d'Hardy-Weinberg à l'intérieur des échantillons. Elle a été calculée à l'aide du logiciel

FSTAT 2.9.3.2. La statistique utilisée est celle du G du rapport des logarithmes de vraisemblance (Goudet *et al.*, 1996). Les valeurs de *Fst* pour chaque paire de gisements ou de classes d'âge ont également été calculées à partir du logiciel FSTAT 2.9.3.2.

Les niveaux de significativité ont été ajustés pour les tests multiples en utilisant la correction de Bonferroni (Rice, 1989). La correction de Bonferroni est une technique conservatrice permettant de déterminer les seuils de significativité pour la comparaison de caractéristiques entre plusieurs ensembles de données.

2.7.4 Organisation spatiale ou des classes d'âge

Un arbre phylogénétique, de style UPGMA (« Unweighted pair group method with arithmetic averages »), a été construit pour les analyses des classes d'âge des sites de Chandler et de Bonaventure avec l'aide du logiciel POPTREE (N. Takezaki, non publié, disponible à l'adresse <http://mep.bio.psu.edu/genefreq.html>). Pour construire cet arbre, la mesure de distance génétique (*Da*) de Nei *et al.* (1983) a été utilisée. Takezaki et Nei (1996) ont démontré que l'utilisation de cette distance génétique était préférable avec les marqueurs microsatellites et des populations peu différenciées génétiquement. L'arbre a été construit à partir de 10 000 permutations de type « bootstrap » afin de tester la solidité des divers embranchements. Les résultats de ces tests ont été représentés graphiquement sous la forme d'arbres à l'aide du logiciel TREEVIEW 1.6.6 (Page, 1996).

Une analyse de cadrage multidimensionnel non-métrique (« multidimensional scaling plot ») pour l'échelle spatiale a été réalisée sur l'ensemble des individus. Le logiciel Phylip (© Copyright 1980-2004. University of Washington and Joseph Felsenstein) a été utilisé pour calculer la matrice des distances génétiques entre chaque

paire selon la méthode des moindres carrés de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). Le cadrage multidimensionnel non-métrique a été réalisé par itérations à partir du logiciel Systat (©2002, Systat Software Inc.) et représente les distances entre les objets dans un espace réduit à deux dimensions. Le degré de concordance entre la représentation des distances et les distances originales a été évalué par l'entremise d'une statistique de stress tel que proposé par Kruskal (1964a, 1964b). Différents niveaux d'interprétation sont suggérés par cet auteur selon le stress obtenus : 0,40 = faible (*poor*); 0,20 = honnête (*fair*); 0,10 = bon (*good*); 0,05 = excellent (*excellent*) et 0,00 = parfait (*perfect*).

CHAPITRE III

RÉSULTATS

3.1 Déséquilibre de liaison

Les tests des déséquilibres de liaison ont été effectués en prenant en considération l'ensemble des individus ayant fait l'objet d'analyses génétiques. Les tests de déséquilibre de liaison ont été effectués pour chaque gisement ($N = 19$) et pour l'ensemble des gisements regroupés. Seulement 18 tests, sur une possibilité de 300, ont montré une corrélation positive entre les génotypes (Tableau 5), ce qui correspond à 6% des tests effectués. Il ne semble pas y avoir de patron dans les résultats puisque les loci impliqués varient d'un gisement à l'autre. Ces résultats diffèrent de ceux de Gjetvaj *et al.* (1997) qui avaient observé une corrélation entre les loci *Pma130* et *Pma135*. De plus, il faut noter qu'aucun test n'est significatif lorsque la correction de Bonferroni est appliquée ($\alpha = 0,0002$). Dans ces circonstances, les loci sont considérés comme indépendants les uns des autres pour tous les tests statistiques effectués.

3.2 Caractérisation et différenciation génétique des classes d'âge

3.2.1 Gisement de Chandler (baie des Chaleurs)

Au total, 323 individus du gisement de Chandler ont été analysés (Tableau 2). Les effectifs varient de 30 pour la classe d'âge de 1994 à 58 pour celle de 1997 (Figure 3). Le nombre d'individus analysés varie également selon le locus, de 27 pour la classe d'âge de 1995 au locus *Pma130* à 58 pour la classe d'âge de 1997 au loci *Pma130*, *Pma132* et *Pma212* (Tableau 6).

Tableau 5. Résultats des tests de déséquilibre de liaison pour chaque paire de loci, dont la probabilité est significative ($p < 0,05$).

Paire de loci	Gisement	Probabilité
<i>Pma130 – Pma275</i>	Chevery	0,012
	Dix-Milles	0,035
<i>Pma130 – Pma135</i>	Rivière St-Paul	0,024
	Val-Comeau	0,041
<i>Pma130 – Pma212</i>	Tous les gisements regroupés	0,049
<i>Pma200 – Pma275</i>	baie de Chesapeake	0,027
<i>Pma200 – Pma135</i>	Dix-Milles	0,023
	Gascons	0,021
<i>Pma275 – Pma132</i>	Tous les gisements regroupés	0,014
	Val-Comeau	0,040
<i>Pma275 – Pma212</i>	Pointe Saint-Pierre	0,047
	baie de Chesapeake	0,016
<i>Pma132 – Pma135</i>	Chevery	0,041
	Gascons	0,020
	baie de Chesapeake	0,048
<i>Pma132 – Pma212</i>	Chevery	0,021
	Percé	0,038
	Val-Comeau	0,035

3.2.1.1 Variabilité génétique intra-classe d'âge

Le nombre total d'allèles répertoriés par classe d'âge varie de neuf pour le locus *Pma132* pour les classes d'âge de 1994, 1996 et 2000 à 40 pour le locus *Pma135* de la classe d'âge de 1997 (Tableau 6). Le locus *Pma132* est celui où le nombre d'allèles est le moins élevé quelles que soient les classes d'âge analysées. Au total, 15 allèles différents ont été retrouvés à ce locus pour les sept classes d'âge analysées. Le locus le plus variable est le *Pma135*, avec un nombre total de 90 allèles répertoriés (Tableau 6). Le nombre total d'allèles recensés par classe d'âge varie de 115 pour la classe d'âge de 1994 à 144 pour la classe d'âge de 1997 (Tableau 6). La richesse allélique des différentes classes d'âge analysées au gisement de Chandler se situe entre 7,623 pour le locus

Pma132 (1996) et 23,837 pour la classe d'âge de 1994 au locus *Pma135*. Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 19,2 à 24,0 pour les classes d'âge de 1994 et 1997 respectivement (Figure 4).

Les valeurs moyennes de l'hétérozygotie observée (H_o) sont élevées et varient de 0,731 à 0,807 (Tableau 6, Figure 5). L'hétérozygotie moyenne attendue est supérieure à celle observée pour toutes les classes d'âge et varie de 0,879 (1996) à 0,903 (1994). Les loci *Pma200* et *Pma135* présentent des déviations par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg pour toutes les classes d'âge. Le locus *Pma275* est en déséquilibre pour cinq des sept classes d'âge (1994, 1996, 1997, 1999 et 2000). Toutes les valeurs moyennes des F_{is} sont positives, variant entre 0,108 (1994) à 0,177 (1996 et 1999), ce qui indique un déficit en hétérozygotes (Figure 6). En considérant tous les loci et toutes les classes d'âge, la valeur globale du F_{is} de 0,156 ($\pm 0,070$) est hautement significative ($p < 0,0001$).

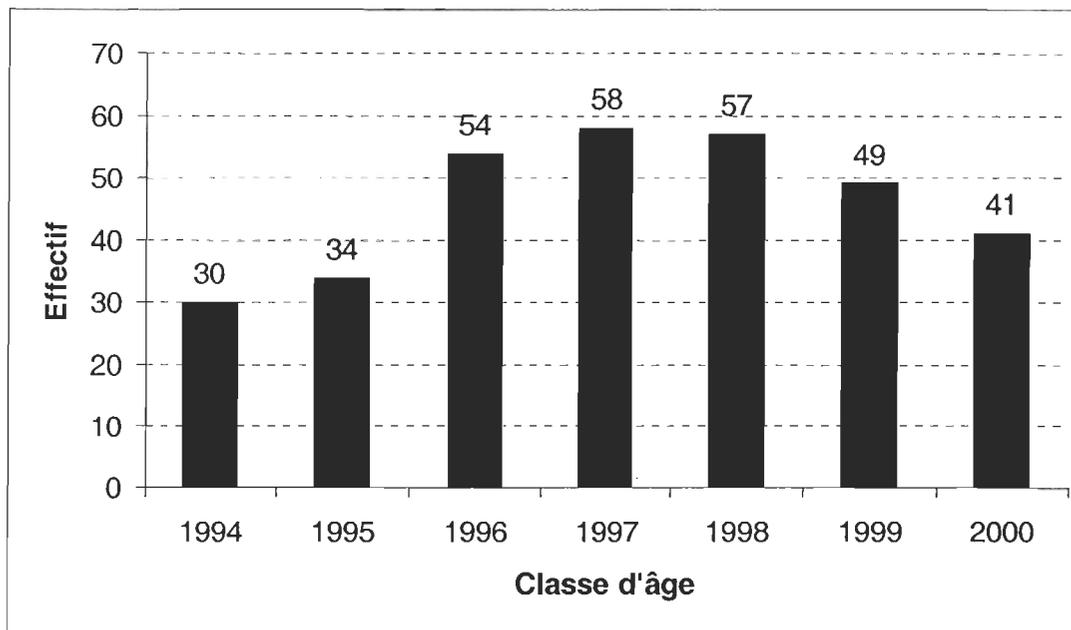


Figure 3. Effectif des différentes classes d'âge analysées pour le gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.

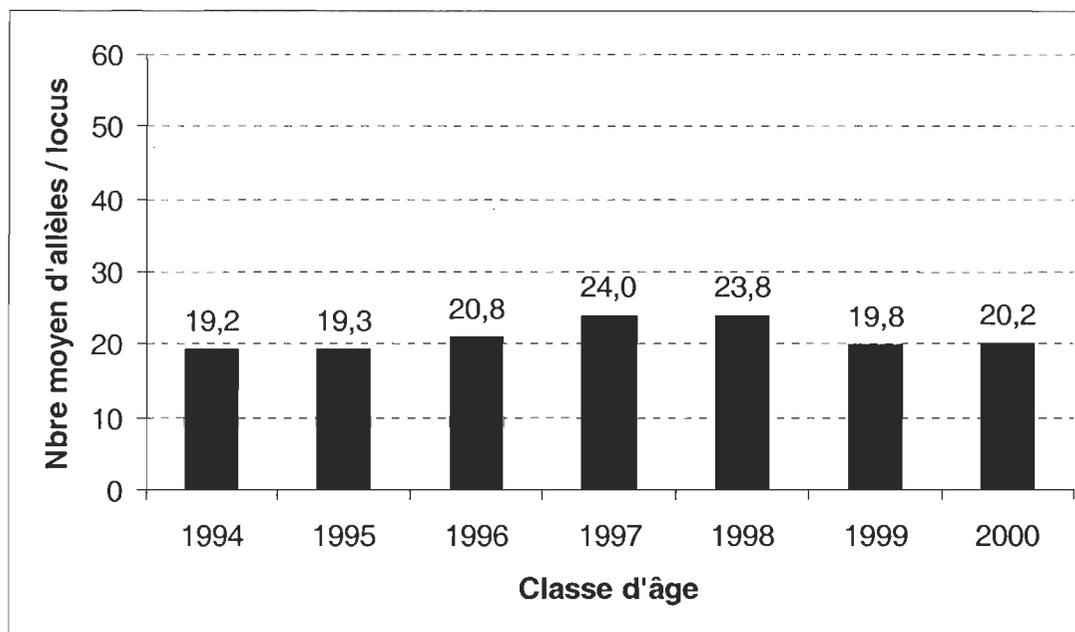


Figure 4. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différentes classes d'âge des pétoncles géants du gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.

Tableau 6. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total de la classe d'âge, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par classe d'âge, Fis moyen et nombre total d'allèles par classes d'âge chez *Placopecten magellanicus* pour les différentes classes d'âge du gisement de Chandler; baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0012$). E.T. = Écart type.

Locus	Classe d'âge						
	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000
<i>Pma130</i>							
N	28	27	54	58	55	46	40
$N_{A(35)}$	19	20	24	26	22	21	21
Taille (pb)	120-176	122-182	130-184	120-188	120-186	124-174	116-170
He	0,946	0,939	0,945	0,944	0,926	0,932	0,939
Ho	1,000	0,963	0,926	0,897	0,909	0,913	1,000
Richesse allélique	18,082	19,158	18,797	19,372	16,539	17,473	17,763
Fis	-0,059	-0,026	0,021	0,050	0,018	0,021	-0,066
<i>Pma200</i>							
N	29	29	46	50	48	45	24
$N_{A(29)}$	20	21	17	17	24	17	19
Taille (pb)	126-170	130-174	130-182	130-176	124-178	130-170	130-178
He	0,932	0,950	0,910	0,926	0,950	0,934	0,954
Ho	0,621	0,448	0,674	0,560	0,521	0,422	0,583
Richesse allélique	18,355	19,648	14,137	14,894	19,284	15,263	19,000
Fis	0,338*	0,532*	0,262*	0,397*	0,455*	0,551*	0,394*
<i>Pma275</i>							
N	30	33	38	57	53	47	40
$N_{A(23)}$	17	13	17	19	21	19	18
Taille (pb)	84-118	88-114	88-122	86-122	78-120	80-120	80-116
He	0,935	0,906	0,930	0,939	0,929	0,934	0,925
Ho	0,700	0,727	0,711	0,702	0,887	0,723	0,700
Richesse allélique	16,097	12,387	15,274	16,686	16,519	16,018	15,580
Fis	0,255*	0,200	0,238*	0,254*	0,046	0,227*	0,246*
<i>Pma132</i>							
N	30	34	54	58	57	49	41
$N_{A(15)}$	9	11	9	13	10	11	9
Taille (pb)	205-241	205-241	208-262	205-244	205-241	205-241	199-241
He	0,724	0,721	0,604	0,697	0,655	0,679	0,681
Ho	0,867	0,735	0,593	0,724	0,667	0,674	0,707
Richesse allélique	8,362	9,904	7,623	10,123	8,026	9,152	8,165
Fis	-0,201	-0,020	0,019	-0,039	-0,018	0,009	-0,039

Tableau 6. (suite)

Locus	Classe d'âge						
	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000
<i>Pma135</i>							
<i>N</i>	29	34	50	55	57	49	41
<i>N_{A(90)}</i>	27	26	30	40	36	26	31
Taille (pb)	272-856	272-832	268-792	272-844	264-840	272-808	272-740
<i>He</i>	0,941	0,935	0,929	0,940	0,925	0,893	0,921
<i>Ho</i>	0,759	0,794	0,720	0,655	0,702	0,735	0,610
Richesse allélique	23,837	21,679	20,082	23,774	21,234	17,537	21,538
<i>Fis</i>	0,196*	0,152*	0,227*	0,306*	0,243*	0,178*	0,340*
<i>Pma212</i>							
<i>N</i>	29	34	54	58	56	49	41
<i>N_{A(39)}</i>	23	25	28	29	30	25	23
Taille (pb)	100-184	106-176	104-174	100-178	100-170	102-166	100-154
<i>He</i>	0,941	0,958	0,953	0,954	0,950	0,948	0,947
<i>Ho</i>	0,897	0,971	0,852	0,914	0,911	0,918	0,927
Richesse allélique	21,124	22,051	21,589	21,452	21,259	19,959	19,753
<i>Fis</i>	0,048	-0,013	0,107	0,042	0,042	0,032	0,022
Global							
<i>N_{total}</i>	30	34	54	58	57	49	41
<i>N_A moyen/locus</i>	19,2	19,3	20,8	24,0	23,8	19,8	20,2
<i>He</i> moyen	0,903	0,902	0,879	0,900	0,889	0,887	0,894
E.T.	0,088	0,090	0,135	0,010	0,115	0,103	0,105
<i>Ho</i> moyen	0,807	0,773	0,746	0,742	0,766	0,731	0,755
E.T.	0,140	0,192	0,122	0,139	0,161	0,183	0,171
<i>Fis</i> moyen	0,108*	0,145*	0,153*	0,177*	0,140*	0,177*	0,159*
Nombre total d'allèles	115	116	125	144	143	119	121

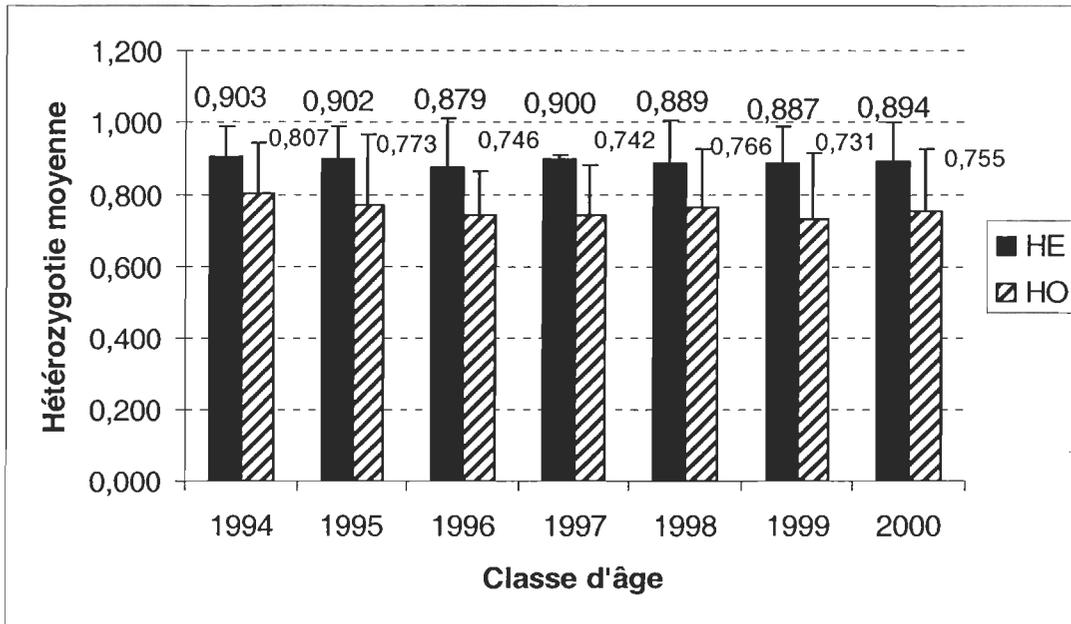


Figure 5. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (H_e) et observée (H_o) avec écart type pour les différentes classes d'âge au gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.

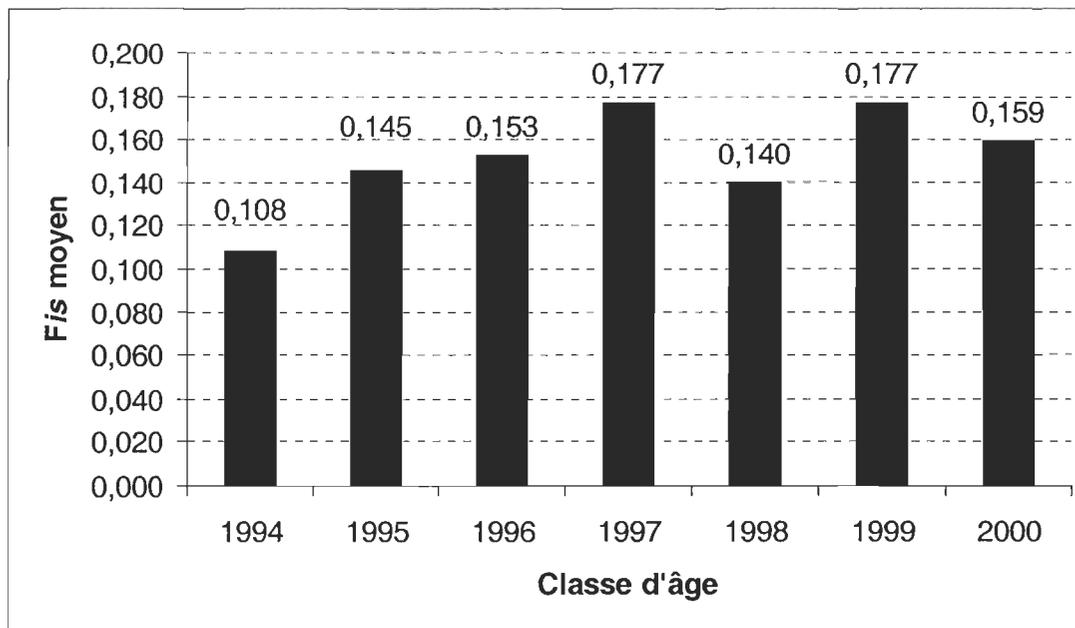


Figure 6. Valeur moyenne du F_{is} pour les différentes classes d'âge du gisement de Chandler, dans la baie des Chaleurs.

3.2.1.2 Différenciation génétique entre les classes d'âge

La valeur globale de la statistique F_{st} pour les différentes classes d'âge du gisement de Chandler est de $-0,001$ ($\pm 0,001$; $p = 0,58$), ne démontrant aucune différenciation génétique entre les classes d'âge analysées à ce gisement. Les valeurs de F_{st} par paire pour chaque comparaison de classes d'âge apparaissent au Tableau 7. Seulement les valeurs des comparaisons des classes d'âge de 1995-1996 et 1995-1999 s'approchent du seuil de signification. Les valeurs ne sont pas significatives après la correction de Bonferroni.

Tableau 7. Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de classes d'âge pour le gisement de Chandler (baie des Chaleurs). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$.

Classes d'âge comparées	Valeurs de F_{st}	Probabilité
1994 - 1995	-0,0018	0,55
1994 - 1996	-0,0004	0,60
1994 - 1997	-0,0025	0,69
1994 - 1998	-0,0039	0,97
1994 - 1999	-0,0019	0,54
1994 - 2000	-0,0060	1,00
1995 - 1996	0,0030	0,02
1995 - 1997	-0,0013	0,29
1995 - 1998	-0,0012	0,42
1995 - 1999	0,0024	0,05
1995 - 2000	-0,0009	0,40
1996 - 1997	0,0004	0,33
1996 - 1998	0,0010	0,25
1996 - 1999	0,0014	0,20
1996 - 2000	-0,0008	0,83
1997 - 1998	-0,0011	0,37
1997 - 1999	0,0016	0,10
1997 - 2000	-0,0024	0,84
1998 - 1999	-0,0027	0,79
1998 - 2000	-0,0054	1,00
1999 - 2000	-0,0054	0,98

3.2.1.3 Organisation des classes d'âge

La Figure 7 montre l'arbre phylogénétique (UPGMA) obtenu après 10 000 permutations de type « bootstrap » pour les sept classes d'âge de pétoncles géants du gisement de Chandler. Les différentes classes d'âge analysées se partagent en trois groupes. Le premier est formé par les classes d'âge de 1998 à 2000. Le deuxième est formé par les classes d'âge de 1996 et de 1997. Le troisième groupe est formé par les classes d'âge de 1994 et de 1995 avec une valeur de probabilité issue de « bootstrap » de 78% qui est plus élevée que les deux groupes précédents. En général, les valeurs de « bootstrap » sont faibles, variant de 43 à 78%.

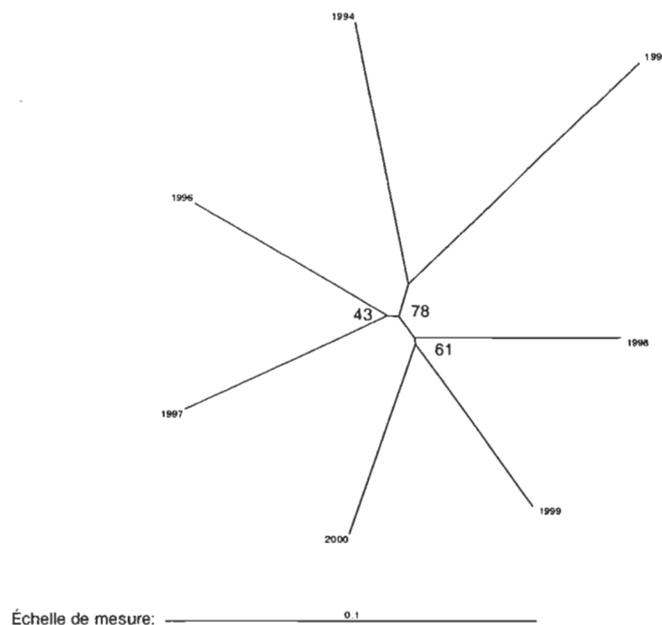


Figure 7. Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (D_a) de Nei *et al.* (1983) découlant de l'analyse de six loci pour les sept classes d'âge échantillonnées de *Placopecten magellanicus* au gisement de Chandler, baie des Chaleurs. La méthode de re-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations.

3.2.2 Gisement de Bonaventure (baie des Chaleurs)

Le nombre total d'individus analysés pour le gisement de Bonaventure est de 202 (Tableau 2). Cependant, le nombre d'individus utilisés pour les analyses statistiques est de 174, puisque les classes d'âge de 1994 et 1997 ont été rejetées en raison d'un effectif inférieur à 25 individus. Le nombre d'individus analysés avec succès par locus varie entre 22 (*Pma275* et *Pma200*) pour la classe d'âge de 2000 et 49 (*Pma275* et *Pma212*) pour celle de 1996 (Tableau 8). Le nombre d'individus total analysés est au minimum de 25 (2000) et au maximum de 49 (1996) selon les différentes classes d'âge (Figure 8).

3.2.2.1 Variabilité génétique intra-classe d'âge

Le nombre d'allèles détectés par locus et par classe d'âge est très variable, passant de 9 pour le locus *Pma132* en 2000 à 32 pour le locus *Pma135* dans la classe d'âge de 1999 (Tableau 8). Le locus *Pma132* présente la plus faible diversité avec 19 allèles répertoriés. Le nombre d'allèles par classe d'âge varie de 9 (2000) à 16 (1999) pour ce locus. Le locus le plus variable est le *Pma135* avec 69 allèles se répartissant selon les différentes classes d'âge entre 15 (1995) et 32 (1999) (Tableau 8). Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 15,3 pour la classe d'âge de 1995 à 22,0 pour la classe d'âge de 1999 (Tableau 8, Figure 9). Le plus grand nombre d'allèles recensés, pour les six loci, est de 132 pour la classe d'âge de 1999 (Tableau 8). La richesse allélique varie de 8,884 pour le locus *Pma132* dans la classe d'âge de 1995 à 24,859 pour la classe d'âge de 1998 au locus *Pma135*.

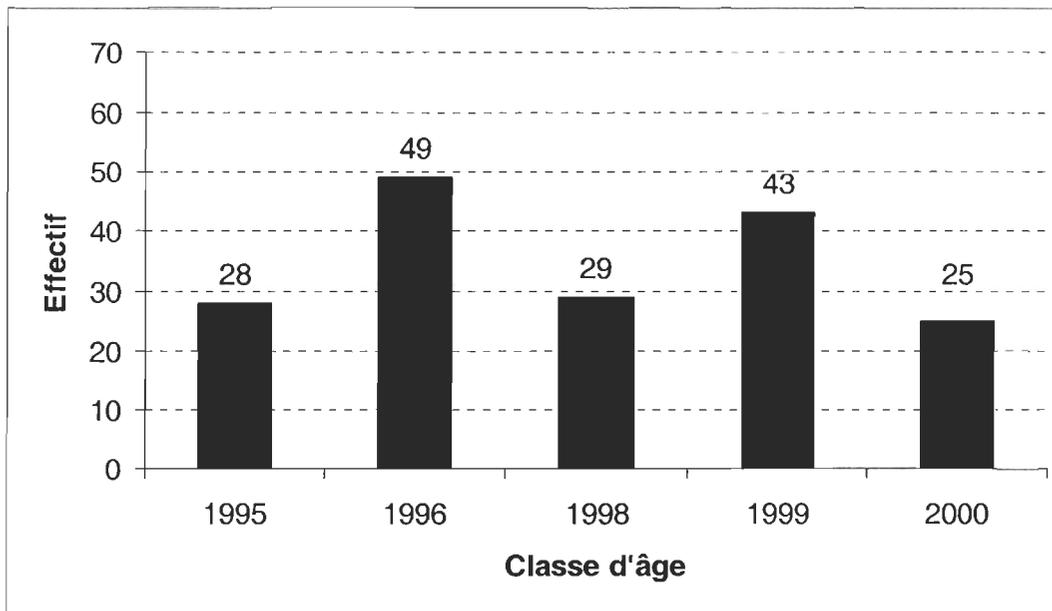


Figure 8. Effectif des différentes classes d'âge analysées au gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.



Figure 9. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.

Tableau 8. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total de la classe d'âge, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par classe d'âge, Fis moyen et nombre total d'allèles par classes d'âge chez *Placopecten magellanicus* pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure; baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0017$). E.T. = Écart type.

Locus	Classe d'âge				
	1995	1996	1998	1999	2000
<i>Pma130</i>					
N	25	46	29	43	24
$N_{A(30)}$	16	18	21	22	18
Taille (pb)	132-164	128-164	120-166	120-184	120-180
He	0,918	0,927	0,952	0,940	0,933
Ho	0,840	0,870	0,931	0,884	0,958
Richesse allélique	15,241	15,144	19,365	17,692	17,400
Fis	0,087	0,062	0,022	0,061	-0,028
<i>Pma200</i>					
N	25	39	26	31	22
$N_{A(25)}$	13	24	15	16	20
Taille (pb)	128-156	128-178	130-168	130-162	128-180
He	0,891	0,965	0,928	0,930	0,959
Ho	0,520	0,667	0,346	0,710	0,410
Richesse allélique	12,491	19,785	14,355	15,224	20,000
Fis	0,421*	0,298*	0,632*	0,240*	0,579*
<i>Pma275</i>					
N	27	49	25	41	22
$N_{A(20)}$	15	16	14	19	15
Taille (pb)	84-122	82-118	90-118	80-124	90-118
He	0,929	0,921	0,934	0,920	0,940
Ho	0,852	0,755	0,920	0,830	0,773
Richesse allélique	14,343	14,087	13,840	15,783	15,000
Fis	0,084	0,182*	0,015	0,099	0,181
<i>Pma132</i>					
N	28	46	28	42	23
$N_{A(19)}$	10	13	10	16	9
Taille (pb)	205-241	202-262	208-262	196-262	205-247
He	0,615	0,699	0,726	0,752	0,800
Ho	0,607	0,609	0,536	0,762	0,870
Richesse allélique	8,884	9,434	9,306	12,443	8,911
Fis	0,013	0,131	0,266	-0,013	-0,089

Tableau 8. (suite)

Locus	Classe d'âge				
	1995	1996	1998	1999	2000
<i>Pma135</i>					
<i>N</i>	25	48	26	41	24
$N_{A(69)}$	15	24	28	32	21
Taille (pb)	272-636	272-816	272-900	272-920	272-796
<i>He</i>	0,913	0,886	0,946	0,949	0,943
<i>Ho</i>	0,640	0,604	0,808	0,756	0,833
Richesse allélique	14,373	16,207	24,859	22,368	20,062
<i>Fis</i>	0,303*	0,320*	0,148	0,205*	0,119
<i>Pma212</i>					
<i>N</i>	24	49	28	41	24
$N_{A(36)}$	23	27	22	27	20
Taille (pb)	106-202	104-172	104-156	100-180	100-174
<i>He</i>	0,959	0,947	0,955	0,955	0,953
<i>Ho</i>	0,917	0,918	0,893	0,781	0,875
Richesse allélique	22,056	20,293	20,373	20,780	19,389
<i>Fis</i>	0,045	0,031	0,066	0,185*	0,083
Global					
<i>N</i> _{total}	28	49	29	43	25
N_A moyen/locus	15,3	20,3	18,3	22,0	17,2
<i>He</i> moyen	0,871	0,888	0,907	0,908	0,921
E.T.	0,127	0,100	0,089	0,077	0,060
<i>Ho</i> moyen	0,729	0,737	0,739	0,787	0,786
E.T.	0,161	0,134	0,242	0,061	0,195
<i>Fis</i> moyen	0,165*	0,171*	0,188*	0,135*	0,149*
Nombre total d'allèles	92	122	110	132	103

L'hétérozygotie moyenne observée est élevée pour toutes les classes d'âge et varie entre 0,729 et 0,787 (Tableau 8, Figure 10). L'hétérozygotie moyenne attendue est systématiquement plus élevée que celle observée, s'étendant de 0,871 à 0,921 pour les classes d'âge de 1995 et 2000 respectivement (Tableau 8, Figure 10). Toutes les classes d'âge présentent des déviations significatives par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg au locus *Pma200*. La classe d'âge de 1996 s'écarte également de l'équilibre d'Hardy-Weinberg pour les loci *Pma275* et *Pma135*. Le locus *Pma135* présente aussi une déviation significative pour les classes d'âge de 1995 et 1999. Une dernière

déviations par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg est observée pour la classe d'âge de 1999 au locus *Pma212*. Les valeurs moyennes de la statistique *Fis* varient de 0,135 à 0,188 (Figure 11) et chaque classe d'âge présente des déviations par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg qui sont significatives ($p = 0,0012$) et qui sont causées par des déficits en hétérozygotes (*Fis* positif) à toutes les classes d'âge. Ces déviations sont principalement dues au locus *Pma200*. La valeur globale du *Fis* pour toutes les classes d'âge et tous les loci est de 0,164 ($\pm 0,059$) et est hautement significative ($p < 0,0001$).

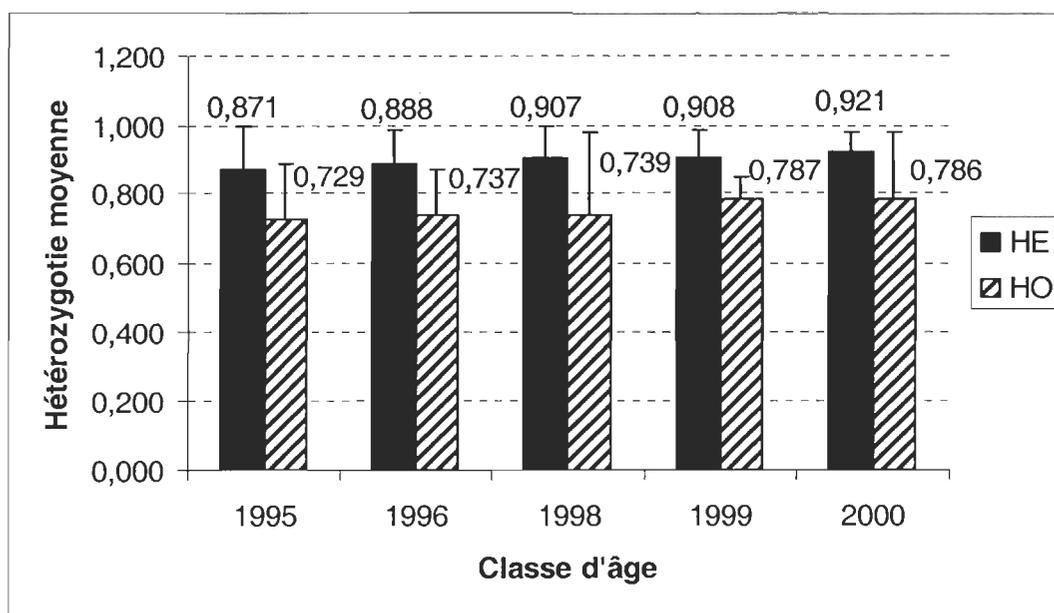


Figure 10. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (*He*) et observée (*Ho*) avec écart type pour les différentes classes d'âge au gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.

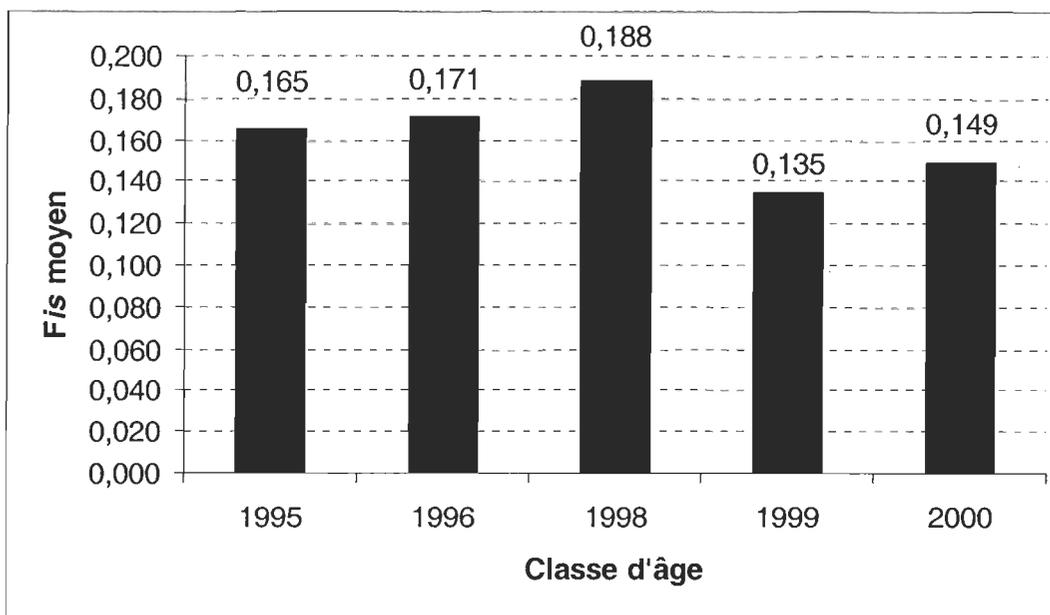


Figure 11. Valeur moyenne du *Fis* pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs.

3.2.2.2 Différenciation génétique entre les classes d'âge

La valeur globale du *Fst* est de $-0,001 (\pm 0,001; p = 0,83)$, démontrant qu'il n'y a pas de différence génétique entre les classes d'âge analysées. Les valeurs des *Fst* par paire pour les différentes classes d'âge du gisement de Bonaventure sont présentées dans le Tableau 9. Aucune valeur de probabilité ne se rapproche du seuil de signification.

3.2.2.3 Organisation des classes d'âge

La Figure 12 montre l'arbre phylogénétique des différentes classes d'âge de pétoncles géants provenant du gisement de Bonaventure. Il ne semble pas y avoir d'organisation précise des classes d'âge. Les classes d'âge de 1996 et 1998 se rassemblent dans une proportion de 90% des 10 000 permutations de type « bootstrap » effectuées pour le test. Les classes d'âge successives du gisement de Bonaventure

(Figure 12) ne se rejoignent pas comme celles du gisement de Chandler (Figure 7). Les valeurs de « bootstrap » sont faibles.

Tableau 9. Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de classes d'âge pour le gisement de Bonaventure (baie des Chaleurs). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$.

Classes d'âge comparées	Valeurs de F_{st}	Probabilité
1995 - 1996	0,0018	0,45
1995 - 1998	-0,0025	0,90
1995 - 1999	-0,0034	0,97
1995 - 2000	0,0024	0,23
1996 - 1998	-0,0049	0,98
1996 - 1999	0,0036	0,21
1996 - 2000	0,0015	0,39
1998 - 1999	-0,0045	0,97
1998 - 2000	-0,0019	0,30
1999 - 2000	-0,0018	0,67

Des tests additionnels ont été effectués dans le but de détecter des différences génétiques entre les classes d'âge. Pour réaliser ces tests, les individus appartenant aux différentes classes d'âge de la baie des Chaleurs ont été regroupés sans tenir compte de la provenance du gisement. Ce test a pu être réalisé étant donnée qu'aucune différence génétique n'a été détectée entre les gisements de cette région (voir la section 3.3.1). La Figure 13 montre les effectifs obtenus après regroupement des gisements pour les classes d'âge de 1994 à 2000. Le Tableau 10 montre la valeur des F_{st} par paire pour les différentes comparaisons possibles de classes d'âge pour tous les individus de la région de la baie des Chaleurs réunis. Aucun des tests effectués ne s'approche du seuil de signification. La valeur globale F_{st} de -0,001 ($\pm 0,000$) est non significative ($p = 0,44$)

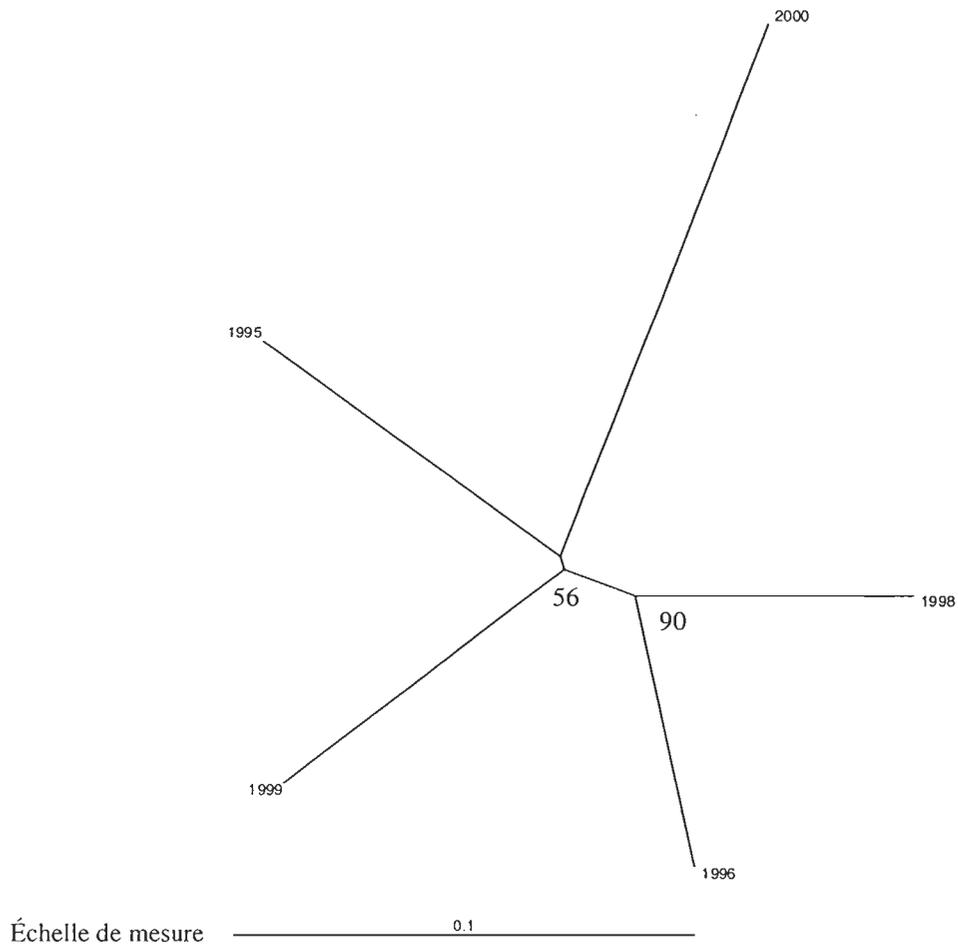


Figure 12. Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (D_a) de Nei *et al.* (1983) découlant de l'analyse de six loci pour les sept classes d'âge échantillonnées de *Placopecten magellanicus* au gisement de Bonaventure, baie des Chaleurs. La méthode de re-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations.

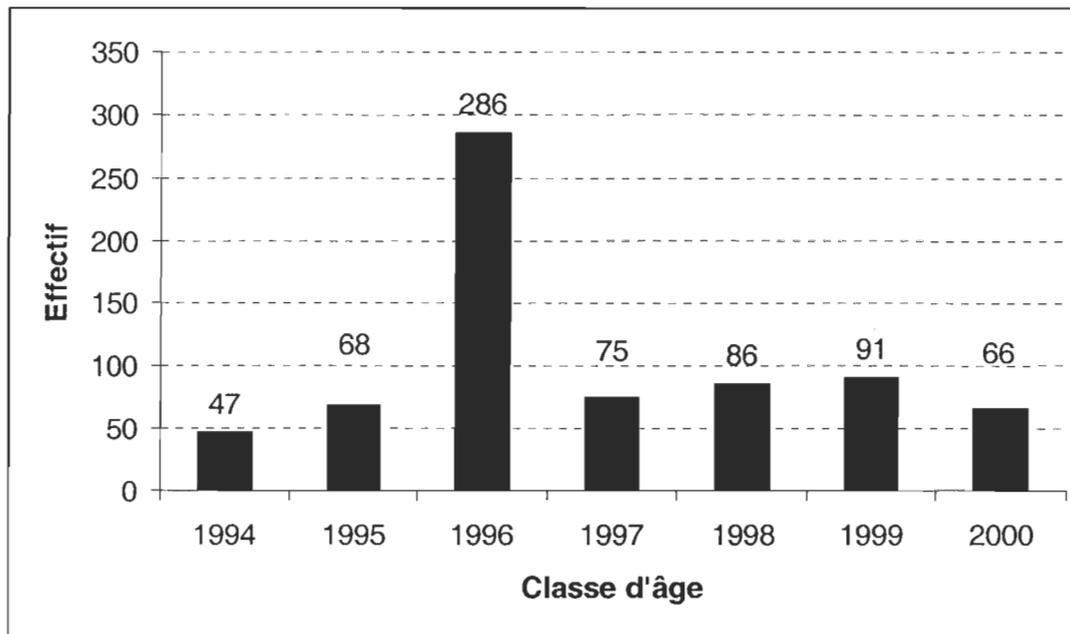


Figure 13. Effectif des différentes classes d'âge pour tous les gisements regroupés de la région de la baie des Chaleurs.

Les mêmes tests de regroupement de classes d'âge ont été réalisés pour la région du Sud du Golfe pour deux classes d'âge, 1996 et 1997, étant donné que tous les gisements sont homogènes génétiquement dans cette région (voir la section 3.3.3). Le nombre d'individus pour la classe d'âge de 1996 est de 99 et de 61 individus pour la classe d'âge de 1997. La valeur globale du *Fst* de ce groupe est égal à zéro et non significative ($p = 0,67$).

3.3 Différenciation génétique entre les gisements de chaque région

Comme aucune différenciation génétique n'a pu être détectée entre les différentes classes d'âge, celles-ci ont été réunies dans un seul échantillon afin d'augmenter l'effectif total de chaque gisement. Les gisements ont été divisés selon les quatre grandes régions de distribution du pétoncle géant dans le golfe du Saint-Laurent, soit la baie des Chaleurs

(CHA), les Îles-de-la-Madeleine (IDM), le Sud du Golfe (SDG) et la Basse Côte-Nord (BCN).

Tableau 10. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les différentes classes d'âge pour la région de la baie des Chaleurs. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0024$.

Classes d'âge	Valeur <i>Fst</i>	Probabilité
1994 - 1995	-0,0004	0,419
1994 - 1996	0,0001	0,379
1994 - 1997	-0,0008	0,233
1994 - 1998	-0,0017	0,755
1994 - 1999	-0,0008	0,224
1994 - 2000	-0,0023	0,740
1995 - 1996	-0,0003	0,700
1995 - 1997	-0,0015	0,817
1995 - 1998	-0,0020	0,814
1995 - 1999	-0,0010	0,671
1995 - 2000	-0,0011	0,326
1996 - 1997	0,0002	0,317
1996 - 1998	-0,0006	0,752
1996 - 1999	0,0000	0,162
1996 - 2000	-0,0003	0,488
1997 - 1998	-0,0008	0,460
1997 - 1999	0,0003	0,238
1997 - 2000	-0,0016	0,264
1998 - 1999	-0,0025	0,757
1998 - 2000	-0,0019	0,433
1999 - 2000	-0,0023	0,712
Global	-0,001	0,441

3.3.1 Gisements de la baie des Chaleurs

Le nombre d'individus total ayant servi aux analyses génétiques est de 736. Les gisements de Bonaventure et de Chandler ont des effectifs totaux respectifs de 202 et 323 (Figure 14), car toutes les classes d'âge ont été prises en considération pour ces deux gisements. Le nombre d'individus analysés par locus varie de 24 (*Pma200*, Percé) à 323

(*Pma132*, Chandler). Selon les gisements, les effectifs varient de 28 (Percé) à 323 (Chandler) (Figure 14).

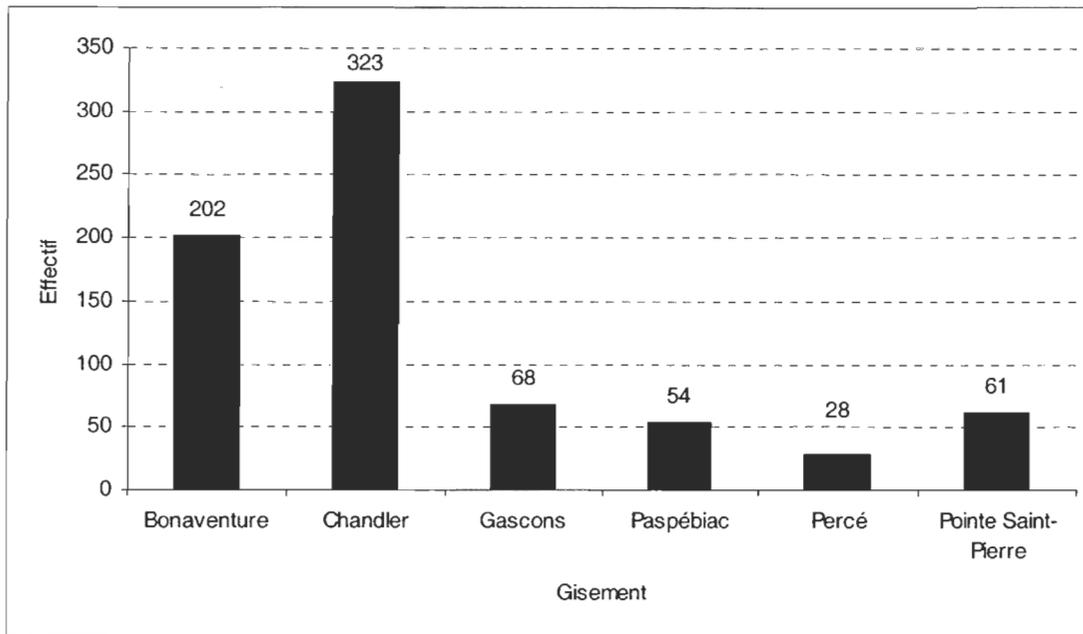


Figure 14. Effectif des différents gisements pour la région de la baie des Chaleurs.

3.3.1.1 Variabilité génétique intra-gisement

Le nombre d'allèles varie de 10 pour le locus *Pma132* au gisement de Pointe Saint-Pierre à 90 pour le locus *Pma135* au gisement de Chandler (Tableau 11). Le nombre total d'allèles répertoriés pour tous les loci varie de 107 au gisement de Percé ($n = 28$) à 231 pour le gisement de Chandler ($n = 323$). Le locus *Pma132* est le moins diversifié, avec un total de 20 allèles différents pour les six gisements étudiés. Le locus *Pma135* reste le plus diversifié avec un total de 134 allèles, dont 90 au seul gisement de Chandler, ce qui représente 67% de tous les allèles recensés à ce locus. Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 17,8 à Percé à 38,5 à Chandler (Tableau 11, Figure 15). Les gisements de Bonaventure et de Chandler possèdent le plus grand nombre

moyen d'allèles par locus avec des valeurs respectives de 35,167 et 38,500, mais également le plus grand effectif de tous les gisements dans cette région (Tableau 11, Figure 14). La richesse allélique des gisements de la baie des Chaleurs varie de 8,035 pour le locus *Pma132* au gisement de Paspébiac à 21,800 pour le locus *Pma135* au gisement de Percé.

L'hétérozygotie observée est élevée pour les gisements de la région de la baie des Chaleurs bien que déficiente par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg, s'étendant de 0,375 pour le locus *Pma200* au gisement de Percé à 0,971 pour le locus *Pma130* au gisement de Gascons. Les valeurs d'hétérozygotie moyenne observée varient de 0,755 à 0,815 (Tableau 11; Figure 16). L'hétérozygotie moyenne attendue est plus élevée que l'hétérozygotie moyenne observée avec des valeurs s'étendant de 0,885 pour les gisements de Paspébiac et Pointe Saint-Pierre à 0,899 au gisement de Bonaventure (Tableau 11, Figure 16). Le locus *Pma200* montre une déviation significative par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg pour tous les gisements avec des valeurs de *Fis* qui varient de 0,177 à 0,605 ($p = 0,0014$). Le locus *Pma275* présente également des déviations à Bonaventure, Chandler, Paspébiac et Pointe Saint-Pierre (Tableau 11). Le locus *Pma212* dévie significativement au gisement de Bonaventure. Le locus *Pma135*, les gisements de Bonaventure, Chandler et Gascons présentent également des déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg. Les valeurs moyennes des *Fis* (Figure 17) de tous les gisements montrent des déviations significatives ($p = 0,0014$). Ces déviations sont dues principalement aux loci *Pma200* et *Pma135*. La valeur globale du *Fis* de tous les gisements est de 0,147 ($\pm 0,066$; $p < 0,0001$).

Tableau 11. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, Fis moyen et nombre total d'allèles par gisement chez *Placopecten magellanicus* pour les gisements de la baie des Chaleurs; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0014$). E.T. = Écart type.

Locus	Gisements					
	Bonaventure	Chandler	Gascons	Paspébiac	Percé	Pointe St-Pierre
<i>Pma130</i>						
N	190	308	68	52	28	60
$N_{A(38)}$	30	35	29	22	17	23
Taille (pb)	120-184	116-188	114-180	130-184	120-186	128-190
He	0,933	0,938	0,935	0,940	0,881	0,932
Ho	0,900	0,935	0,971	0,923	0,857	0,950
Richesse allélique	17,244	18,279	19,346	18,045	15,943	17,101
Fis	0,035	0,003	-0,038	0,018	0,027	-0,020
<i>Pma200</i>						
N	170	271	59	47	24	49
$N_{A(30)}$	26	29	21	19	15	23
Taille (pb)	128-180	124-182	128-180	130-176	124-168	128-182
He	0,935	0,938	0,934	0,930	0,936	0,941
Ho	0,547	0,546	0,559	0,447	0,375	0,776
Richesse allélique	18,025	17,761	16,984	16,252	15,000	18,888
Fis	0,415*	0,418*	0,403*	0,522*	0,605*	0,177*
<i>Pma275</i>						
N	188	298	66	54	28	61
$N_{A(26)}$	21	23	17	19	19	19
Taille (pb)	80-124	78-122	86-138	80-122	86-126	82-118
He	0,926	0,929	0,925	0,932	0,946	0,929
Ho	0,825	0,742	0,849	0,778	0,964	0,803
Richesse allélique	15,037	15,712	14,177	15,887	18,112	15,523
Fis	0,110*	0,202*	0,084	0,167*	-0,020	0,136*
<i>Pma132</i>						
N	195	323	68	54	28	61
$N_{A(20)}$	19	15	13	11	11	10
Taille (pb)	196-262	199-262	199-241	205-241	193-262	199-241
He	0,719	0,672	0,695	0,643	0,731	0,629
Ho	0,687	0,697	0,691	0,722	0,750	0,607
Richesse allélique	10,205	8,762	9,657	8,035	10,125	8,202
Fis	0,045	-0,036	0,005	-0,124	-0,027	0,036

Tableau 11. (suite)

Locus	Gisements					
	Bonaventure	Chandler	Gascons	Paspébiac	Percé	Pointe St-Pierre
<i>Pma135</i>						
<i>N</i>	190	315	65	40	28	60
<i>N_{A(134)}</i>	76	90	38	28	24	38
Taille (pb)	268-920	264-856	264-928	272-872	272-872	272-904
<i>He</i>	0,929	0,928	0,939	0,909	0,943	0,928
<i>Ho</i>	0,705	0,705	0,785	0,775	0,786	0,850
Richesse allélique	20,833	21,719	21,800	20,249	21,820	21,266
<i>Fis</i>	0,241*	0,241*	0,165*	0,149	0,169	0,084
<i>Pma212</i>						
<i>N</i>	191	321	68	53	28	61
<i>N_{A(43)}</i>	39	39	30	27	21	31
Taille (pb)	100-202	100-184	100-172	106-168	106-158	102-166
<i>He</i>	0,952	0,951	0,946	0,954	0,952	0,955
<i>Ho</i>	0,847	0,910	0,897	0,887	0,929	0,902
Richesse allélique	21,807	21,360	20,732	21,461	19,919	21,815
<i>Fis</i>	0,082*	0,043	0,052	0,071	0,025	0,056
Global						
<i>N_{total}</i>	202	323	68	54	28	61
<i>N_A moyen/locus</i>	35,2	38,5	24,7	21,0	17,8	24,0
<i>He</i> moyen	0,899	0,893	0,896	0,885	0,898	0,885
E.T.	0,089	0,108	0,099	0,119	0,086	0,126
<i>Ho</i> moyen	0,756	0,756	0,792	0,755	0,777	0,815
E.T.	0,135	0,146	0,149	0,169	0,213	0,120
<i>Fis</i> moyen	0,159*	0,154*	0,117*	0,148*	0,137*	0,081*
Nombre total d'allèles	211	231	148	126	107	144

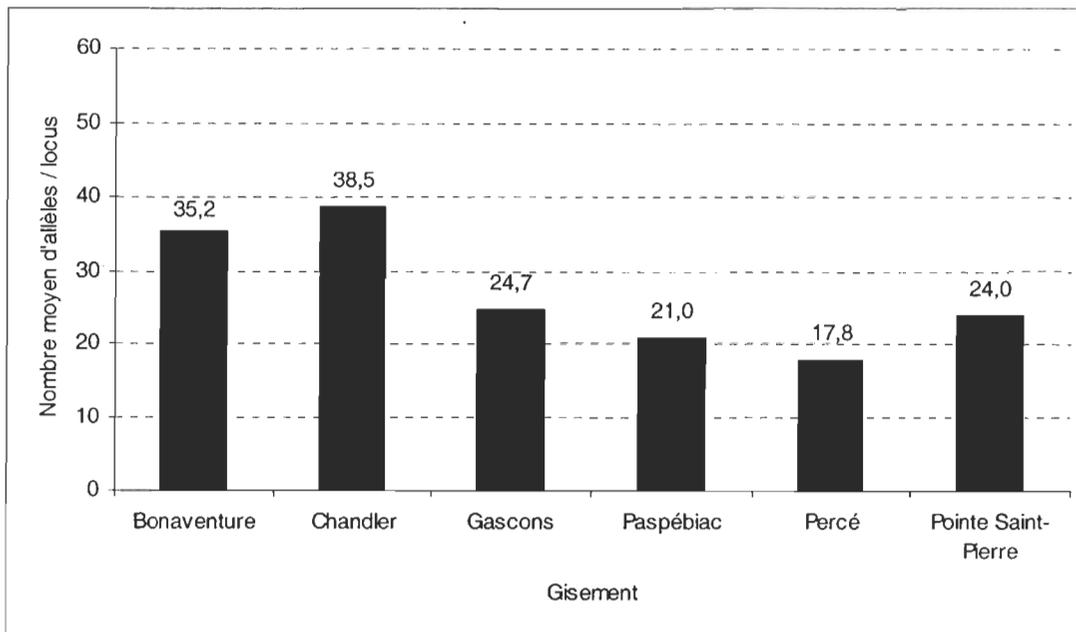


Figure 15 Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.

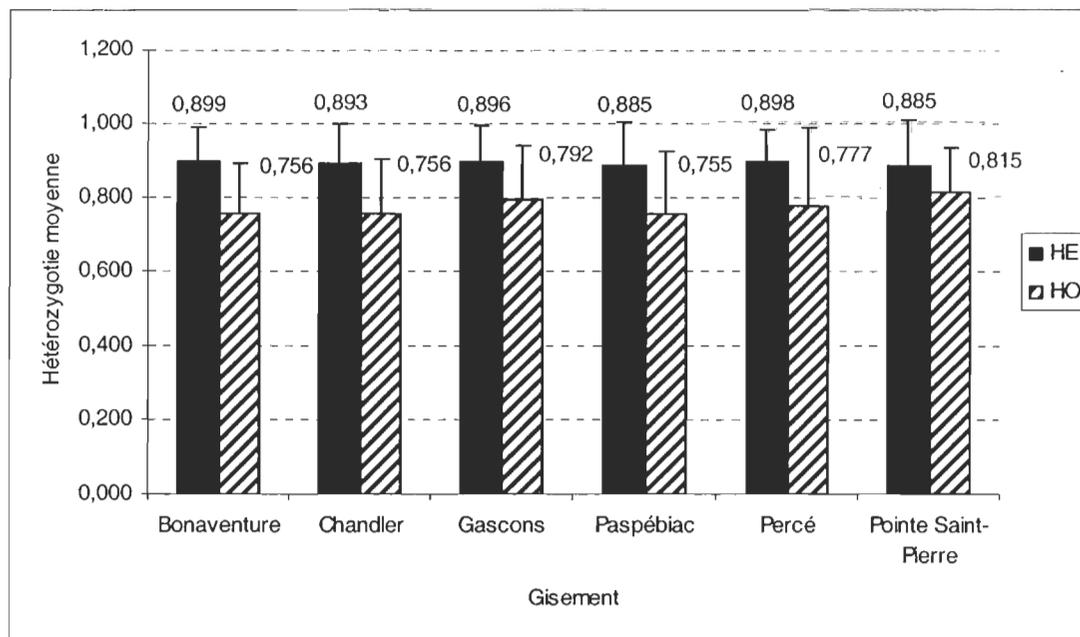


Figure 16. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (H_e) et observée (H_o) avec écart type pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.

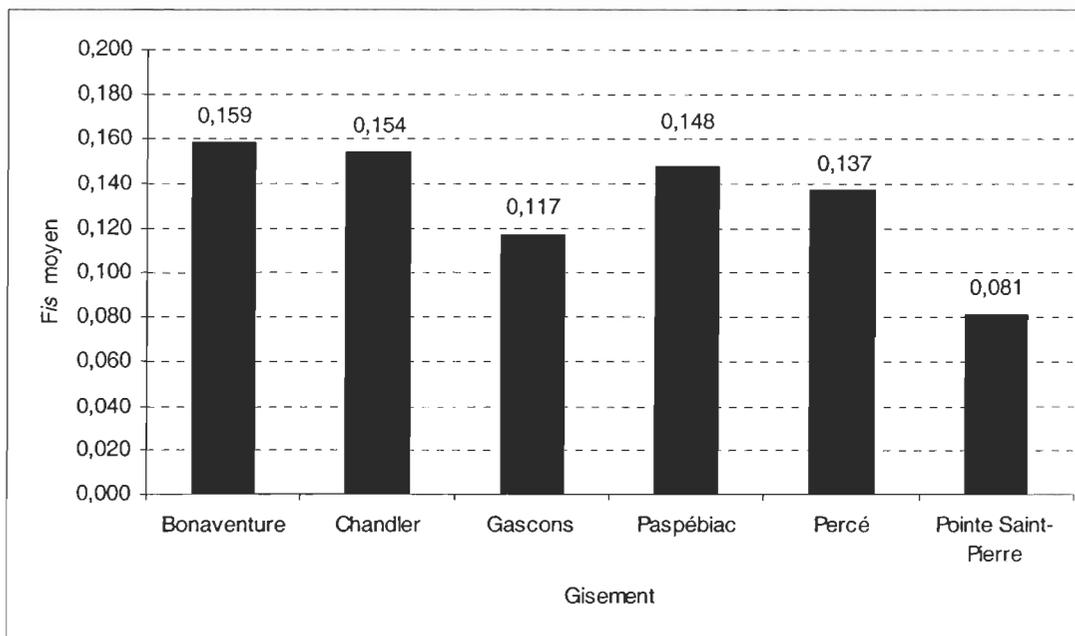


Figure 17. Valeur moyenne du *Fis* pour les différents gisements de la région de la baie des Chaleurs.

3.3.1.2 Différenciation génétique entre les gisements

La valeur globale du *Fst* est nulle et non significative ($p = 0,544$). Les valeurs des *Fst* par paire, pour toutes les comparaisons de gisements possibles, ne démontrent aucune différence significative entre les gisements de la baie des Chaleurs (Tableau 12), incluant ceux de Pointe Saint-Pierre et de Percé qui se situent tout juste à l'extérieur de la baie des Chaleurs (Figure 1). Seule la comparaison entre Chandler (CH) et Gascons (GC) se rapproche du seuil de signification.

Tableau 12. Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de gisements pour la région de la baie des Chaleurs. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,0033$. BV = Bonaventure, CH = Chandler, GC, Gascons, PB = Paspébiac, PC = Percé et SP = Pointe Saint-Pierre.

Gisements comparés	F_{st}	Probabilité
BV vs CH	0,0001	0,27
BV vs GC	-0,0001	0,67
BV vs PB	-0,0013	0,83
BV vs PC	0,0017	0,12
BV vs SP	-0,0017	0,98
CH vs GC	0,0005	0,05
CH vs PB	-0,0019	0,73
CH vs PC	0,0009	0,10
CH vs SP	-0,0021	1,00
GC vs PB	-0,0021	0,50
GC vs PC	0,0018	0,10
GC vs SP	-0,0004	0,47
PB vs PC	0,0010	0,14
PB vs SP	-0,0039	0,87
PC vs SP	-0,0004	0,54

3.3.2 Gisements des Îles-de-la-Madeleine

L'effectif total de la région des Îles-de-la-Madeleine est de 214 individus répartis entre quatre gisements d'environ 50 individus (Figure 18). L'effectif des gisements du Fond du Sud-Ouest et de la Chaîne de la Passe est de 51 et celui de Dix-Milles de 56 (Figure 18). Les effectifs selon les loci aux quatre gisements des Îles-de-la-Madeleine varient entre 37 (*Pma200*) au gisement de la Chaîne de la Passe et 56 (*Pma275*, *Pma132*, *Pma135* et *Pma212*) pour le gisement de Dix-Milles.

3.3.2.1 Variabilité génétique intra-gisement

Le nombre d'allèles varie entre 11 pour le locus *Pma132*, au gisement de Millerand, et 35 pour le locus *Pma135* au gisement de la Chaîne de la Passe. Le nombre total d'allèles varie entre 129 (Fond du Sud-Ouest) et 135 (Dix-Milles). Le locus le

moins variable est le *Pma132* avec un total de 19 allèles différents sur l'ensemble des quatre gisements. Le locus le plus variable est le *Pma135* avec un total de 79 allèles qui ont été répertoriés durant les analyses. Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 21,5 à 22,5 (Tableau 13, Figure 19) selon les gisements. La richesse allélique des gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine varie de 9,846 à Millerand pour le locus *Pma132* à 30,787 pour le locus *Pma135* au gisement de la Chaîne de la Passe.

L'hétérozygotie moyenne observée est également élevée pour la région des Îles-de-la-Madeleine, variant entre 0,770 à Millerand et 0,787 pour le gisement du Fond du Sud-Ouest (Tableau 13, Figure 20). L'hétérozygotie moyenne attendue est plus élevée que celle observée pour tous les gisements, allant de 0,878 (Millerand) à 0,904 (Fond du Sud-Ouest). L'hétérozygotie observée varie selon le gisement et le locus analysé de 0,417 (*Pma200*, Dix-Milles) à 0,964 (*Pma275*, Dix-Milles; Tableau 13). Tous les gisements ayant fait l'objet d'analyses génétiques dans la région des Îles-de-la-Madeleine présentent une déviation significative par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg au locus *Pma200*. En plus de ce locus, le locus *Pma135* pour les gisements de la Chaîne de la Passe, de Dix-Milles ainsi que celui de Millerand est également en déséquilibre. En prenant tous les loci en considération, les gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine montrent tous des valeurs moyennes de *Fis* positives (0,125 à 0,147, $p = 0,0021$ pour tous les gisements; Figure 21), qui sont occasionnés par un déficit en hétérozygotes. Ces déviations par rapport à l'équilibre sont dues principalement au locus *Pma200*. La valeur globale du *Fis* de la région, égal à 0,134 ($\pm 0,071$), est hautement significative ($p < 0,0001$)

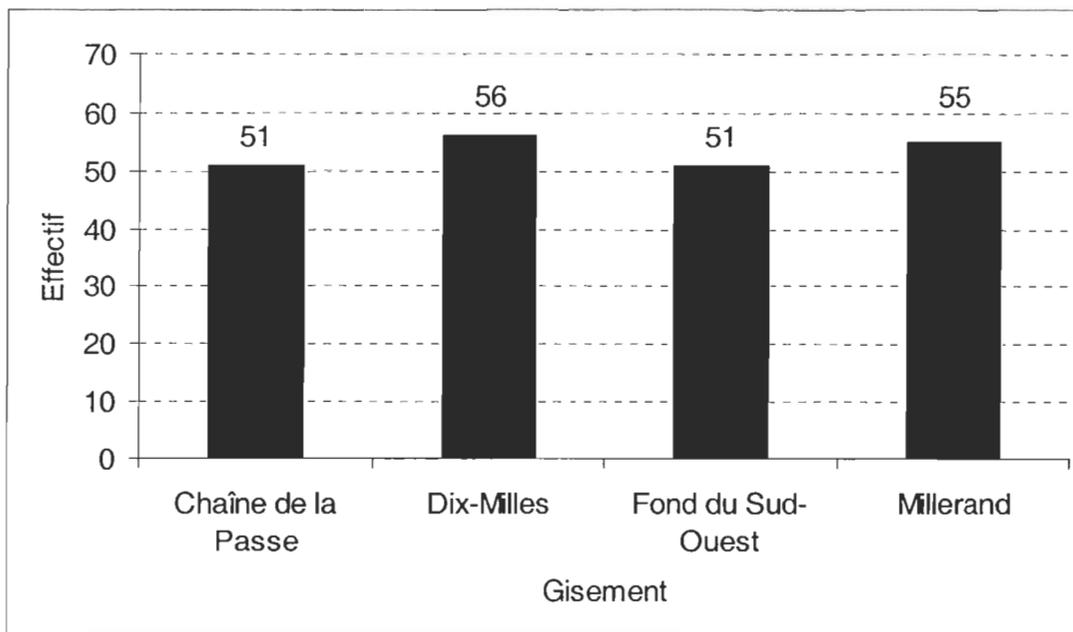


Figure 18. Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région des Îles-de-la-Madeleine.

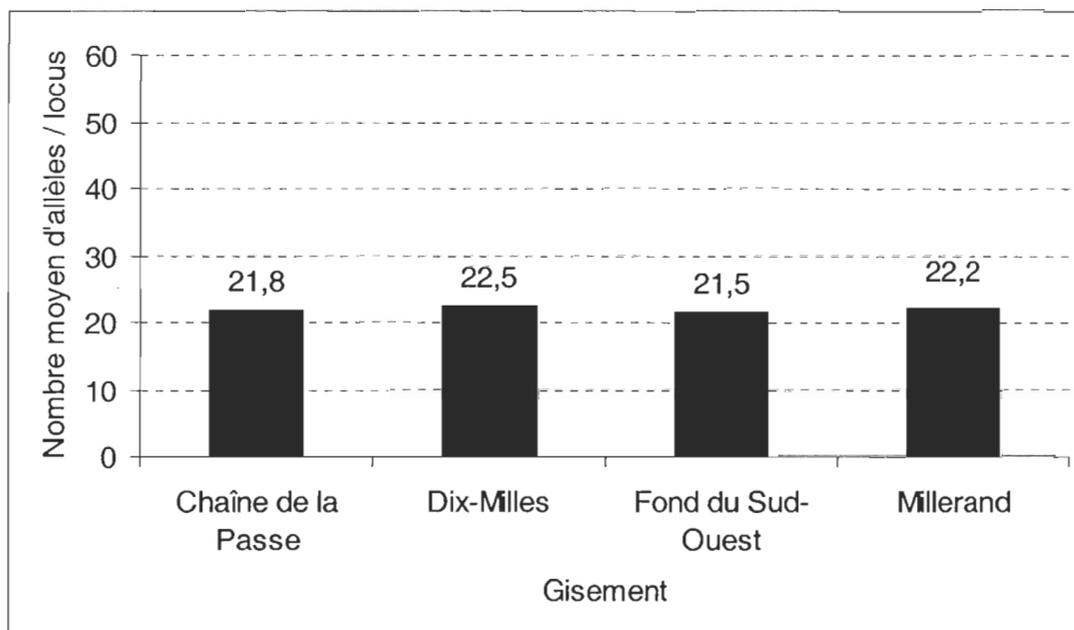


Figure 19. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.

Tableau 13. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, Fis moyen et nombre total d'allèles par gisement chez *Placopecten magellanicus* pour les gisements des Îles-de-la-Madeleine; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.

Locus	Gisements			
	Chaîne de la Passe	Dix-Milles	Fond du Sud-Ouest	Millerand
<i>Pma130</i>				
N	50	55	51	55
$N_{A(30)}$	25	22	18	28
Taille (pb)	122-184	124-184	130-184	122-184
He	0,948	0,934	0,918	0,922
Ho	0,960	0,855	0,922	0,891
Richesse allélique	22,829	19,429	16,670	23,886
Fis	-0,012	0,086	-0,004	0,034
<i>Pma200</i>				
N	37	48	43	50
$N_{A(28)}$	18	21	19	19
Taille (pb)	126-176	126-184	122-172	128-176
He	0,935	0,926	0,935	0,920
Ho	0,541	0,417	0,581	0,520
Richesse allélique	18,000	20,148	18,397	17,413
Fis	0,425*	0,553*	0,381*	0,437*
<i>Pma275</i>				
N	51	56	51	55
$N_{A(21)}$	17	17	15	18
Taille (pb)	82-138	84-116	82-114	84-126
He	0,930	0,924	0,913	0,924
Ho	0,863	0,964	0,784	0,927
Richesse allélique	16,357	16,081	14,551	16,504
Fis	0,073	-0,044	0,143	-0,004
<i>Pma132</i>				
N	51	56	51	55
$N_{A(19)}$	12	12	15	11
Taille (pb)	196-259	299-262	199-244	205-259
He	0,689	0,731	0,757	0,629
Ho	0,628	0,714	0,726	0,618
Richesse allélique	11,288	10,521	13,200	9,846
Fis	0,090	0,023	0,042	0,018

Tableau 13. (suite).

Locus	Gisements			
	Chaîne de la Passe	Dix-Milles	Fond du Sud-Ouest	Millerand
<i>Pma135</i>				
<i>N</i>	46	56	46	53
<i>N_{A(79)}</i>	35	33	31	31
Taille (pb)	272-856	272-868	272-832	272-860
<i>He</i>	0,932	0,930	0,939	0,923
<i>Ho</i>	0,761	0,750	0,848	0,736
Richesse allélique	30,787	26,236	27,359	25,593
<i>Fis</i>	0,185*	0,195*	0,098	0,205*
<i>Pma212</i>				
<i>N</i>	50	56	50	54
<i>N_{A(40)}</i>	24	30	31	26
Taille (pb)	110-164	104-182	100-202	104-170
<i>He</i>	0,946	0,955	0,962	0,951
<i>Ho</i>	0,940	0,911	0,860	0,926
Richesse allélique	21,892	26,441	27,811	25,593
<i>Fis</i>	0,006	0,046	0,107	0,026
Global				
<i>N_{total}</i>	51	56	51	55
<i>N_A moyen/locus</i>	21,8	22,5	21,5	22,2
<i>He</i> moyen				
	0,897	0,900	0,904	0,878
E.T.				
	0,102	0,084	0,074	0,123
<i>Ho</i> moyen				
	0,782	0,768	0,787	0,770
E.T.				
	0,171	0,197	0,121	0,173
<i>Fis</i> moyen				
	0,129*	0,147*	0,131*	0,125*
Nombre total d'allèles				
	131	135	129	133

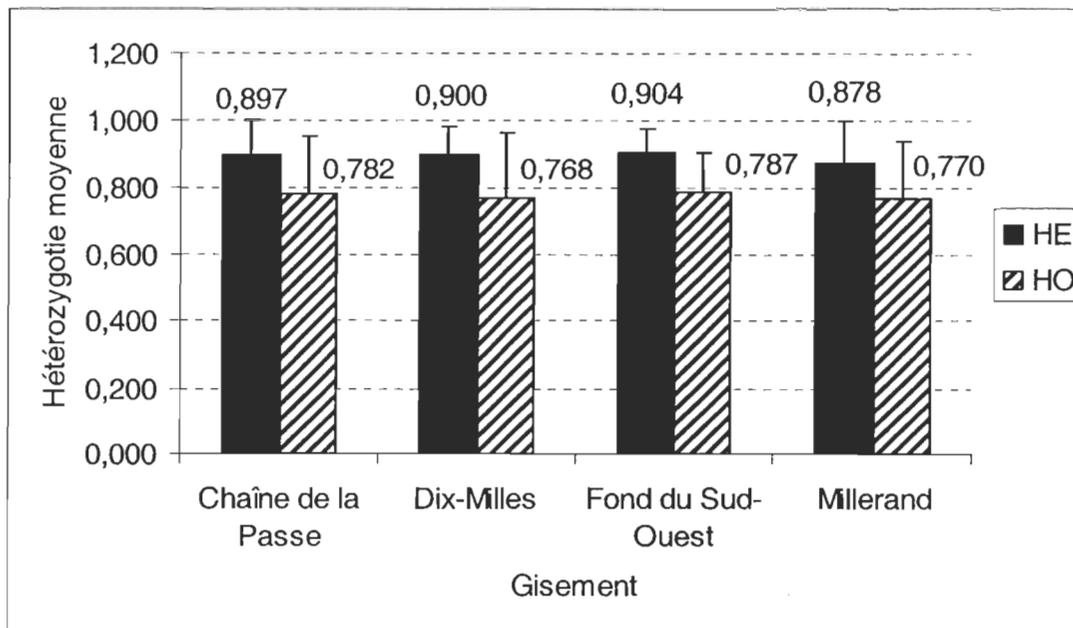


Figure 20. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), avec écart type, pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.

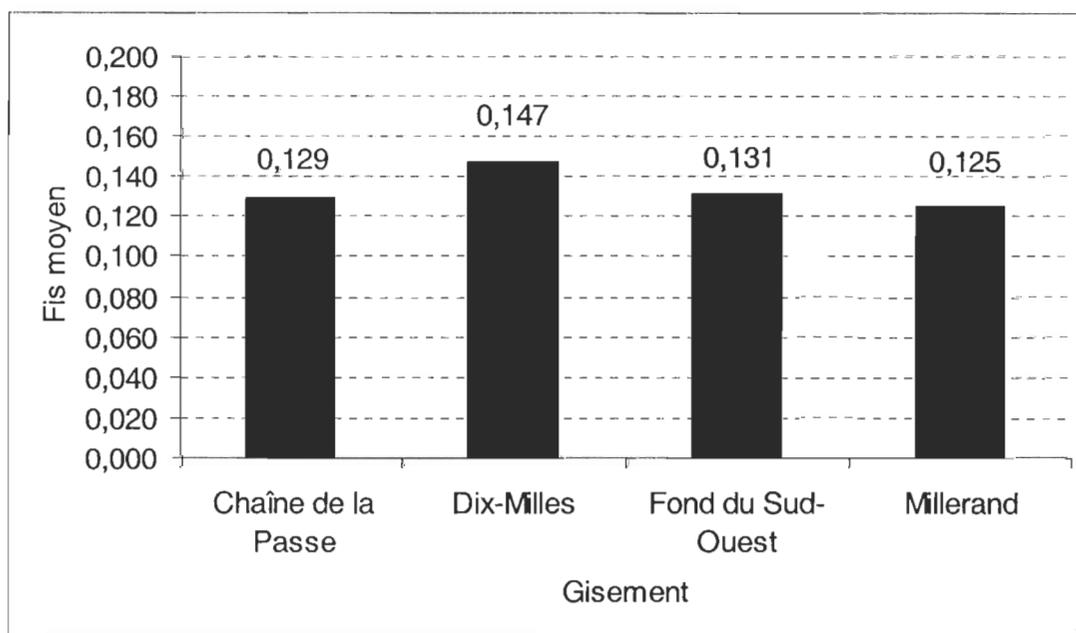


Figure 21. Valeur moyenne du Fis pour les différents gisements de la région des Îles-de-la-Madeleine.

3.3.2.2 Différenciation génétique entre les gisements

La valeur globale du F_{st} de la région est de 0,001 ($\pm 0,001$) et est significative ($p = 0,004$). Cette valeur démontre une légère structuration par rapport à la répartition des caractéristiques génétiques dans la région des Îles-de-la-Madeleine. Pour la comparaison entre le Fond du Sud-Ouest et Chaîne de la Passe, la valeur de F_{st} par paire de 0,0018 et est significative ($p = 0,001$) (Tableau 14). Cette comparaison est la seule qui diffère parmi toutes les comparaisons effectuées.

Tableau 14. Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de gisements pour la région des Îles-de-la-Madeleine. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CDLP = Chaîne de la Passe, DM = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Sud-Ouest et ML = Millerand.

Gisements comparés	F_{st}	Probabilité
CDLP vs DM	-0,0003	0,097
CDLP vs FSO	0,0018**	0,001
CDLP vs ML	-0,0003	0,025
DM vs FSO	0,0000	0,123
DM vs ML	0,0003	0,724
FSO vs ML	0,0017	0,045

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$

3.3.3 Gisements au sud du Golfe

L'effectif des quatre gisements de la zone du Sud du Golfe varie entre 44 (Val-Comeau) et 51 (Murray Harbour) (Figure 22). Le nombre total d'individus analysés pour cette région est de 185. Le nombre d'individus analysés varie selon les loci et les gisements, allant d'un minimum de 32 individus pour le locus $Pma200$ au gisement de Val-Comeau à un maximum de 51 au gisement de Murray Harbour pour les loci $Pma130$, $Pma275$ et $Pma132$ (Tableau 15).

3.3.3.1 Variabilité génétique intra-gisement

Le nombre d'allèles par locus varie de 9 pour le locus *Pma132* au gisement de Murray Harbour à 32 pour le locus *Pma212* au gisement de Cap Tourmentine (Tableau 15). Le locus *Pma132* est celui qui a le moins d'allèles au total avec seulement 20 allèles différents pour les quatre gisements du Sud du Golfe. À l'opposé, le locus *Pma135* est le plus variable avec un total de 70 allèles différents (Tableau 15). Selon les gisements, le nombre total d'allèles répertoriés varie entre 115 au gisement de Val-Comeau et 137 au gisement de Cap Tourmentine. Le gisement de Val-Comeau présente le nombre moyen d'allèles le plus faible par locus (19,7), dû au fait que le nombre d'allèles de ce gisement au locus *Pma200* est le plus faible de tous les gisements (Tableau 15). Le nombre moyen d'allèles par locus le plus élevé est de 22,8 au gisement de Cap Tourmentine, au centre du détroit de Northumberland (Figure 23). La richesse allélique varie, selon les gisements et les loci, de 8,104 pour le locus *Pma132* au gisement de Murray Harbour à 27,191 pour le locus *Pma212* au gisement de Cap Tourmentine (Tableau 15).

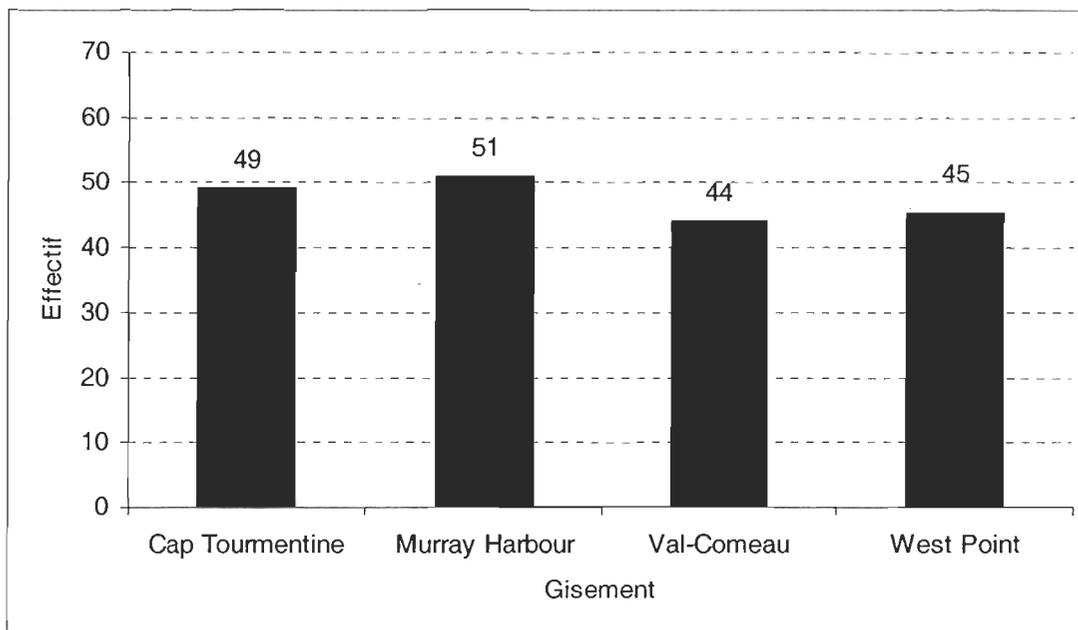


Figure 22 Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.

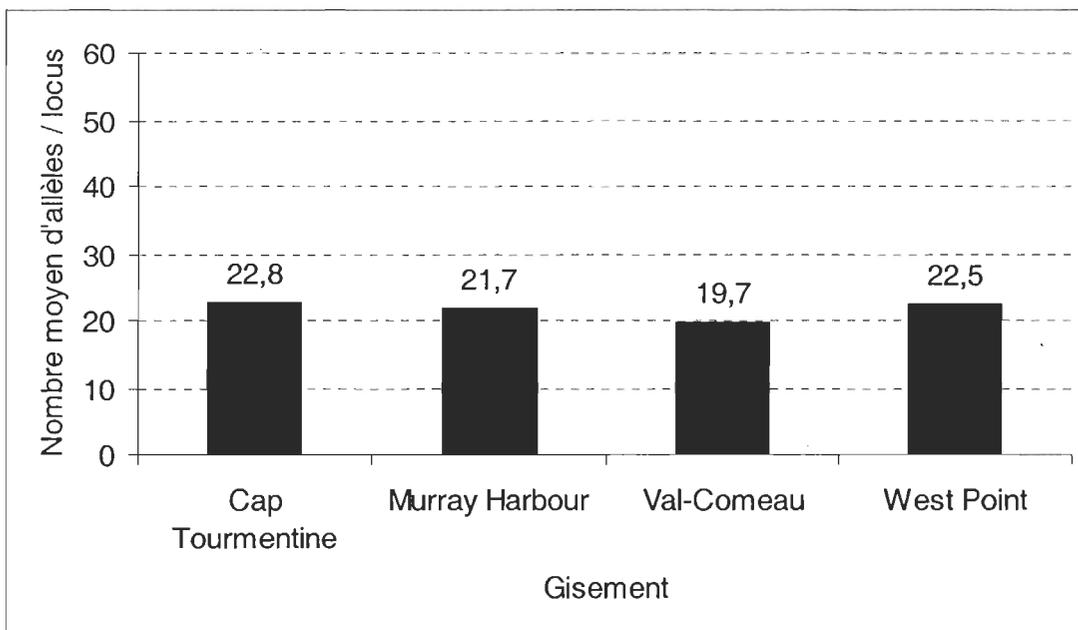


Figure 23. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.

Tableau 15. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, Fis moyen et nombre total d'allèles par gisement chez *Placopecten magellanicus* pour les gisements du Sud du Golfe; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.

Locus	Gisements			
	Cap Tourmentine	Murray Harbour	Val-Comeau	West Point
<i>Pma130</i>				
N	49	51	42	40
$N_{A(34)}$	27	22	22	22
Taille (pb)	120-190	114-198	120-178	120-174
He	0,956	0,939	0,936	0,941
Ho	0,959	0,902	0,929	0,925
Richesse allélique	24,032	19,358	20,128	20,589
Fis	-0,003	0,040	0,008	0,017
<i>Pma200</i>				
N	40	42	32	38
$N_{A(31)}$	21	23	12	25
Taille (pb)	126-176	128-180	130-162	114-190
He	0,942	0,942	0,913	0,940
Ho	0,400	0,429	0,281	0,553
Richesse allélique	20,210	20,900	12,000	23,183
Fis	0,579*	0,548*	0,695*	0,416*
<i>Pma275</i>				
N	49	51	44	45
$N_{A(25)}$	20	18	21	20
Taille (pb)	80-132	84-128	82-144	84-124
He	0,930	0,919	0,942	0,936
Ho	0,918	0,882	1,000	0,889
Richesse allélique	17,686	16,743	19,256	18,292
Fis	0,013	0,041	-0,063	0,051
<i>Pma132</i>				
N	48	51	44	45
$N_{A(20)}$	11	9	11	13
Taille (pb)	181-244	199-247	199-241	205-262
He	0,630	0,642	0,628	0,789
Ho	0,688	0,588	0,659	0,822
Richesse allélique	10,056	8,104	9,612	11,674
Fis	-0,092	0,084	-0,051	-0,043

Tableau 15. (suite)

Locus	Gisements			
	Cap Tourmentine	Murray Harbour	Val-Comeau	West Point
<i>Pma135</i>				
<i>N</i>	44	49	40	40
<i>N_{A(70)}</i>	26	31	25	29
Taille (pb)	272-816	272-832	268-668	264-900
<i>He</i>	0,926	0,928	0,912	0,926
<i>Ho</i>	0,773	0,857	0,650	0,850
Richesse allélique	22,463	24,100	21,878	25,278
<i>Fis</i>	0,167*	0,077	0,290*	0,083
<i>Pma212</i>				
<i>N</i>	48	50	41	44
<i>N_{A(39)}</i>	32	27	24	26
Taille (pb)	98-176	100-158	102-162	104-172
<i>He</i>	0,953	0,954	0,955	0,949
<i>Ho</i>	0,958	0,900	0,951	0,818
Richesse allélique	27,191	23,631	22,463	22,606
<i>Fis</i>	-0,006	0,057	0,004	0,139*
Global				
<i>N_{total}</i>	49	51	44	45
<i>N_A moyen/locus</i>	22,8	21,7	19,7	22,5
<i>He</i> moyen	0,890	0,887	0,881	0,913
E.T.	0,128	0,121	0,125	0,062
<i>Ho</i> moyen	0,783	0,760	0,745	0,810
E.T.	0,217	0,202	,0273	0,132
<i>Fis</i> moyen	0,122*	0,145*	0,156*	0,115*
Nombre total d'allèles	137	130	115	135

L'hétérozygotie moyenne observée est relativement élevée pour la région du Sud du Golfe et varie de 0,745 à 0,810 (Figure 24). L'hétérozygotie moyenne attendue est toujours supérieure à celle observée et varie de 0,881 pour le gisement de Val-Comeau à 0,913 pour West Point. L'hétérozygotie attendue varie selon les loci et les gisements, allant de 0,628 (*Pma132*, Val-Comeau) à 0,956 (*Pma130*, Cap Tourmentine). En ce qui concerne l'hétérozygotie observée, elle varie de 0,281 (*Pma200*, Val-Comeau) à 1,000 (*Pma275*, Val-Comeau) (Tableau 15). La déviation significative par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg pour le locus *Pma200* est observable à tous les gisements du Sud du Golfe ($p = 0,0021$) comme dans toutes les autres régions analysées (Tableau 15). Le locus *Pma135* présente également des déviations aux gisements de Cap Tourmentine ($Fis = 0,167$, $p = 0,0021$) et de Val-Comeau ($Fis = 0,290$, $p = 0,0021$). Le locus *Pma212* au gisement de West Point est également en déséquilibre ($Fis = 0,139$, $p = 0,0021$). Les valeurs moyenne du *Fis* varient de 0,115 à 0,156 ($p = 0,0021$) ce qui correspond à un déficit en hétérozygotes (Tableau 15; Figure 25). Ces déviations par rapport à l'équilibre théorique sont dues en majeure partie au locus *Pma200*. La valeur globale du *Fis* de tous les gisements, prenant en considération tous les loci, est de 0,135 ($\pm 0,092$; $p < 0,0001$) résulte uniquement des loci *Pma200* et *Pma135*. Les autres loci ne présentent pas de déviation significative par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (Tableau 15).

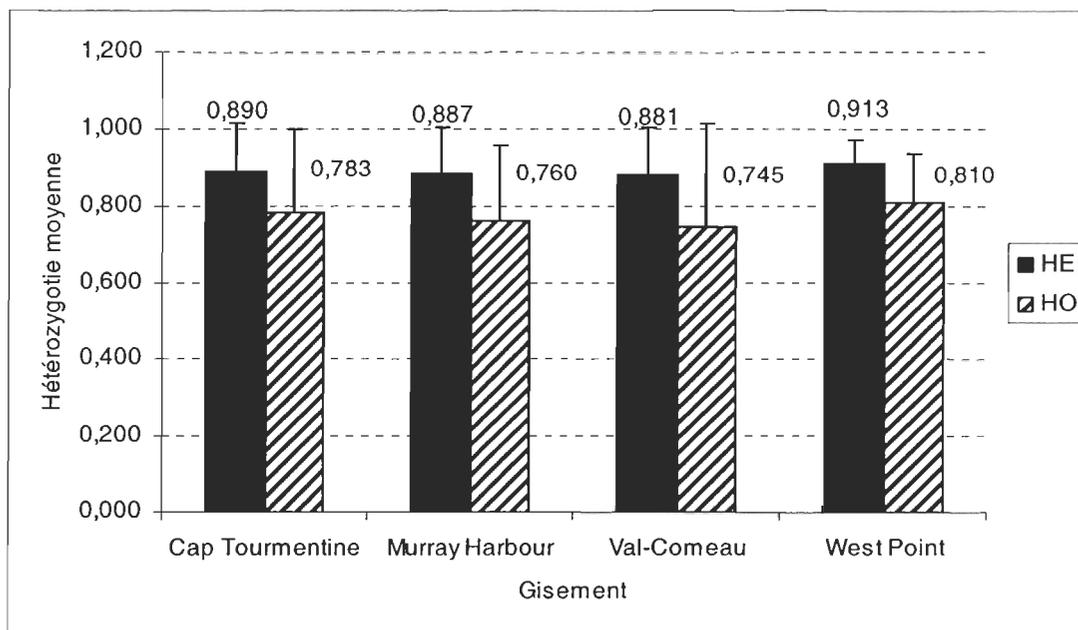


Figure 24. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (H_e) et observée (H_o) pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.

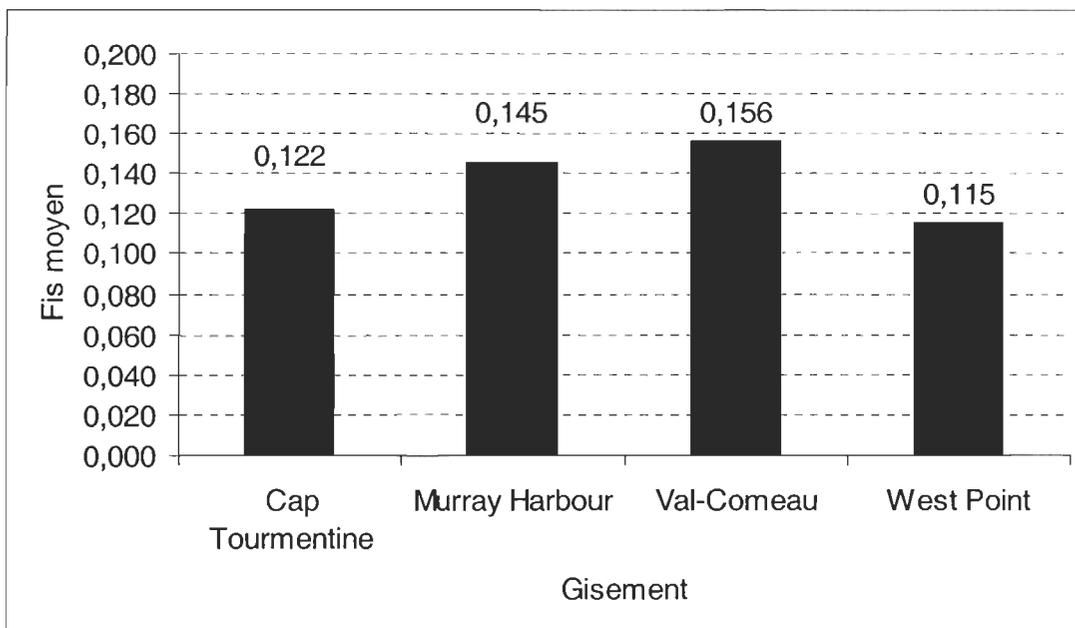


Figure 25. Valeur moyenne du F_{is} pour les différents gisements de la région du Sud du golfe du Saint-Laurent.

3.3.3.2 Différenciation génétique entre les gisements

La valeur globale du F_{st} de tous les gisements de la région du Sud du Golfe est égale à zéro ($p = 0,77$), ce qui démontre une homogénéité dans les caractéristiques génétiques observées à l'intérieur de toute la région. Les valeurs de F_{st} par paire confirment cette tendance, alors qu'aucune comparaison de gisements ne présente des différences significatives au niveau des caractéristiques génétiques (Tableau 16). Aucune valeur ne s'approche du seuil de signification.

Tableau 16. Résultats des comparaisons des valeurs de F_{st} entre les paires de gisements pour la région du Sud du Golfe. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CT = Cap Tourmentine, MU = Murray Harbour, VC = Val-Comeau et WP = West Point.

Gisements comparés	F_{st}	Probabilité
CT vs MU	-0,0025	0,81
CT vs VC	-0,0009	0,15
CT vs WP	-0,0011	0,98
MU vs VC	0,0001	0,27
MU vs WP	0,0014	0,68
VC vs WP	0,0018	0,53

3.3.4 Gisements de la Basse Côte-Nord

Les effectifs des analyses varient de 34 ($Pma200$, Baie-aux-Saumons) à 50 ($Pma130$, $Pma132$ et $Pma135$, La Tabatière) (Tableau 17) selon les loci et les gisements. Le nombre total d'individus analysés pour l'ensemble de la région est de 193. Le nombre d'individus analysés pour chaque gisement varie de 46 à 50 (Figure 26).

3.3.4.1 Variabilité génétique intra-gisement

Le nombre d'allèles par locus varie de 10 pour le locus *Pma132* sur les gisements de Baie-aux-Saumons et La Tabatière à 54 pour le locus *Pma135* sur le gisement de La Tabatière (Tableau 17). Le nombre total d'allèles varie en fonction des gisements, allant de 134 pour le gisement de Chevery à 145 pour le gisement de La Tabatière. Le locus le moins variable est *Pma132*, qui ne possède que 18 allèles différents pour toute la région de la Basse Côte-Nord. Le nombre d'allèles varie selon le gisement étudié, allant de 10 à 14 allèles (Tableau 17). Le locus le plus variable est *Pma135* avec un total de 99 allèles inventoriés. C'est le gisement de La Tabatière qui a la plus grande richesse allélique (40,780) au locus *Pma135*, mais il a également la plus faible richesse allélique pour tous les autres loci analysés. Le gisement de La Tabatière est celui qui a le plus grand nombre moyen d'allèles par locus (24,167), cela étant dû seulement au grand nombre d'allèles (99) au locus *Pma135* (Tableau 17). Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 22,3 à 24,2 selon les gisements (Figure 26).

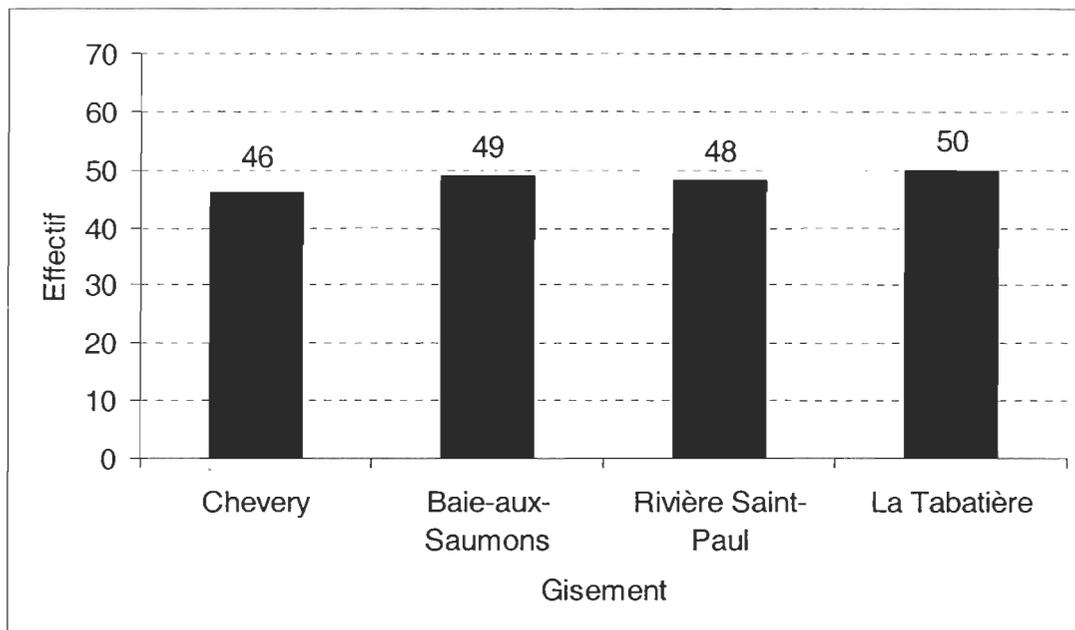


Figure 26. Effectif des différents gisements échantillonnés dans la région de la Basse Côte-Nord.

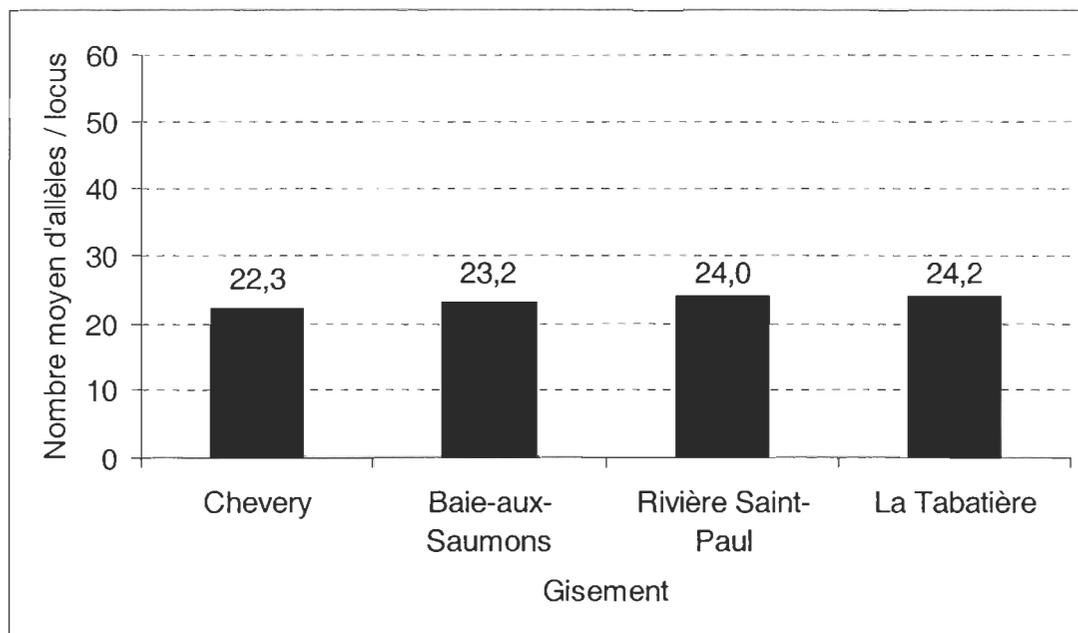


Figure 27. Nombre moyen d'allèles par locus pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.

Tableau 17. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(\text{tot})}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total du gisement, nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par gisement, Fis moyen et nombre total d'allèles par gisement chez *Placopecten magellanicus* pour les gisements de la Basse Côte-Nord; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0021$). E.T. = Écart type.

	Chevery	Baie-aux-Saumons	Rivière St-Paul	La Tabatière
<i>Pma130</i>				
N	45	48	48	50
N_A	23	23	23	20
Size range (pb)	130-174	116-182	126-188	130-184
He	0,928	0,937	0,941	0,944
Ho	0,933	0,854	0,917	0,860
Richesse allélique	20,711	20,363	20,484	18,910
Fis	-0,006	0,089	0,026	0,090
<i>Pma200</i>				
N	37	34	37	41
N_A	20	18	19	19
Size range (pb)	128-180	130-180	130-170	134-184
He	0,926	0,918	0,938	0,912
Ho	0,622	0,500	0,460	0,390
Richesse allélique	19,647	18,000	18,744	17,911
Fis	0,332*	0,459*	0,514*	0,575*
<i>Pma275</i>				
N	46	49	48	49
N_A	22	19	17	16
Size range (pb)	82-132	82-122	86-118	88-120
He	0,933	0,925	0,932	0,929
Ho	0,935	0,857	0,854	0,776
Richesse allélique	19,873	17,158	16,543	15,770
Fis	-0,002	0,074	0,084	0,166*
<i>Pma132</i>				
N	45	49	48	50
N_A	11	10	14	10
Size range (pb)	205-244	205-241	199-241	196-262
He	0,648	0,689	0,640	0,559
Ho	0,533	0,571	0,563	0,520
Richesse allélique	10,451	9,753	11,791	8,821
Fis	0,179	0,172	0,123	0,070

Tableau 17. (suite)

Locus	Gisements			
	Chevery	Baie-aux-Saumons	Rivière St-Paul	La Tabatière
<i>Pma135</i>				
<i>N</i>	46	48	47	50
<i>N_{A(99)}</i>	30	39	42	54
Taille (pb)	272-872	272-896	272-880	272-956
<i>He</i>	0,903	0,937	0,949	0,969
<i>Ho</i>	0,609	0,854	0,745	0,860
Richesse allélique	25,647	32,062	33,962	40,790
<i>Fis</i>	0,328*	0,089	0,217*	0,114*
<i>Pma212</i>				
<i>N</i>	46	49	48	44
<i>N_{A(40)}</i>	28	30	29	26
Taille (pb)	102-208	102-182	104-174	104-168
<i>He</i>	0,957	0,954	0,960	0,954
<i>Ho</i>	0,913	0,898	0,896	0,841
Richesse allélique	25,261	26,239	25,723	24,151
<i>Fis</i>	0,046	0,059	0,068	0,120*
Global				
<i>N_{total}</i>	46	49	48	50
<i>N_{A moyen/locus}</i>	22,3	23,2	24,0	24,2
<i>He</i> moyen	0,883	0,893	0,894	0,878
E.T.	0,116	0,101	0,124	0,158
<i>Ho</i> moyen	0,758	0,756	0,739	0,708
E.T.	0,188	0,173	0,189	0,202
<i>Fis</i> moyen	0,143*	0,156*	0,175*	0,195*
Nombre total d'allèles	134	139	144	145

L'hétérozygotie moyenne attendue est relativement élevée pour les gisements de la Basse Côte-Nord, les valeurs variant de 0,708 à 0,758 (Figure 28), bien qu'également inférieure à l'hétérozygotie moyenne attendue qui varie de 0,878 (La Tabatière) à 0,894 (Rivière St-Paul). L'hétérozygotie attendue varie selon les gisements et les loci, allant de 0,559 (*Pma132*, La Tabatière) à 0,969 (*Pma135*, La Tabatière). L'hétérozygotie observée fluctue entre 0,390 (*Pma200*, La Tabatière) et 0,935 (*Pma275*, Chevery). Tous les gisements montrent une déviation significative par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg avec des valeurs moyennes de *Fis* variant de 0,143 à 0,195 (Tableau 17, Figure 29). Cela indique que toutes les déviations observables sont causées par des déficits en hétérozygotes. Ces déviations sont dues presque exclusivement au locus *Pma200*, qui est en déséquilibre pour tous les gisements de la Basse Côte-Nord. La déviation globale pour le gisement de Baie-aux-Saumons est due uniquement à ce locus. Pour les gisements de Chevery et de Rivière St-Paul, le *Pma135* est également en déséquilibre. En plus de présenter une déviation au locus *Pma200*, le gisement de La Tabatière est également en déviation pour les loci suivants : *Pma275*, *Pma135* et *Pma212*. La valeur globale du *Fis* de la région de la Basse Côte-Nord de 0,168 ($\pm 0,068$) est hautement significative ($p < 0,0001$)

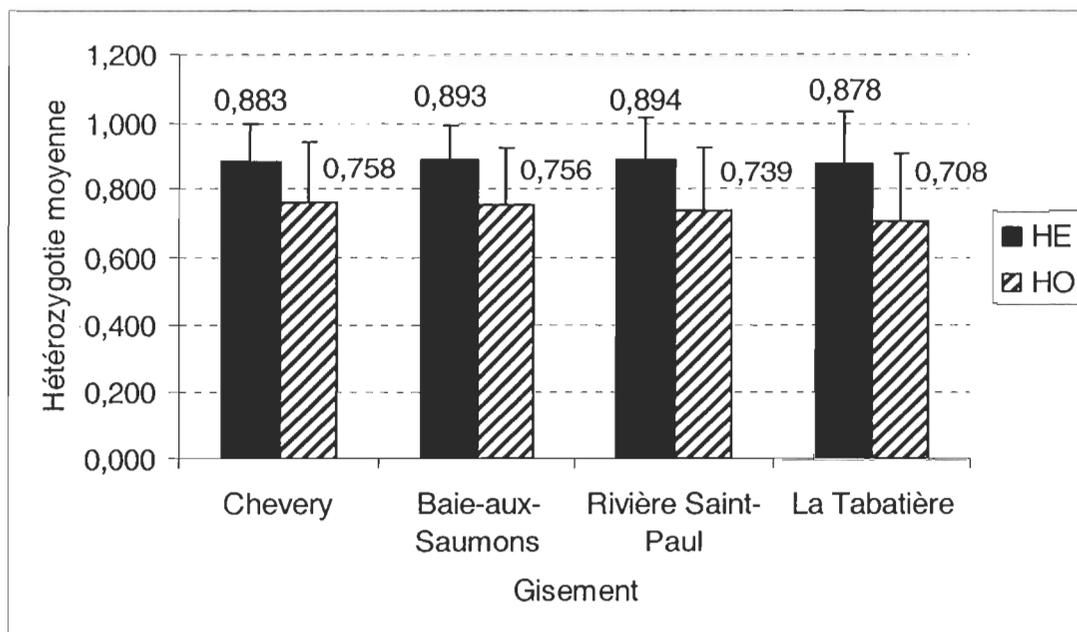


Figure 28. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (H_e) et observée (H_o) pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.

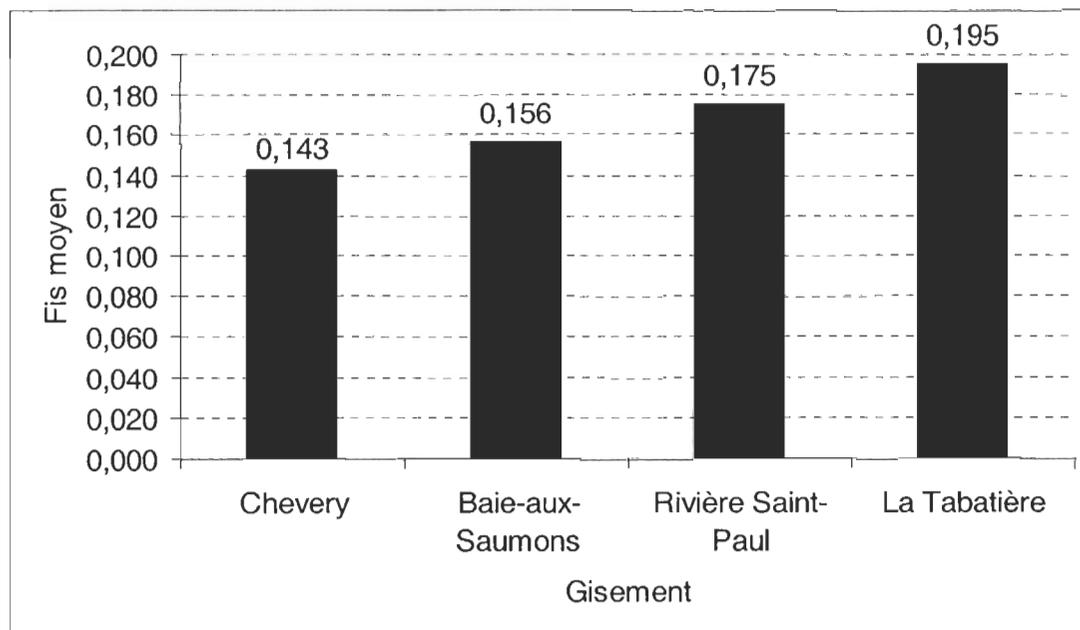


Figure 29. Valeur moyenne du F_{is} pour les différents gisements de la région de la Basse Côte-Nord.

3.3.4.2 Différenciation génétique entre les gisements

La valeur globale du F_{st} de cette région est de 0,002 ($\pm 0,002$) et est significative ($p = 0,0013$), indiquant ainsi une structure génétique spatiale dans cette région. Les valeurs de F_{st} par paire (Tableau 18) présentent des différences significatives au niveau des caractéristiques génétiques entre les paires de gisements suivantes : Chevery vs Baie-aux-Saumons, Chevery vs La Tabatière et Rivière St-Paul vs Baie-aux-Saumons (Tableau 18). Les valeurs de F_{st} issues de ces paires varient de 0,0021 à 0,007 (Tableau 18). Seulement deux comparaisons (Chevery vs. Rivière St-Paul et Rivière St-Paul vs. La Tabatière) ne se rapprochent pas du seuil de signification.

3.3.5 Comparaison entre les 19 gisements

En effectuant la comparaison par paire pour les 19 gisements analysés, 11 comparaisons présentent des différences génétiques significatives ($p < 0,0003$) après correction de Bonferroni (Tableau 19).

Toutes les comparaisons impliquant le gisement de Baie-aux-Saumons, sur la Basse Côte-Nord, sont significativement différentes avant l'application de la correction de Bonferroni avec des valeurs de signification variant de 0,00001 à 0,04. Après la correction de Bonferroni, seulement neuf comparaisons impliquant Baie-aux-Saumons sont significativement différentes (Tableau 19). Deux gisements de la Basse Côte-Nord, soit Baie-aux-Saumons et La Tabatière, sont impliqués dans toutes les comparaisons significativement différentes.

Tableau 18. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les paires de gisements pour la région de la Basse Côte-Nord. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$.

Gisements comparés	<i>Fst</i>	Probabilité
Chevery vs Baie-aux-Saumons	0,0028*	0,0028
Chevery vs Rivière St-Paul	-0,0006	0,6152
Chevery vs La Tabatière	0,0070**	0,0008
Baie-aux-Saumons vs Rivière St-Paul	0,0021*	0,0055
Baie-aux-Saumons vs La Tabatière	0,0032	0,0385
Rivière St-Paul vs La Tabatière	-0,0015	0,3082

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$

Tableau 19. Comparaisons des 19 gisements dont les caractéristiques génétiques sont significativement différentes et probabilité après correction de Bonferroni ($\alpha = 0,0003$) lors du test de comparaisons des *Fst* par paire pour tous les gisements analysés.

Gisements	<i>Fst</i>	Probabilité
baie de Chesapeake vs. Baie-aux-Saumons	0,0067***	0,00001
baie de Chesapeake vs. La Tabatière	0,0072**	0,00005
Baie-aux-Saumons vs. Chaîne de la Passe	0,0049**	0,00001
Baie-aux-Saumons vs. Dix-Milles	0,0092**	0,00004
Baie-aux-Saumons vs. Fond du Sud-Ouest	0,0068*	0,00015
Baie-aux-Saumon vs. Millerand	0,0054**	0,00005
Baie-aux-Saumons vs. Murray Harbour	0,0060*	0,00011
Baie-aux-Saumons vs. Bonaventure	0,0062***	0,00001
Baie-aux-Saumons vs. Chandler	0,0045***	0,00001
Baie-aux-Saumons vs. Gascons	0,0058*	0,00009
La Tabatière vs. Bonaventure	0,0067**	0,00004
La Tabatière vs. Chandler	0,0055**	0,00004
La Tabatière vs. Gascons	0,0091***	0,00001

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$

3.3.6 Organisation spatiale

L'arbre phylogénétique, utilisé dans le présent travail, est de type UPGMA avec 10 000 permutations de type « bootstrap » (Figure 30). Un regroupement semble s'effectuer entre la région de la baie des Chaleurs, du Sud du Golfe et deux sites des Îles-de-la-Madeleine (Millerand et Dix-Milles). Le gisement de la baie de Chesapeake est

inclus dans cette partie de l'arbre, entre le Sud du Golfe et la baie des Chaleurs. Le gisement ayant l'effectif le moins important s'isole dans un groupe formé par les gisements de la Basse Côte-Nord (Figure 30). Entre ces deux groupements se retrouvent les gisements de Val-Comeau et du Fond du Sud-Ouest. Les valeurs de « bootstrap » ne sont pas très élevées pour les embranchements de l'arbre qui représentent les intersections entre deux régions différentes. La valeur la plus importante correspond à l'embranchement de Bonaventure et de Chandler (99%), les deux gisements de la baie des Chaleurs ayant les plus grands effectifs (Figure 30).

L'analyse par cadrage multidimensionnel non-métrique (« multidimensional scaling plot ») réalisé sur l'ensemble des gisements semble regrouper les quatre gisements de la région de la Basse Côte-Nord dans le même secteur (Figure 31). Un regroupement des gisements de la partie sud du Golfe, baie des Chaleurs et celle du Sud du Golfe, est également observable. Les gisements des Îles-de-la-Madeleine viennent également s'imbriquer dans cette zone de l'analyse. Le gisement de la baie de Chesapeake est génétiquement plus rapproché de ceux des Îles-de-la-Madeleine, Millerand et Dix-Milles plus particulièrement. Il est intéressant de constater que le gisement de Percé semble se démarquer de tous les autres, mais c'est également le seul gisement ayant un effectif inférieur à 30 individus. Le gisement de la Chaîne de la Passe, aux Îles-de-la-Madeleine, semble également s'éloigner des autres. Ce gisement est éloigné de celui du Fond du Sud-Ouest, sur lequel le naissain est collecté pour être ensemencé à la Chaîne de la Passe. Le résultat de la statistique de stress (0,24) évaluée par cette analyse révèle que la concordance est honnête (« fair ») puisqu'elle se rapproche de 0,20. Cette représentation est légèrement différente de la précédente

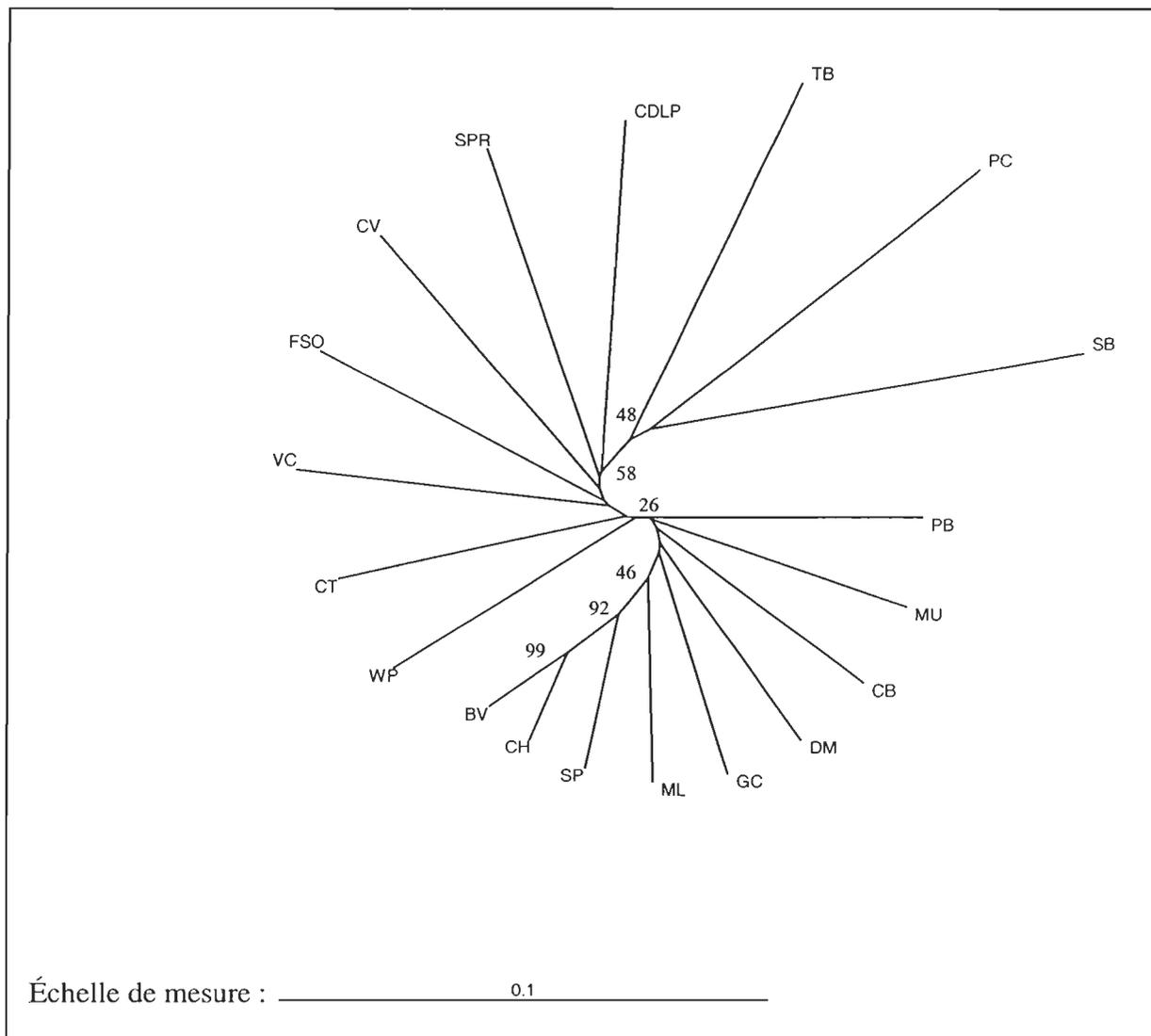


Figure 30. Arbre phylogénétique (UPGMA) basé sur les mesures de distances génétiques (D_a) de Nei *et al.* (1983) découlant de l'analyse de 6 loci pour les 18 gisements d'échantillonnage de *Placopecten magellanicus* dans le golfe du Saint-Laurent et pour celui de baie de Chesapeake. La méthode de ré-échantillonnage « bootstrap » a été réalisée sur 10 000 permutations. Les abréviations correspondent à celles de la Figure 1.

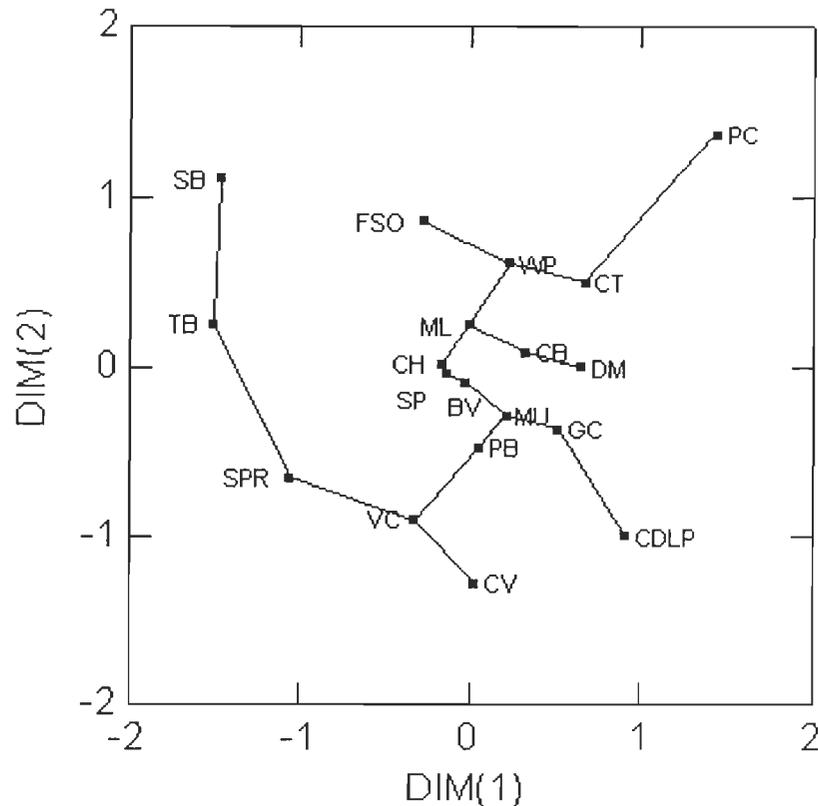


Figure 31. Analyse de type cadrage multidimensionnel non-métrique basé sur la méthode des moindres carrés de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). Bonaventure (BV), Chandler (CH), Paspébiac (PB), Gascons (GC), Percé (PC), Pointe Saint-Pierre (SP); Fond du Sud-Ouest (FSO), Millerand (ML), Fond du Dix-Milles (DM), Chaîne de la Passe (CDLP); Val-Comeau (VC), Cap Tourmentine (CT), West Point (WP), Murray Harbour (MU); La Tabatière (TB), Chevery (CV) Rivière Saint-Paul (SPR), Baie-aux-Saumons (SB) et la baie de Chesapeake (CB).

3.3.7 Regroupement par région

Pour analyser la variation génétique spatiale entre les régions, tous les gisements d'une même région ont été fusionnés comme s'il s'agissait d'un seul et même échantillonnage. Ce regroupement de gisements est justifié par le fait que les gisements des régions de la baie des Chaleurs, du Sud du Golfe et des Îles-de-la-Madeleine, à l'exception d'une comparaison, celle du Fond du Sud-Ouest vs. Chaîne de la Passe, sont

génétiqnement homogènes. Les gisements de la région de la Basse Côte-Nord ont également été regroupés comme un seul gisement malgré la structuration génétique présente, afin de maintenir le même niveau hiérarchique que les autres régions pour les analyses qui suivent. Le gisement de la baie de Chesapeake a également été incorporé à ces analyses.

Les effectifs varient de 62 (baie de Chesapeake, USA) à 736 (baie des Chaleurs) (Tableau 20, Figure 32). Le nombre total d'individus analysés est de 1 394 individus, se répartissant à l'intérieur de 12 classes d'âge différentes. Le nombre d'individus analysés par locus varie de 50 (*Pma200*, baie de Chesapeake) à 729 (*Pma132*, baie des Chaleurs).

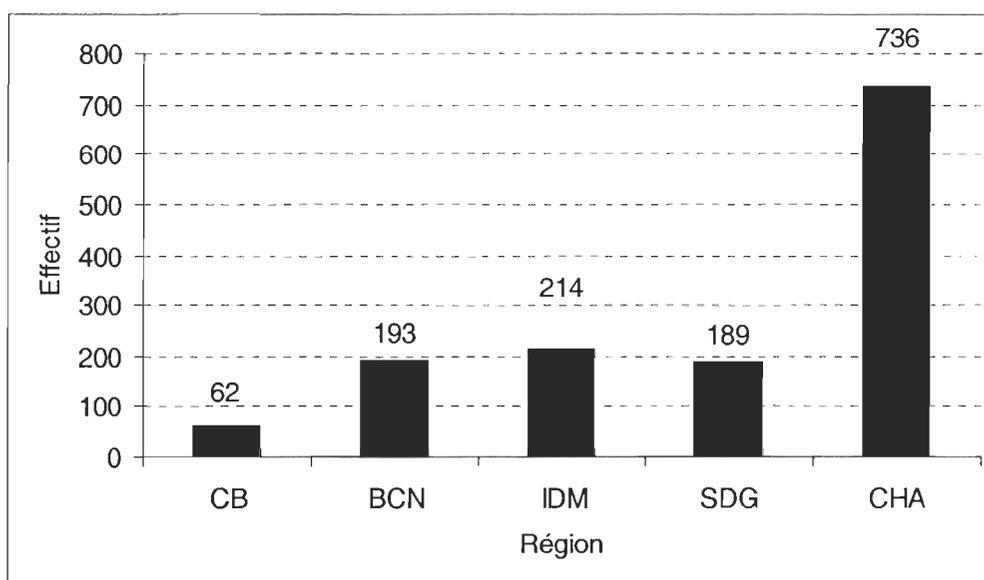


Figure 32. Effectif d'individus de *Placopecten magellanicus* analysés par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

Tableau 20. Nombre d'individus analysés (N), nombre d'allèles par locus ($N_{A(tot)}$) où tot = nombre total d'allèles inventoriés, taille des allèles (paire de bases), hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho), richesse allélique, statistique Fis , N_{total} = effectif total de la région, nombre total et nombre moyen d'allèles par locus, He moyen et Ho moyen par région Fis moyen et nombre total d'allèles par région chez *Placopecten magellanicus* pour le regroupement par région; * indique une valeur significative au seuil de 0,05 après ajustement de Bonferroni ($\alpha = 0,0017$). E.T. = Écart type. CB = baie de Chesapeake BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

Locus	Région				
	CB	BCN	IDM	SDG	CHA
<i>Pma130</i>					
N	61	191	211	182	706
$N_{A(39)}$	23	32	30	34	38
Taille (pb)	124-184	116-188	122-184	114-198	114-190
He	0,930	0,939	0,933	0,942	0,934
Ho	0,885	0,890	0,905	0,929	0,926
Richesse allélique	21,487	22,619	23,033	23,992	22,521
Fis	0,049	0,052	0,029	0,015	0,008
<i>Pma200</i>					
N	50	149	178	152	620
$N_{A(34)}$	20	25	28	31	30
Taille (pb)	130-170	128-184	122-184	114-190	124-182
He	0,917	0,923	0,933	0,943	9371,000
Ho	0,480	0,490	0,511	0,421	0,552
Richesse allélique	20,000	21,357	21,784	23,845	21,865
Fis	0,479*	0,470*	0,452*	0,554*	0,412*
<i>Pma275</i>					
N	62	192	213	189	695
$N_{A(30)}$	17	23	21	25	26
Taille (pb)	84-116	82-132	82-138	80-144	78-138
He	0,927	0,934	0,923	0,931	0,930
Ho	0,823	0,854	0,887	0,921	0,791
Richesse allélique	16,720	18,808	17,575	19,403	18,546
Fis	0,114	0,085*	0,039	0,011	0,149*
<i>Pma132</i>					
N	62	192	213	188	729
$N_{A(23)}$	15	18	19	20	20
Taille (pb)	199-262	196-262	196-262	181-262	193-262
He	0,716	0,640	0,702	0,675	0,683
Ho	0,661	0,547	0,671	0,686	0,690
Richesse allélique	13,887	12,903	12,957	12,226	11,581
Fis	0,077	0,146*	0,044	-0,017	-0,010

Tableau 20. (suite)

Locus	Région				
	CB	BCN	IDM	SDG	CHA
<i>Pma135</i>					
<i>N</i>	61	191	201	173	698
$N_{A(150)}$	32	99	79	70	134
Taille (pb)	272-780	272-956	272-868	264-900	264-928
<i>He</i>	0,926	0,943	0,931	0,923	0,928
<i>Ho</i>	0,689	0,770	0,771	0,786	0,732
Richesse allélique	28,741	45,646	35,592	31,940	34,136
<i>Fis</i>	0,258*	0,185*	0,173*	0,148*	0,211*
<i>Pma212</i>					
<i>N</i>	62	187	210	183	722
$N_{A(48)}$	29	40	40	39	43
Taille (pb)	104-192	102-208	100-202	98-176	100-202
<i>He</i>	0,945	0,958	0,953	0,949	0,951
<i>Ho</i>	0,936	0,888	0,910	0,907	0,898
Richesse allélique	27,218	30,319	28,454	27,535	27,837
<i>Fis</i>	0,010	0,073*	0,046	0,045	0,056*
Global					
<i>N</i> total	62	192	213	189	729
N_A moyen/locus	22,7	39,5	36,2	36,5	48,5
<i>He</i> moyen	0,894	0,890	0,896	0,894	0,894
E.T.	0,088	0,123	0,096	0,108	0,104
<i>Ho</i> moyen	0,746	0,740	0,776	0,775	0,765
E.T.	0,169	0,178	0,160	0,198	0,139
<i>Fis</i> moyen	0,167*	0,169*	0,134*	0,133*	0,144*
Nombre total d'allèles	136	237	217	219	291

3.3.7.1 Variabilité génétique intra-région

Le nombre d'allèles par locus varie de 15 pour le locus *Pma132* pour la baie de Chesapeake à 134 pour le locus *Pma135* dans la baie des Chaleurs. Le nombre total d'allèles pour chaque région varie de 136 au gisement de baie de Chesapeake à 291 pour la région de la baie des Chaleurs (Tableau 20). Le locus *Pma132* est le moins diversifié

des marqueurs microsatellites avec un total de 23 allèles différents sur l'ensemble des cinq régions. Quant au locus *Pma135*, il est représenté par 150 différents allèles dont 134 dans la seule région de la baie des Chaleurs, ce qui représente 89% du nombre total d'allèles, et 99 à l'intérieur de la région de la Basse Côte-Nord, représentant 74% de tous les allèles à ce locus. La richesse allélique des différentes régions varie de 11,581 pour le locus *Pma132* dans la région de la baie des Chaleurs à 45,646 pour le locus *Pma135* dans la région de la Basse Côte-Nord (Tableau 20). La baie de Chesapeake détient toujours la richesse allélique la plus faible de toutes les régions à l'exception du locus *Pma132* (Tableau 20). Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 22,7 pour la région des États-Unis à 48,5 dans la baie des Chaleurs (Figure 33). La Figure 32 montre que le nombre moyen d'allèles par locus a atteint un certain plateau malgré l'augmentation des effectifs (Figure 32), le Tableau 20 montre que le nombre total d'allèles a également atteint ce plateau. La région de la baie des Chaleurs possède l'effectif le plus élevé de toutes les régions étudiées, soit 736 individus. Malgré cela, le nombre total d'allèles reste relativement stable par rapport aux régions de la Basse Côte-Nord et du Sud du Golfe. Dans la région de la baie des Chaleurs, 291 allèles ont été répertoriés; comparativement à 237 et 219 dans les régions de la Basse Côte-Nord et du Sud du Golfe respectivement (Tableau 20). Les effectifs sont pourtant réduits par rapport à la région de la baie des Chaleurs. Lorsque la comparaison entre la baie des Chaleurs et la Basse Côte-Nord est effectuée, pour un gain en effectif de 543 individus, seulement 54 allèles supplémentaires ont été inventoriés dont 35 pour le locus *Pma135* à lui seul (Tableau 20).

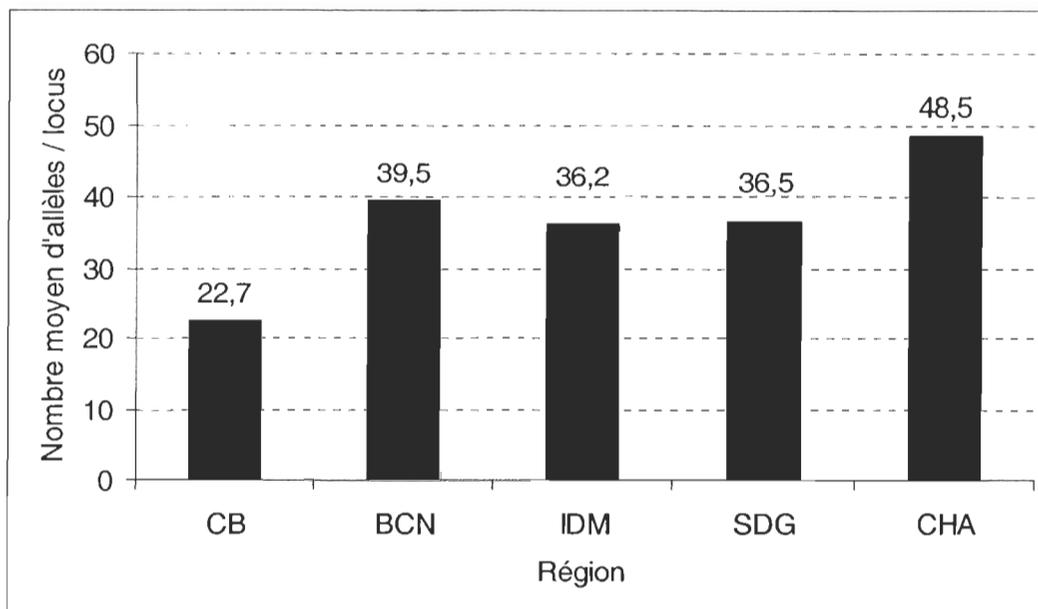


Figure 33. Nombre moyen d'allèles par locus par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

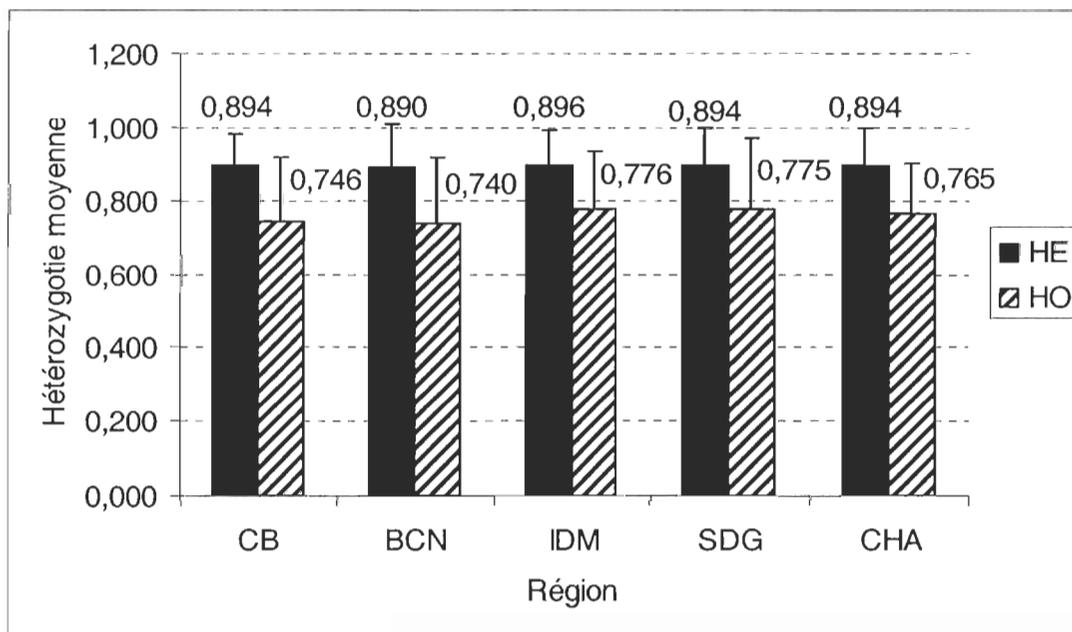


Figure 34. Valeur moyenne des hétérozygoties attendue (He) et observée (Ho) par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

L'hétérozygotie moyenne observée est élevée pour les différentes régions et varie de 0,740 à 0,776 (Tableau 20, Figure 34). L'hétérozygotie moyenne attendue est toujours plus élevée que celle observée pour les différentes régions variant de 0,890 en Basse Côte-Nord à 0,896 aux Îles-de-la-Madeleine. L'hétérozygotie attendue varie de 0,640 (*Pma132*, Basse Côte-Nord) à 0,958 (*Pma212*, Basse Côte-Nord). Les loci *Pma200* et *Pma135* présentent des déviations significatives par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg pour toutes les régions étudiées. En ce qui concerne la région de la Basse Côte-Nord, les loci *Pma275*, *Pma132* et *Pma212* présentent également de telles déviations significatives ($p = 0,002$). Les loci *Pma275* et *Pma212* sont également en déséquilibre ($p = 0,002$) pour la baie des Chaleurs. Les valeurs moyennes des *Fis* de chaque région font état d'un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (Tableau 19, Figure 35). Les valeurs moyennes des *Fis* varient entre 0,133 et 0,169 ($p = 0,002$). La valeur globale du *Fis* pour toutes les régions démontre également l'existence d'un déficit en hétérozygotes ($Fis = 0,147 \pm 0,069$; $p < 0,0001$). Le Tableau 20 fait ressortir le taux de consanguinité (d'après la statistique *Fis*) des deux régions correspondant aux extrémités de la répartition de *P. magellanicus* par rapport aux régions du Golfe. Les valeurs moyennes de *Fis* de ces deux régions sont particulièrement élevées par rapport à celles des autres régions pour les loci *Pma130*, *Pma132*. Les loci *Pma275* et *Pma135* montrent les mêmes tendances, mais la valeur moyenne du *Fis* de la région de la baie des Chaleurs est également élevée. Le taux de consanguinité (*Fis* moyen) de la Basse Côte-Nord et de la baie de Chesapeake est plus important que les trois autres régions du golfe (Tableau 20, Figure 35).

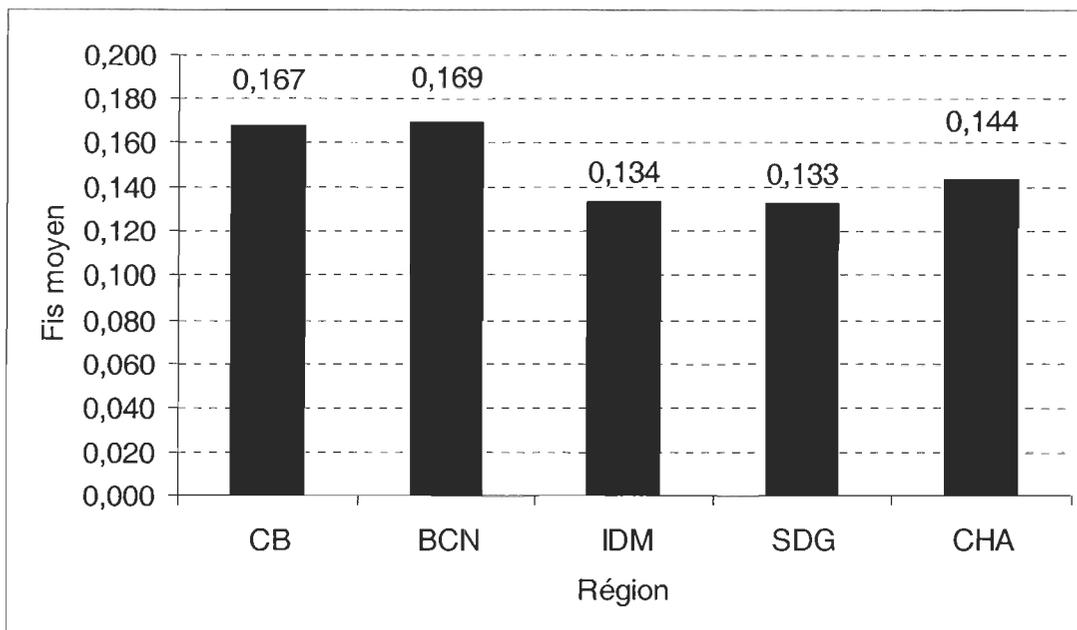


Figure 35. Valeur moyenne du Fis par région. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG, Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

3.3.7.2 Différenciation génétique entre les régions

La valeur globale du *Fst*, calculée sur toutes les données, est de 0,001 ($\pm 0,001$) et est significative ($p < 0,0001$), indiquant la présence d'une structuration géographique des caractéristiques génétiques observées. Les valeurs de *Fst* par paire varient de $-0,0004$ à 0,0042. Les valeurs de *Fst* par paire démontrent une structuration géographique en isolant la région de la Basse Côte-Nord de toutes les autres régions (Tableau 21). Quatre comparaisons ne s'approchent pas du seuil de signification avant la correction de Bonferroni soit : baie de Chesapeake vs. Sud du Golfe, Îles-de-la-Madeleine vs. Sud du Golfe, Sud du Golfe vs. baie des Chaleurs et Îles-de-la-Madeleine vs. baie des Chaleurs.

Tableau 21. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les paires de gisements pour les différentes régions. Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,005$. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

Région comparée	<i>Fst</i>	Probabilité
CB vs BCN	0,0042**	0,0002
CB vs IDM	0,0019	0,0254
CB vs SDG	0,0021	0,1254
CB vs CHA	0,0024	0,0572
BCN vs IDM	0,0030**	0,0002
BCN vs SDG	0,0026**	0,0002
BCN vs CHA	0,0028**	0,0001
IDM vs SDG	0,0009	0,1492
IDM vs CHA	-0,0004	0,3230
SDG vs CHA	0,0007	0,1474

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$

3.3.8 Comparaison géographique à l'aide de quatre microsatellites

Les analyses statistiques, entre les classes d'âge des gisements de Chandler et Bonaventure, ainsi que celles intra et inter régionales, ont été répétées en excluant les loci *Pma200* et *Pma135* auxquels sont attribuables la plupart des déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg (74,1%). De plus, la structure du locus *Pma135* est plus complexe que celle des autres marqueurs utilisés dans cette étude (Tableau 3). Le logiciel Micro-check n'a pas pu analyser ce locus étant donné ses particularités. Les analyses génétiques permettant de comparer les gisements d'une même région à partir de quatre loci (*Pma130*, *Pma132*, *Pma212* et *Pma275*) présentent un portrait légèrement différent.

L'exclusion des deux microsatellites a permis de réduire le nombre de déviations significatives par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg. En effet, des déficits en

hétérozygotes ont été détectés pour l'ensemble des loci aux classes d'âge 1996 (0,103), 1997 (0,085) et 1999 (0,077) pour le gisement de Chandler ainsi que pour les classes d'âge 1996 (0,099) et 1999 (0,088) pour les gisements de Bonaventure, alors que des déficits étaient observés pour toutes les classes d'âge lorsque les six microsatellites étaient pris en considération (Tableaux 6 et 8). Dans la région de la baie des Chaleurs, des déviations sont toujours présentes aux gisements de Bonaventure (0,069) et de Chandler (0,059). Aux Îles-de-la-Madeleine, seul le gisement du Fond du Sud-Ouest présente des déviations au locus *Pma212* (0,107) et pour l'ensemble des loci (0,074). Quant à la région de la Basse Côte-Nord, les déviations sont observées aux loci *Pma275* (0,166) et *Pma212* (0,120) pour le gisement de La Tabatière et dans l'ensemble des loci pour les gisements de Baie-aux-Saumons (0,093), Rivière St-Paul (0,071) et La Tabatière (0,116). Dans la région du Sud du Golfe, toutes les déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg ont disparu. La comparaison entre les classes d'âge de deux gisements n'a pas permis de détecter de différences significatives entre celles-ci ($F_{st} = 0,000$; $p = 0,705$ pour Chandler; $F_{st} = -0,002$; $p = 0,854$ pour Bonaventure), tout comme ce fut le cas lorsque les six microsatellites étaient pris en considération ($F_{st} = -0,001$; $p = 0,58$ pour Chandler; $F_{st} = -0,001$; $p = 0,83$ pour Bonaventure).

Au point de vue spatial, nous n'avons pas détecté de différences génétiques significatives entre les gisements de la baie des Chaleurs ($F_{st} = 0,000$; $p = 0,195$) ni entre ceux du sud du Golfe ($F_{st} = -0,001$; $p = 0,982$). Les régions de la Basse Côte-Nord et des Îles-de-la-Madeleine semblent avoir une structure géographique différente lorsque les loci *Pma135* et *Pma200* ne sont pas pris en compte. La comparaison des gisements de Rivière St-Paul et de La Tabatière devient significative, contrairement aux résultats des

analyses avec six loci (Tableau 18), indiquant une différence génétique entre les deux gisements (Tableau 22). La comparaison des gisements de Baie-aux-Saumons et de La Tabatière tend également vers la différenciation ($p= 0,03$). Dans la région des Îles-de-la-Madeleine, aucune comparaison de gisements n'est significativement différente (Tableau 22). La Chaîne de la Passe tend à se différencier génétiquement du gisement du Fond du Sud-Ouest et de celui de Millerand.

Le même exercice a été appliqué pour le regroupement des gisements par région. En tenant compte des quatre loci, la Basse Côte-Nord se différencie toujours des autres régions (Tableau 23). En comparant les analyses effectuées à partir des six loci (Tableau 20) à ceux effectuées à partir des quatre loci (Tableau 22), certaines différences apparaissent. La région des États-Unis se différencie de la Basse Côte-Nord, des Îles-de-la-Madeleine, de la baie des Chaleurs et tend à se différencier du Sud du Golfe ($p = 0,0335$). Nous observons également que la baie des Chaleurs tend à se différencier de la région du Sud du Golfe ($p = 0,0339$) (Tableau 23). Finalement, la région des Îles-de-la-Madeleine ne démontre pas de différences face aux régions de la baie des Chaleurs et du Sud du Golfe, mais il faut noter que l'effectif de cette région est réduit par rapport aux deux autres (Tableau 2).

Tableau 22. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les paires de gisements pour les régions des Îles-de-la-Madeleine et de la Basse Côte-Nord avec quatre marqueurs microsatellites (*Pma130*, *Pma275*, *Pma132* et *Pma212*). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,00835$. CDLP = Chaîne de la Passe, DM = Fond du Dix-Milles, FSO = Fond du Sud-Ouest, ML = Millerand, CV = Chevery, SB = Baie-aux-Saumons, SPR = Rivière St-Paul et TB = La Tabatière.

Région	Gisements	<i>Fst</i>	Probabilité
Îles-de-la-Madeleine	CDLP vs DM	-0,0006	0,145
	CDLP vs FSO	0,0028	0,013
	CDLP vs ML	0,0014	0,045
	DM vs FSO	-0,0009	0,113
	DM vs ML	0,0001	0,891
	FSO vs ML	0,0020	0,110
Basse Côte-Nord	CV vs SB	0,0055**	0,001
	CV vs SPR	0,0014	0,272
	CV vs TB	0,0098**	0,0002
	SB vs SPR	0,0040	0,009
	SB vs TB	0,0041	0,027
	SPR vs TB	0,0006	0,011

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$

Tableau 23. Résultats des comparaisons des valeurs de *Fst* entre les régions avec quatre marqueurs microsatellites (*Pma130*, *Pma275*, *Pma132* et *Pma212*). Niveau de signification après correction de Bonferroni $\alpha = 0,005$. CB = baie de Chesapeake, BCN = Basse Côte-Nord, IDM = Îles-de-la-Madeleine, SDG = Sud du Golfe et CHA = baie des Chaleurs.

Régions comparées	Valeur du <i>Fst</i>	Probabilité
CB vs BCN	0,0061**	0,0001
CB vs IDM	0,0030*	0,0026
CB vs SDG	0,0032	0,0335
CB vs CHA	0,0032**	0,0008
BCN vs IDM	0,0030*	0,0026
BCN vs SDG	0,0029**	0,0001
BCN vs CHA	0,0030**	0,0001
IDM vs SDG	0,0008	0,1049
IDM vs CHA	-0,0002	0,0445
SDG vs CHA	0,0006	0,0339

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$

CHAPITRE IV

DISCUSSION

Ce travail montre que le pétoncle géant du golfe du Saint-Laurent est faiblement différencié du point de vue génétique. En effet, les analyses de différentes classes d'âge des deux gisements de la baie des Chaleurs ainsi que dans le sud du Golfe n'ont pas permis d'observer de différences significatives entre celles-ci. À grande échelle, deux zones génétiques semblent se démarquer dans le golfe du Saint-Laurent : (1) la Basse Côte-Nord, (2) les Îles-de-la-Madeleine, la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe. La baie de Chesapeake tend à se différencier des autres régions du Golfe. Nous avons observé de faibles différences à méso-échelle. Les gisements de Chaîne de la Passe et du Fond du Sud-Ouest sont génétiquement différenciés aux Îles-de-la-Madeleine. Dans la région de la Basse Côte-Nord, les comparaisons des gisements de Chevery et Baie-aux-Saumons, Chevery et la Tabatière ainsi que Baie-aux-Saumons et Rivière Saint-Paul montrent des différences significatives.

4.1 Variation génétique des classes d'âge

La présente étude démontre que les caractéristiques génétiques entre les différentes classes d'âge analysées aux gisements de Chandler et de Bonaventure, dans la baie des Chaleurs, sont homogènes (Tableaux 6 et 8). En effet, les valeurs de F_{st} moyen de ces gisements sont faibles (-0,001) et non significatives ($p > 0,05$). Ces résultats signifient que les différentes classes d'âge à ces deux gisements sont produites par un ensemble d'individus ayant les mêmes caractéristiques génétiques. On pourrait également supposer que la taille de la population efficace est grande ou encore qu'il n'y a

pas vraiment de différence dans le succès reproducteur de ces individus. Une autre hypothèse pourrait être que la source de juvéniles de ces gisements sont stables dans le temps. La stabilité des caractéristiques génétiques dans le temps a déjà été mentionnée pour d'autres espèces de mollusques tel, *Pecten maximus* (Beaumont *et al.*, 1985), *Mytilus edulis* (Tremblay *et al.*, 1998), *Argopecten irradians irradians* (Bricelj et Krause, 1992) et *Spisula ovalis* (Lewis et Thorpe, 1994). Nos résultats diffèrent de ceux de Kenchington *et al.* (1999) qui ont suggéré l'existence de différences génétiques entre quatre différentes classes d'âge sur un gisement de pétoncle géant de la région de Digby (baie de Fundy, Nouvelle-Écosse). Ils ont attribué ces différences à des conditions hydrologiques différentes selon les années ou encore à des relations source-puit variable dans le temps.

Par contre, la disposition des différentes classes d'âge au gisement de Chandler (Figure 7) dans l'arbre phylogénétique montre une certaine organisation. En effet, les classes d'âge successives forment trois groupes qui ne montrent pas de différences génétiques significatives entre eux (Tableau 7). En effet, les classes d'âges de 1998 à 2000 ont des caractéristiques génétiques qui se ressemblent, tout comme celles de 1996 et 1997, et celles de 1994 et 1995. Les géniteurs de chacun des trois groupes pourraient correspondre à un assemblage d'individus différents sans pour autant être génétiquement distincts ou encore à des géniteurs de différentes classes d'âge. En ce qui concerne les classes d'âge du gisement de Bonaventure, aucune tendance ou organisation n'est perceptible (Figure 12).

Lewis et Thorpe (1994) avaient soulevé l'importance de connaître la variabilité génétique au point de vue temporel afin de bien interpréter les différences génétiques

dans un contexte géographique global. Dans le cas de notre étude, l'homogénéité des caractéristiques génétiques entre les différentes classes d'âge analysées permet d'étudier les individus de plusieurs classes d'âge comme un seul groupe par gisement et d'aborder l'étude spatiale de la variabilité génétique (gisements et régions) à tout le moins dans la région de la baie des Chaleurs. Le même test a été réalisé dans la région du Sud du Golfe sur les classes d'âge de 1996 et 1997 et s'est avéré non significatif. La variabilité entre les classes d'âge n'a pas été testée dans les autres régions considérées en raison des faibles effectifs disponibles. Cependant, nous n'avons pas d'indications d'une forte hétérogénéité temporelle aux Îles-de-la-Madeleine.

4.2 Variabilité génétique au niveau des gisements et des régions

Au niveau régional, l'homogénéité génétique des gisements de la baie des Chaleurs et du Sud du golfe Saint-Laurent pourrait être attribuée aux courants de surface qui prévalent dans cette partie du Golfe et qui semble favoriser un échange larvaire important (Lauzier, 1965; Saucier, 2003) (Figure 36). Cependant, l'échange larvaire n'a jamais été mesuré directement. L'échange des larves entre région ne se fait pas nécessairement pendant une seule saison de reproduction, mais pourrait s'étaler sur plusieurs saisons de reproduction (« stepping-stone model »). En effet, les différents gisements de la baie des Chaleurs et du Sud du Golfe se regroupent dans une section de l'arbre phylogénétique (Figure 30, Figure 31), à l'exception du gisement de Percé et de Val-Comeau. Dans le golfe du Saint-Laurent, ce phénomène de panmixie a également été observé pour *Chionoecetes opilio* (Puebla, 2003), *Pandalus borealis* (Sévigny *et al.*, 2000) et *Strongylocentrotus droebachiensis* (Addison et Hart, 2004), trois espèces d'invertébrés possédant un stade larvaire pélagique relativement long (entre 51 et 240

jours). Cette constatation supporte l'hypothèse stipulant que la présence d'une larve pélagique dans le cycle de vie d'une espèce marine favoriserait la panmixie (Burton, 1983, 1986; Hedgecock, 1986).

Dans la baie des Chaleurs, les deux gisements localisés tout juste à l'extérieur de la baie, soit Pointe Saint-Pierre et Percé, ont les mêmes caractéristiques génétiques que les gisements situés à l'intérieur de la baie, ce qui est concevable par rapport aux courants présents dans la région. En effet, Bonardelli et Himmelman (1993) ont validé l'hypothèse que les courants dans la baie des Chaleurs étaient une extension du courant de Gaspé. Les larves produites sur les gisements de Percé et Pointe Saint-Pierre pourraient être transportés vers ceux à l'intérieur de la baie, tandis que les échanges dans le sens contraire pourraient être limités, ce qui expliquerait le plus faible nombre d'allèles par locus à ces deux gisements, respectivement de 17,833 et 24,000. Le faible effectif du gisement de Percé ($n = 28$) par rapport aux autres gisements (Tableau 2) peut également être une cause pour cette valeur plus faible. Ruzzante (1998) ainsi que Ferguson et Danzmann (1998) recommandent un effectif d'au moins 50 individus par site pour détecter de manière fiable les différences génétiques entre populations. Cependant, les conditions automnales, période durant laquelle on retrouve encore des larves de pétoncles dans la colonne d'eau, ont fait suggérer à Bonardelli et Himmelman (1993) que le courant orienté principalement vers l'Ouest durant la saison estivale pouvaient s'inverser dans la moitié extérieure de la baie sous l'effet des vents dominants provenant de l'Ouest. Un tel changement pourrait assurer un certain échange entre les gisements situés à l'extrémité Est de la baie des Chaleurs et ceux à l'extérieur de la baie.

Manuel *et al.* (1996) ont observé le comportement des larves de différentes populations dans une expérience menée en mésocosme. Leurs résultats suggèrent que la distribution verticale des larves véligères du pétoncle géant en milieu contrôlé pourrait être influencée par des différences génétiques entre les populations. Ces différences génétiques pourraient être autant au niveau des populations que des individus eux-mêmes. Dans notre étude, certains échantillons ont été prélevés en plongée (Percé et Pointe Saint-Pierre) alors que la majorité des gisements échantillonnés l'ont été à partir des pêches commerciales. Dans le cas des deux sites qui nous intéressent, il n'a pas été possible de trouver de différences génétiques entre les gisements échantillonnés en plongée comparativement à ceux échantillonnés par la pêche commerciale, malgré la différence de profondeur des échantillons.

Dans le sud du Golfe, le transport des larves se fait suivant les courants océanographiques, allant du gisement de Val-Comeau à celui de Murray Harbour, à la sortie du détroit de Northumberland (Lauzier, 1965). Lauzier (1965) a souligné la présence de deux gyres dans le détroit de Northumberland, ce qui favoriserait l'accumulation et/ou la rétention de larves de pétoncle géant aux deux endroits. La présence d'une gyre dans la région de Cap Tourmentine pourrait retenir les larves et accumuler celles venant de l'amont, favorisant une variabilité génétique plus élevée à ce gisement tout en diminuant le coefficient de consanguinité dû aux larves provenant de l'extérieur.

Des études sur la balane (*Semibalanus balanoides*), à l'aide d'allozymes, ont démontré l'existence de deux populations distinctes dans la région de la baie de Miramichi, l'une au nord, l'autre au sud (Holm et Bourget, 1994; Drouin *et al.*, 2002;

Dufresne *et al.*, 2002, Véliz *et al.*, 2004). Ces différences génétiques entre les populations de balanes ont été attribuées à un processus de sélection sur certaines enzymes chez les larves et les juvéniles (Dufresne *et al.*, 2002), puisqu'en utilisant des marqueurs microsatellites, cette différenciation génétique n'était plus perceptible. Donc, les résultats sur les balanes ne sont pas contradictoires avec le fait qu'il y ait un échange de larves entre les côtes de la baie de Miramichi. Les résultats obtenus à partir des microsatellites pour *P. magellanicus* démontrent une homogénéité génétique entre le gisement en amont (Val-Comeau) et celui en aval (West Point) de l'estuaire de la Miramichi. L'homogénéité génétique des quatre gisements échantillonnés indique que le flux génique est important dans cette région, tout comme dans la baie des Chaleurs, ce qui concorde avec la distribution continue de *P. magellanicus* le long des côtes du Nouveau-Brunswick (carte non-publiée; Moniques Niles, comm. pers.). Cependant, nous n'avons pas étudié les variations génétiques au niveau des allozymes, ce qui pourrait nous apporter des informations supplémentaires sur la structure des populations tel les effets de la sélection ou encore des courants locaux.

Une continuité dans la répartition géographique des individus existe entre la région constituée de la baie des Chaleurs et celle du Sud du Golfe. Aucune présence entre de gisements de pétoncles géants n'a pas été signalée dans la littérature entre ces régions et les Îles-de-la-Madeleine en raison du manque d'habitat propice pour l'établissement de recrues (profondeur, température de l'eau, type de substrat inadéquat). En général, les analyses effectuées à l'aide de ces quatre loci indiquent une structuration plus importante que celle établie à partir des analyses utilisant les six loci initialement

choisis. Des différences génétiques entre les régions s'établissent également puisque la région des Îles-de-la-Madeleine est isolée par rapport à celle de la baie de Chesapeake.

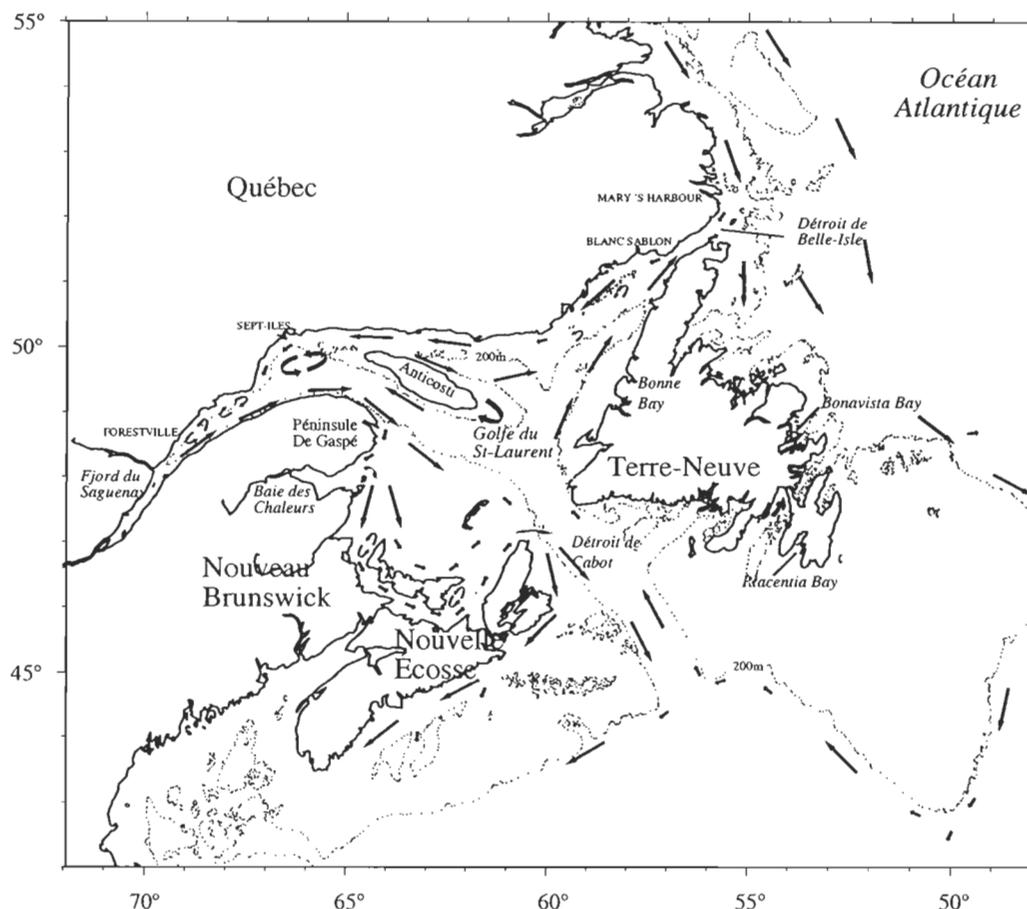


Figure 36. Circulation générale des courants de surface dans le golfe du Saint-Laurent. Adaptée de Drinkwater et Mountain (1997).

Dans la région des Îles-de-la-Madeleine, les gisements sont génétiquement peu différenciés. Le flux génétique semble assez important pour maintenir la panmixie au niveau de cette région ainsi qu'avec les deux autres régions de la partie sud du Golfe (Figure 36). Cependant, la différence observée entre les gisements de Chaîne de la Passe et celui du Fond du Sud-Ouest suggère que les échanges larvaires entre ces gisements sont limités. Ces résultats sont en accord avec ceux de Cliche et Giguère (1996), qui ont utilisé des bouées télémétriques pour déterminer le déplacement des masses d'eau durant

le cycle de développement des larves de pétoncle géant. Ils ont observé, sur 2 ans de suivi, que les bouées étaient retenues dans le secteur sud des Îles (gisements de Millerand, Chaîne de la Passe et Fond du Dix-Milles), démontrant peu d'échange avec le secteur du Fond du Sud-Ouest. En octobre, ces bouées se déplaçaient vers la Nouvelle-Écosse.

Le gisement de la Chaîne de la Passe est faiblement différencié par rapport aux autres gisements (Tableau 22). Le gisement de la Chaîne de la Passe est celui sur lequel les ensemencements de pétoncles géants s'effectuent dans le cadre des activités de la corporation Pétoncles 2000. Les pétoncles géants ensemencés sur ce gisement proviennent d'un captage en milieu naturel dans le secteur du Fond du Sud-Ouest. Ce résultat est surprenant puisque les ensemencements effectués devraient montrer une plus grande homogénéité par rapport au lieu de captage alors que ces deux gisements sont différenciés génétiquement. L'analyse de juvéniles collectés au Fond du Sud-Ouest sera nécessaire pour répondre à la question sur la provenance du naissain. On peut également émettre l'hypothèse que les manipulations effectuées dans le cadre du programme de réensemencement agissent comme facteur de sélection. Le naissain se fixe sur le collecteur artificiel pour une période approximative d'une année avant d'être amené en lagune en pré-élevage. La sélection des individus mis en élevage dans les lagunes se fait par un tri mécanique en faveur des individus ayant la taille la plus importante. Après un séjour en lagune de deux à trois mois, les individus sont ensemencés sur le site de la Chaîne de la Passe. La sélection pourrait agir autant sur les collecteurs que lors du triage et même de l'ensemencement puisque qu'une certaine mortalité y est associée. Toutes

ces manipulations peuvent agir comme facteur de sélection, ce qui pourrait expliquer la tendance de la Chaîne de la Passe à se différencier des autres gisements de la région.

La région de la Basse Côte-Nord est génétiquement distincte de toutes les autres régions analysées. Dans cette région, les courants transportant les larves vont du détroit de Belle-Isle vers l'estuaire du Saint-Laurent (Drinkwater et Gilbert, 2004), où les conditions environnementales semblent moins propices pour l'établissement des juvéniles de *P. magellanicus*. En effet, des salinités de plus de 30 ppm sont préférables pour la survie et la croissance des juvéniles (Bergman *et al.*, 1996; Anonyme, 2004). Les courants, présents dans cette partie nord du golfe du Saint-Laurent, ne sont pas ou peu liés à ceux de la partie sud-ouest du Golfe (El-Sabh, 1976; Saucier *et al.*, 2003) durant l'été. De plus, la saison de ponte est différente entre la région de la Basse Côte-Nord et les régions plus au sud (Black *et al.*, 1993; Gaudet et Côté, 1995), puisque les pétoncles géants de la Basse Côte-Nord ont une ponte plus hâtive. Les gisements de cette région sont souvent clairsemés et de faible étendue (Anonyme, 2004). Les gisements échantillonnés étaient présents dans de petites baies soutenant suffisamment d'individus pour qu'une activité de pêche y soit pratiquée. Dans cette région, le pétoncle géant vit à de moins grandes profondeurs que celles des gisements localisés plus au sud (Gaudet, 1986; Brand, 1991), ce qui permet aux individus de trouver des conditions écologiques propices à leur développement dans cette partie du Golfe.

Dans la région de la Basse Côte-Nord, les différences génétiques entre les gisements sont plus importantes que celles observées entre les gisements de toutes les autres régions. Il est important de noter que des différences génétiques sont également présentes entre les gisements les plus rapprochés de la région (Baie-aux-Saumons et

Rivière St-Paul; Figure 1), ce qui n'était pas le cas pour l'étude d'Herbinger *et al.* (1998) dans la région de Terre-Neuve. Le niveau de différenciation génétique important entre les gisements de la Basse Côte-Nord (Tableau 18) suggère que d'autres facteurs tel que la taille efficace de la population, les variations dans le succès reproducteur ou la sélection pourraient jouer un rôle dans la différenciation génétique des individus de cette région. Différentes hypothèses pourraient expliquer les différences génétiques observées entre les gisements rapprochés géographiquement tel l'isolement géographique des baies les unes par rapport aux autres et le faible recrutement. La topographie dans cette région fait en sorte que les baies sont relativement fermées ne favorisant pas l'échange larvaire. Les patrons de circulation locaux sont complexes, ce qui diminue la possibilité d'échange entre les baies et une tendance vers l'isolement des populations. Le courant dominant dans ce secteur est celui du Labrador, un courant froid, ce qui pourrait ne pas convenir au développement et à la survie des larves et ainsi donc agir comme facteur de sélection. Les petites baies peuvent subir plus de fluctuations environnementales tel une chute de la salinité ou encore des fluctuations de la température de l'eau (Anonyme, 2004). La fragmentation de l'habitat dans la région de la Basse Côte-Nord pourrait être du même ordre que celle entre les différentes régions du Golfe. Riginos et Nachman (2001) mentionnent que les populations de *Axoclinus nigricaudus* (un petit poisson de type « rock-reef fish ») vivant dans des habitats discontinus sont beaucoup plus différenciées génétiquement que celles qui vivent dans un habitat continu. Les discontinuités dans l'habitat sont perceptibles, surtout au niveau des régions, mais également à l'intérieur de la région de la Basse Côte-Nord. De plus, les baies supportent de petites populations diminuant ainsi la taille « efficace » de la population. Une taille « efficace » restreinte

pourrait diminuer le recrutement dans ces populations marginales. D'ailleurs, un faible recrutement a déjà été observé dans cette région (Gaudet et Côté, 1986; Anonyme, 2004). Cette taille « efficace » réduite pourrait entraîner des différences entre les populations de pétoncles géants présentes dans la région de la Basse Côte-Nord.

La variabilité génétique du gisement de la baie de Chesapeake (États-Unis) est faible par rapport à celle observée dans les autres régions. La valeur élevée du *F_{is}* moyen et le faible nombre d'allèles sont surprenants, étant donné que le site d'échantillonnage se situe dans une région où l'abondance du pétoncle géant est assez élevée (Brand, 1991). Par ailleurs, ce site se situe vers l'extrémité sud de l'aire de répartition de l'espèce. La consanguinité est aussi élevée dans la région de la Basse Côte-Nord qui constitue l'extrémité nordique de la répartition.

4.3 Variation dans le succès reproducteur

Les données obtenues dans notre étude indiquent qu'un grand nombre d'individus ont participé à la reproduction au cours des années étudiées dans la région de la baie des Chaleurs, ce qui suggère que l'hypothèse de Hedgecock (1994) sur le phénomène de la variabilité dans le succès reproducteur ne s'applique pas au pétoncle géant du golfe du Saint-Laurent. Nos résultats rejoignent plutôt ceux de Flowers *et al.* (2002) qui n'ont pu détecter ce phénomène chez *Strongylocentrotus purpuratus*. La variabilité dans le succès reproducteur de cette espèce, caractéristique généralement observée chez les espèce ayant une grande fécondité et par un stade larvaire pélagique, aurait pour effet de créer de la différenciation génétique entre les classes d'âge à un gisement donné (Hedgecock, 1994; Li et Hedgecock, 1998). Un succès reproducteur variable peut également avoir comme

conséquence l'observation d'une variabilité génétique réduite d'une classe d'âge par rapport à celle de l'ensemble de la population. Dans cette étude, la variabilité génétique des différentes classes d'âge est du même ordre de grandeur que celle de la population en général, ce qui tendrait à confirmer que la variabilité du succès reproducteur a peu d'effet sur les gisements de pétoncles géants dans la baie des Chaleurs. Par contre, on ne peut exclure cette possibilité pour la région de la Basse Côte-Nord (voir section précédente).

4.4 Déficit en hétérozygotes

Les marqueurs microsatellites ont mis en évidence des déviations importantes par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg. Ces déviations sont toutes causées par des déficits en hétérozygotes. Le locus *Pma200* est systématiquement en déficit d'hétérozygotes pour tous les gisements et toutes les classes d'âge analysées. Ce phénomène a déjà été observé chez le pétoncle géant par Gjetvaj *et al.* (1997) avec quatre des sept marqueurs microsatellites développés pour cette espèce. Herbinger *et al.* (1998) ont également trouvé des déficits en hétérozygotes aux loci *Pma130* et *Pma135* en comparant deux gisements géographiquement rapprochés de pétoncles géants. Les déficits en hétérozygotes ont déjà été observés chez plusieurs autres organismes, et chez les mollusques en particulier (Zouros & Foltz, 1984; Gaffney, 1994; Raymond *et al.*, 1997; Tremblay *et al.*, 1998).

Différentes raisons, qu'elles soient analytiques, biologiques ou provenant du plan d'échantillonnage, ont été fournies pour expliquer les déficits en hétérozygotes. D'un point de vue analytique, la présence d'allèles nuls ne peut pas être écartée. Les allèles nuls sont ceux qui n'ont pas été amplifiés lors de la réaction PCR ou ceux qui ne peuvent

être détectés lors de l'analyse. Pour vérifier de la présence éventuelle d'allèles nuls à ces loci, des croisements contrôlés en laboratoire devraient être effectués. Les allèles nuls ont été mentionnés dans plusieurs travaux de recherche sur la structure génétique des populations (Del Rio-Portilla et Beaumont, 2000; McGoldrick *et al.*, 2000; McCartney *et al.*, 2004; Reece *et al.*, 2004). Ces allèles nuls pourraient être dus à une mutation dans la séquence de l'amorce ne lui permettant pas de prendre place sur le brin d'ADN et d'amplifier le microsatellite étudié (McGoldrick *et al.*, 2000; Reece *et al.*, 2004). Le logiciel Micro-Checker a été utilisé pour déterminer la possibilité de présence d'un tel phénomène sur l'ensemble des sites. Les résultats obtenus (Annexe 2) indiquent que le locus *Pma200* aurait systématiquement des allèles nuls pour tous les sites de l'étude. Le locus *Pma212* aurait également des allèles nuls pour certains sites. Le fait d'une erreur dans la détermination des allèles de la part de l'observateur ne peut être écarté également. La présence de bandes de « stutter » complique la détection des hétérozygotes, surtout lorsque la différence entre les deux allèles n'est que d'une répétition. Le locus *Pma200*, qui montre le plus important déficit en hétérozygotes, pourrait être plus affecté par ce type d'erreur, étant donné la présence systématique de bandes de « stutter », ce qui prouverait les résultats de Micro-Checker (Annexe 2) pour les sites de Bonaventure et de Chandler. Le même logiciel examine la possibilité de « drop-out », c'est-à-dire que les allèles de grande taille auraient de la difficulté à être amplifiés. Le seul locus qui a pu être analysé semblant répondre à ce critère est le *Pma275*. Le locus *Pma135* n'a pas pu être analysé en raison de sa complexité, mais pourrait également être affecté par ce phénomène.

Des raisons biologiques ont également été proposées pour expliquer les déficits en hétérozygotes. La consanguinité pourrait entraîner un déficit en hétérozygotes (Gaffney, 1994). Les résultats de cette étude rejoignent les observations effectuées par Tremblay *et al.* (1998) sur *Mytilus edulis* aux Îles-de-la-Madeleine, indiquant que (1) le flux génétique était assez important dans la région pour prévenir l'isolement des populations par dérive génétique, suggérant une dispersion larvaire importante et (2) les déficits ne sont pas uniformes à travers tous les loci. Selon ces auteurs, ce genre de résultats ne permet pas d'affirmer que le taux de consanguinité (« inbreeding ») est une cause majeure du déficit observé en hétérozygotes. Cette consanguinité est observée dans les populations de faible taille, ce qui pourrait être le cas dans la région de la Basse Côte-Nord alors que les populations sont de faible taille augmentant la chance de croisements entre des individus apparentés. La baie de Chesapeake, qui représente l'extrémité sud de l'aire de répartition, est également dans la même situation. La consanguinité élevée de ce gisement pourrait indiquer que la principale source de recrutement provient du gisement lui-même. La provenance extérieure de juvéniles pourraient être réduite, le gisement fournissant des individus pour les autres populations plus en aval, sans recevoir pour autant des individus de l'extérieur, ce qui aurait pour conséquence que la fécondation se ferait entre des individus apparentés.

Le processus de sélection contre les hétérozygotes pourrait expliquer les déficits en hétérozygotes chez les mollusques. Tremblay *et al.* (1998) et Mallet *et al.* (1985) ont observé à l'aide d'allozymes que la sélection agissait sur les premiers stades de vie de *M. edulis*. L'effet de la sélection peut agir au stade larvaire, mais également au stade juvénile. Dans notre étude, les individus analysés sont âgés de 2 ans ou plus, pouvant

avoir subi une telle sélection plus tôt dans leur cycle de vie. Toro et Vergara (1995) ont mené une expérience sur une classe d'âge de l'huître Chilienne (*Ostrea chilensis*) obtenue dans des conditions contrôlées. Leur étude a démontré que les juvéniles obtenus ne présentaient pas de déficit en hétérozygotes à 6 mois, alors que le déficit s'était accentué avec le temps, créant un déficit en hétérozygotes important à plus long terme. La présence d'allèles nuls, la consanguinité et l'effet Wahlund, qui est un mélange de populations génétiquement différenciées dans le temps et dans l'espace, ont été écartés comme explications du déficit, étant donné que les déficits en hétérozygotes sont apparus avec le temps, alors qu'aucun déficit n'avait pu être détecté au départ. Le même phénomène a été observé par Launey et Hedgecock (2001) à l'aide de marqueurs microsatellites. Ces résultats supportent l'hypothèse que certains allèles pouvaient subir une sélection puisqu'ils pourraient être liés à des gènes délétères par rapport au « fitness » des individus. D'après ces observations, la sélection pourrait avoir un effet sur le déficit en hétérozygotes dans les populations de pétoncles géants étudiés. Mais il est important de noter que les marqueurs microsatellites sont considérés comme neutre face à la sélection.

Du point de vue du plan d'échantillonnage, un effet du type Wahlund peut également causer un déficit en hétérozygotes (Raymond *et al.*, 1997; Addison et Hart, 2004). Addison et Hart (2004) suggèrent que le déficit en hétérozygotes dans les populations génétiquement homogènes sur le plan géographique résulte d'un effet Wahlund dans le temps, causé par la grande variabilité dans le succès reproducteur. Dans le cas de notre étude, il est peu probable que cet effet explique les déficits en hétérozygotes pour la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe, puisque les classes d'âge

analysées ne sont pas différenciées génétiquement. De plus, l'homogénéité des gisements de la baie des Chaleurs pour une classe d'âge spécifique, celle de 1997, prouve qu'un effet Wahlund de type géographique est également improbable dans cette région. Cette situation n'est pas aussi claire dans la région des Îles-de-la-Madeleine, pour laquelle une étude entre les différentes classes d'âge n'a pas été effectuée. Même s'il est improbable qu'un effet Wahlund, dans le temps ou l'espace, soit la cause d'un déficit en hétérozygotes dans la baie des Chaleurs, on ne peut écarter cette explication pour des populations marginales comme celles présentes dans la région de la Basse Côte-Nord.

4.5 Transfert d'individus entre régions

Les implications de cette étude peuvent se répercuter sur certains aspects de la gestion du pétoncle géant. La gestion par zone de pêche du pétoncle géant, telle que pratiquée actuellement, semble appuyée par la structuration génétique observable dans l'ensemble du Golfe au niveau des quatre grandes régions étudiées.

À la lueur des résultats obtenus pour la région du Sud du Golfe, le programme d'ensemencement géré par les autorités en place au Nouveau-Brunswick ne semble pas avoir de barrières au point de vue génétique. En effet, les gisements de pétoncles géants dans cette région ne sont pas différents génétiquement. Donc, les individus ensemencés pourraient provenir d'une multitude de sources à l'intérieur de cette région, par exemple les gisements les plus performants au point de vue de la croissance ou encore du rendement en chair, ce qui avantagerait et stimulerait l'intérêt des pêcheurs pour de tels programmes. Il est important de noter que ces différences ne s'appliquent qu'à la structure génétique évaluée à partir de six marqueurs microsatellites. Plusieurs autres

aspects peuvent entrer en jeu dans la justification des transferts d'individus tel la physiologie, la structure génétique déterminée à partir des allozymes, l'hétérozygoté, le taux de croissance, les agents pathogènes ou encore les niches écologiques qui diffèrent.

En ce qui a trait à la Basse Côte-Nord, la situation est plus complexe. Il est impossible pour l'instant de savoir si ces différences sont établies dans les populations sauvages ou bien si elles sont les résultantes des activités aquicoles qui ont lieu dans cette partie du Golfe.

Les résultats de cette étude pourraient également avoir des implications sur les transferts d'individus entre les différentes régions du golfe du Saint-Laurent. Notre étude a démontré que les populations de pétoncles géants pouvaient se répartir selon deux ensembles : (1) la Basse Côte-Nord, (2) les Îles-de-la-Madeleine, la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe. Johnson (2000) spécifie que dans le cas extrême d'homogénéisation des populations, il n'y a pas lieu de croire que des transferts causeraient des problèmes au niveau génétique. À l'opposé, lorsqu'il y a une forte structuration qui indique une évolution indépendante de différentes populations, les transferts peuvent menacer la diversité génétique présente dans les populations (Johnson, 2000). Entre les deux extrêmes, prévoir les conséquences d'activité de transfert est difficile. Il reste encore des questions à élucider concernant l'impact, au niveau génétique, du nombre d'individus transférés. Le transfert d'individus, produits à partir d'écloserie, peut être discutable, surtout si la diversité génétique résultant de ces manipulations est réduite. Le nombre de parents utilisés pour produire les larves en écloserie est généralement peu élevé, ce qui donne une diversité génétique faible par rapport à la variabilité génétique dans les populations naturelles (Hedgecock, 1993; Beaumont, 2000; Stotz, 2000). Selon

Beaumont (2000), l'approvisionnement à partir de larves en milieu naturel, comme celui établi par le programme REPERE aux Îles-de-la-Madeleine et au Nouveau-Brunswick, est préférable.

CHAPITRE V

CONCLUSION

En se fiant aux résultats obtenus grâce à l'échantillonnage effectué dans la baie des Chaleurs et la région du Sud du Golfe, les différentes classes d'âge analysées sont homogènes au point de vue génétique. Cette constatation laisse présager que la population effective compte un grand nombre d'individus, du moins pour la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe.

Les données génétiques recueillies dans cette étude à l'aide de six microsatellites indiquent une structuration génétique à l'échelle des régions plutôt qu'à l'échelle des gisements, exception faite de la Basse Côte-Nord. Le flux génétique entre la baie des Chaleurs et le Sud du golfe du Saint-Laurent est assez important pour prévenir l'apparition de différences génétiques entre les gisements de ces deux régions. Les Îles-de-la-Madeleine ne sont pas significativement différentes des autres régions, mis à part la Basse Côte-Nord. Cette dernière région est différente génétiquement de toutes les autres. Des différences génétiques sont mêmes observables entre certains gisements de cette région.

En effectuant les mêmes analyses à l'aide de quatre microsatellites, la région de la Basse Côte-Nord semble plus structurée génétiquement. Cette constatation laisse supposer que le flux génétique n'est pas assez important entre les différents gisements de cette partie du Golfe pour contrecarrer l'effet de la dérive génétique. Ces analyses n'ont pas montré de structuration génétique dans la baie des Chaleurs, ni dans le Sud du Golfe

du point de vue géographique, ni entre les classes d'âge pour les gisements de Chandler et Bonaventure.

La présence de déficits en hétérozygotes est courante chez les mollusques bivalves, la présente étude ne faisant pas exception. Les explications pour les déficits en hétérozygotes sont nombreuses. Il est impossible d'écarter la présence d'allèles nuls, tout comme les erreurs possibles d'identification des allèles causées par la présence de « stutter », lorsque les allèles des individus hétérozygotes ne sont séparés que par une seule répétition. L'effet Wahlund temporel peut être écarté puisque les différentes classes d'âge d'un même gisement sont génétiquement homogènes, du moins pour la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe. Le taux de consanguinité (« inbreeding ») pourrait également ne pas être la cause majeure du déficit en hétérozygotes, l'absence de différences à l'échelle régionale indiquant qu'un grand nombre d'individus pourrait participer à la reproduction à chaque année.

En ce qui concerne d'éventuels transferts d'individus dans le golfe du Saint-Laurent, les résultats obtenus pourraient avoir certaines répercussions. Les résultats de cette étude présentent une structuration géographique des caractéristiques génétiques à l'échelle du Golfe principalement. Pour s'assurer de minimiser les impacts potentiels des transferts sur la diversité génétique du pétoncle géant dans le golfe du Saint-Laurent, ces derniers devraient se faire exclusivement à l'intérieur des grandes régions génétiquement homogène, soit : (1) la Basse Côte-Nord et (2) les Îles-de-la-Madeleine, la baie des Chaleurs et le Sud du Golfe.

BIBLIOGRAPHIE

- Addison, J.A. et M.W. Hart, 2004. Analysis of population genetic of the green sea urchin (*Strongylocentrotus droebachiensis*) using microsatellites. *Marine Biology* 144 : 243-251.
- Anonyme, 2002. Rapport d'activités de Pecten UPM/MFU concernant le programme d'ensemencement des pétoncles. 46p.
- Anonyme, 2003. Rapport d'activités de Pecten UPM/MFU inc. concernant le programme d'ensemencement du pétoncle pour l'année 2002. 25p.
- Anonyme, 2004. Papatshé: Suivi environnemental des gisements à potentiel pectinicole en Basse Côte-Nord. Rapport de projet présenté au Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec. 19pp.
- Arndt, A. et M.J. Smith, 1998. Genetic diversity and population structure in two species of sea cucumber: differing patterns according to mode of development. *Molecular Ecology* 7: 1053-1064.
- Avise, J.C., 1994. *Molecular markers, Natural history and evolution*. Chapman and Hall, NY.
- Beaumont, A., 2000. Genetic considerations in transfers and introductions of scallops. *Aquaculture International* 8: 493-512.

- Beaumont, A.R. 1982. Geographic variation in the allele frequencies at three loci in *Chlamys opercularis* from Norway to the Brittany coast. *Journal of Marine Biological Association of United Kingdom* 62: 243-261.
- Beaumont, A.R., E.M. Gosling, C.M. Beveridge, M.D. Budd et G.M. Burnell, 1985. Studies on heterozygosity and size in the scallop, *Pecten maximus*. In P.E. Gibbs, ed. *Proceedings of the nineteenth European marine biology symposium: Plymouth, Devon, U.K., 16-21 September 1984*. Cambridge, Cambridge University Press, pp.443-454.
- Beaumont, A.R. et E. Zouros, 1991. Genetics of scallops. In S.E. Shumway, ed. *Scallops: Biology, Ecology and Aquaculture*, New-York: Elsevier, pp. 585-623..
- Belkhir K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste et F. Bonhomme, 1999. GENETIX 4.04, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Benzie, J.A.H., 1999. Genetic structure of coral reef organisms: ghosts of dispersal past? *American Zoologist* 39: 131-145.
- Benzie, J.S. et J.A. Stoddart, 1992. Genetic structure of outbreaking and non-outbreaking crown-of-thorns starfish (*Acanthaster planci*) populations on the Great Barrier Reef. *Marine Biology* 116: 119-130.

- Bergman, C., J.J. Parson et C. Couturier, 1996. Tolerance of the giant sea scallop, *Placopecten magellanicus*, to low salinity. Bulletin of the Aquaculture Association of Canada 96-3: 62-64.
- Black, G.A.P., R.K. Mohn, G. Robert et M.J. Tremblay, 1993. Atlas of the biology and distribution of the sea scallop *Placopecten magellanicus* and Iceland scallop *Chlamys islandica* in the Northwest Atlantic. Canadian Technical Report of Fisheries and Aquatic Sciences 1915, 40p.
- Bohonak, A.J., 1999. Dispersal, gene flow, and population structure. The Quarterly Review of Biology 74: 21-45.
- Bonardelli, J.C. et J.H. Himmelman, 1993. Current variability and upwelling along north shore of baie des Chaleurs. Atmosphere-Ocean 31: 541-565.
- Bonardelli, J.C., J.H. Himmelman et K. Drinkwater, 1996. Relation of spawning of the giant scallop, *Placopecten magellanicus*, to temperature fluctuations during downwelling events. Marine Biology 124: 637-649.
- Bourne, N.F., 2000. The potential of scallop culture - the next millennium. Aquaculture International 8: 113-200.
- Brand, A.R., 1991. Scallop ecology: distributions and behaviour. In S.E. Shumway, ed. Scallops: Biology, Ecology and Aquaculture, New-York: Elsevier, pp. 517-583.

- Bricelj, V.M. et M.K. Krause, 1992. Resource allocation and population genetics of the bay scallop, *Argopecten irradians irradians*: Effects of age and allozyme heterozygosity on reproductive output. *Marine Biology* 113: 253-261.
- Burton, R.S., 1983. Protein polymorphisms and genetic differentiation of marine invertebrate populations. *Marine Biology Letter* 4: 193-206.
- Burton, R.S., 1996. Molecular tools in marine ecology. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. 200 1-2: 85-101.
- Campton, D.E., C.J. Berg, L.M. Robison et R.A. Glazer, 1992. Genetic patchiness among populations of queen conch *Strombus gigas* in the Florida Keys and Bimini. *Fishery Bulletin* 90: 250-259.
- Cavalli-Sforza, L.L. et A.W.F. Edwards, 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Evolution* 32: 550-570.
- Cliche, G. et M. Giguère, 1996. Captage du naissain de pétoncle géant en milieu naturel aux Îles-de-la-Madeleine. *In* P. Carrier et G. Cliche, eds. *Compte rendu de la 5^e réunion annuelle de transfert technologique, Programme REPERE - Îles-de-la-Madeleine, 6 et 7 mars 1996*, pp. 37-50.
- Cliche, G. et M. Giguère, 1998. Bilan du programme de recherche sur le pétoncle à des fins d'élevage et de repeuplement (REPERE) de 1990 à 1997. *Rapport canadien à l'industrie sur les sciences halieuthiques et aquatiques* 247: x + 74 p.

- Cliche, G., M. Giguère, P.-A. Joncas, B. Thomas et S. Vigneau, 1999. Programme de recherche sur le pétoncle à des fins d'élevage et de repeuplement - Phase II. Compte rendu, Direction de l'innovation et des technologies, MAPAQ: 17p.
- Cliche, G., S. Vigneau et M. Giguère, 1997. Status of a commercial sea scallop enhancement project in Îles-de-la-Madeleine (Québec, Canada). *Aquaculture International* 5: 259-266.
- Couturier, C., P. Dabinett et M. Lanteigne, 1995. Scallop culture in Atlantic Canada. *In*: A.D. Boghen, ed. Cold-water aquaculture in Atlantic Canada, The Tribune Presse Ltd. Sackville, NB, p. 297-340.
- David, P., M.-A. Perdieu, A.-F. Pernot et P. Jarne, 1997. Fine-grained spatial and temporal population genetics structure in the marine bivalve *Spisula ovalis*. *Evolution* 51: 1318-1322.
- Del Rio-Portilla, M.A. et A.R. Beaumont, 2000. Larval growth, juvenile size and heterozygosity in laboratory reared mussels, *Mytilus edulis*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 254: 1-17.
- Drinkwater, K.F. et D.G. Mountain, 1997. Climate and oceanography. *In*: J. Boremanm B.S. Nakashima, J.A. Wilson et R.L. Kendall, eds. Northwest Atlantic Groundfish: perspectives on a fishery collapse, Bethesda, Maryland, pp. 3-25.
- Drinkwater, K.F. et D. Gilbert, 2004. Hydrographic variability in the waters of the Gulf of St. Lawrence, the Scotian Shelf and the Eastern Gulf of Maine (NAFO subarea 4) during 1991-2000. *Journal of Northwest Atlantic Fishery Science* 34: 85-101.

- Drouin, C-A., E. Bourget et R. Tremblay, 2002. Larval transport processes of barnacle larvae in the vicinity of the interface between two genetically different populations of *Semibalanus balanoides*. *Marine Ecology Progress Series* 229: 165-172.
- Dufresne, F., E. Bourget et L. Bernatchez, 2002. Differential patterns of spatial divergence in microsatellite and allozyme alleles: further evidence for locus-specific selection in the acorn barnacle, *Semibalanus balanoides*? *Molecular Ecology* 11: 113-123.
- Edmands, S.M., P.E. Moberg et R.S. Burton, 1996. Allozyme and mitochondrial DNA evidence of population subdivision in the purple sea urchin *Strongylocentrotus purpuratus*. *Marine Biology* 126: 443-450.
- El Mousadik, A. et R.J. Petit, 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 832-839.
- El-Sabh, M.I., 1976. Surface circulation pattern in the Gulf of St. Lawrence. *Journal of Fisheries Research Board of Canada* 33: 124-138.
- Ferguson, M.M. et R.G. Danzmann, 1998. Role of genetic markers in fisheries and aquaculture: useful tools or stamp collecting? *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 55: 1553-1563.

- Fevolden, S.E., 1989. Genetic differentiation of the Icelandic scallop *Chlamys islandica* (Pectinidae) in the northern Atlantic Ocean. Marine Ecology Progress Series 51: 77-85.
- Flowers, J.M., S.C. Schroeter et R.S. Burton, 2002. The recruitment sweepstakes has many winners: Genetic evidence from the sea urchin *Strongylocentrotus purpuratus*. Evolution 56: 1445-1453.
- Gaffney, P.M., 1994. Heterosis and heterozygote deficiencies in marine bivalves: more light? In A.R. Beaumont, ed. Genetics and evolution of aquatic organisms, London: Chapman & Hall, pp. 146-153.
- Gaudet, M., 1986. Le pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) de la Basse Côte-Nord: Caractéristiques biologiques et potentiel aquicole. MAPAQ, DRST. Document de recherche 86/26. 7p. + annexes.
- Gaudet, M. et J. Côté, 1995. Bilan des activités aquicoles du pétoncle géant (*Placopecten magellanicus*) en 1994 dans la baie Jacques-Cartier sur la Basse Côte-Nord et proposition d'un scénario d'élevage par ensemencement. MAPAQ, DRST. Doc. Rec. 95/09, 73p.
- Giguère, M., S. Brulotte et R. Miller, 1995. Distribution, croissance et mortalité du pétoncle d'Islande et du pétoncle géant entre Kégaska et Vieux-Fort sur la Basse Côte-Nord en 1993. Rapport Technique Canadien des Sciences Halieutique et Aquatique No 2033

- Gjetvaj, B., R.M. Ball, S. Burbridge, C.J. Bird, E. Kenchington et E. Zouros, 1997. Amounts of polymorphism at microsatellite loci in the sea scallop *Placopecten magellanicus*. *Journal of Shellfish Research* 16: 547-553.
- Gosselin, L.A. et P.-Y. Qian, 1997. Juvenile mortality in benthic invertebrates. *Marine Ecology Progress Series* 146: 265-282.
- Goudet, J., 1995. FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F- statistics. *Journal of Heredity* 86(6): 485-486.
- Goudet, J., 2002. FSTAT (version 2.9.3.2), mise à jour de la version 1.2 de 1995. Disponible à l'adresse suivante: <http://www2.unil.ch/izea/software/fstat.html>
- Goudet, J., M. Raymond, T. de Meeüs et F. Rousset, 1996. Testing differentiation in diploid populations. *Genetics* 144: 1933-1940.
- Harding, G.C., E.L. Kenchington, C.J. Bird, D.S. Pezzack et D.C. Landry, 1997. Genetic relationships among subpopulations of the American lobster (*Homarus americanus*) as revealed by random amplified polymorphic DNA. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 54: 1762-1771.
- Hébert, D. et S. Vigneau, 2001. Ensemencement commercial de pétoncles géants à la suite d'un prélevage aux Îles-de-la-Madeleine. *In* G. Cliche et P. Carrier, eds. *Compte rendu de la 2^e réunion annuelle de transfert de technologie REPERE II, Îles-de-la-Madeleine, 22-23 février 2001, pp. 75-77.*

- Hedgecock, D., 1986. Is gene flow from pelagic larval dispersal important in the adaptation and evolution of marine invertebrates? *Bulletin of Marine Science* 39: 550-564.
- Hedgecock, D., 1993. Human impacts on the biological diversity of sessile marine invertebrate populations: Introductions, invasions, and artificial propagation. *In* G. Sundnes, ed. *Humans impacts on self-recruiting populations*, Tapir Publishers, Trondheim, pp. 125-150.
- Hedgecock, D., 1994. Does variance in reproductive success limit effective population sizes of marine organisms? *In* A.R. Beaumont, ed. *Genetics and evolution of aquatic organisms*, London: Chapman & Hall, pp. 122-134.
- Hellberg, M.E., 1996. Dependence of gene flow on geographic distance in two solitary corals with different larval dispersal capabilities. *Evolution* 50: 1167-1175.
- Herbinger, C.M., B.M. Vercaemer, B. Gjetvaj et R.K. O'dor, 1998. Absence of genetic differentiation among geographically close sea scallop (*Placopecten magellanicus* G.) beds with CDNA and microsatellite markers. *Journal of Shellfish Research* 17: 117-122.
- Holm, E.R. et E. Bourget, 1994. Selection and population genetic structure of the barnacle *Semibalanus balanoides* in the Northwest Atlantic and Gulf of St. Lawrence. *Marine Ecology Progress Series* 113: 247-256.

- Hoskin, M., 1997. Effects of contrasting modes of larval development on the genetic structures of populations of three species of prosobranch gastropods. *Marine Biology* 127: 647-656.
- Johnson, M.S., 2000. Measuring and interpreting genetic structure to minimize the genetic risks of translocations. *Aquaculture Research* 31: 133-143.
- Johnson, M.S. et R. Black, 1982. Chaotic genetic patchiness in an intertidal limpet, *Siphonaria sp.* *Marine Biology* 70: 157-164.
- Johnson, M.S. et R. Black, 1984a. The Wahlund effect and the geographical scale of variation in the intertidal limpet *Siphonaria sp.* *Marine biology* 79: 295-302.
- Johnson, M.S. et R. Black, 1984b. Pattern beneath the chaos: the effect of recruitment on genetic patchiness in an intertidal limpet. *Evolution* 38: 1371-1383.
- Kenchington, E., C.J. Bird et E. Zouros, 1999. Genetic variation in *Placopecten magellanicus* with implications for fisheries management. Abstract. *Journal of Shellfish Research* 18: p.313.
- Kordos, L.M. et R.S. Burton, 1993. Genetic differentiation of Texas Gulf Coast populations of the blue crab *Callinectes sapidus*. *Marine Biology* 117: 227-233.
- Kruskal, J.B., 1964a. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika*, 29: 1-29.
- Kruskal, J.B., 1964b. Nonmetric multidimensional scaling: a numerical method. *Psychometrika* 29: 115 129.

- Kyle, C.B. et E.G. Boulding, 2000. Comparative population genetic structure of marine gastropods (*Littorina* spp.) with and without pelagic larval dispersal. *Marine Biology* 137: 835-845.
- Launey, S. et D. Hedgecock, 2001. High genetic load in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Genetics* 159: 255-265.
- Lauzier, L., 1965. Drift bottle observations in Northumberland Strait, Gulf of St. Lawrence. *Journal of Fisheries Research Board of Canada* 22: 353-368.
- Lewis, R.I. et J.P. Thorpe, 1994. Temporal stability of gene frequencies within genetically heterogeneous population of queen scallop *Aequipecten (Chlamys) opercularis*. *Marine Biology* 121: 117-126.
- Li, G. et D. Hedgecock, 1998. Genetic heterogeneity, detected by PCR-SSCP, among samples of larval Pacific oysters (*Crassostrea gigas*) supports the hypothesis of large variance in reproductive success. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 55: 1025-1033.
- Mallet, A.L., E. Zouros, K.E. Gartner-Kepkay, K.R. Freeman et L.M. Dickie, 1985. Larval viability and heterozygote deficiency in populations of marine bivalves: evidence from pair matings of mussels. *Marine Biology* 87: 165-172.
- Manuel, J.L. et M.J. Dadswell, 1991. Swimming behaviour of juvenile giant scallop, *Placopecten magellanicus*, in relation to size and temperature. *Canadian Journal of Zoology* 69: 2250-2254.

- Manuel, J.L., S. Burrige, E.L. Kenchington, M. Ball et R.K. O'dor, 1996. Veligers from two populations of scallop *Placopecten magellanicus* exhibit different vertical distributions in the same mesocosm. *Journal of Shellfish Research* 15: 251-257.
- McCartney, M.A., K. Brayer et D.R. Levitan, 2004. Polymorphic microsatellite loci from the red sea urchin, *Strongylocentrus franciscanus*, with comments on heterozygote deficit. *Molecular Ecology Notes* 4: 226-228.
- McGoldrick, D.J., D. Hedgecock, L.J. English, P. Baoprasertkul et R.D. Ward, 2000. The transmission of microsatellite alleles in Australian and North American stocks of the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*): selection and null alleles. *Journal of Shellfish Research* 19: 779-788.
- Merrill, A.S., J.A. Pogsay et F.E. Nichy, 1966. Annual mark on shell and ligaments of sea scallop (*Placopecten magellanicus*). *Fishery Bulletin* 65: 299-311.
- Ministère des Pêches et Océans Canada, 2004. Les pêches maritimes du Québec - Revue statistique anuelle 2001-2002. 283p.
- Moberg, P.E. et R.S. Burton, 2000. Genetic heterogeneity among adult and recruit red sea urchins, *Strongylocentrotus franciscanus*. *Marine Biology* 136: 773-784.
- Moragat, D., M. Avendano, J. Pena, M. Le Penec, A. Tanguyt et J. Baron, 2001. Genetic and morphological differentiation between two pectinid populations of *argopecten purpuratus* from the northern chilean coast. *Estudios Oceanologicos* 20: 51-60.

- Nei, M., F. Tajima et Y. Tatenno, 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19: 153-170.
- Page, R.D.M., 1996. TREEVIEW: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applied Biosciences* 12: 357-358.
- Palumbi, S.R. 1995. Using genetics as an indirect estimator of larval dispersal. *In: L. McEdward, ed. Ecology of marine invertebrate larvae*, Crc Press, Boca Raton, Fl. (USA), pp. 369-387.
- Palumbi, S.R., 1997. Molecular biography of the Pacific. *Coral Reefs* 16 (Suppl.): S47-S52.
- Puebla, O. 2003. Structure génétique des populations de crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*) à l'échelle de l'Atlantique du nord-ouest : analyse par l'utilisation de microsatellites. Mémoire de maîtrise. Université du Québec à Rimouski.
- Raymond, M., R.L. Vaeaentoe, F. Thomas, F. Rousset, T. de Neeus et F. Renaud, 1997. Heterozygote deficiency in the mussel *Mytilus edulis* species complex revisited. *Marine Ecology Progress Series* 156: 225-237.
- Real, L.E., N. Julio, N.C. Gardenal et N.F. Ciocco, 2004. Genetic variability of Tehuelche scallop, *Aequipecten tehuelchus*, populations for the Patagonian coasts (Argentina). *Journal of Marine Biological Association of the United Kingdom* 84: 235-238.

- Reece, K.S., W.L. Ribeiro, P.F. Gaffney, R.B. Carnegie et S.K. Allen Jr, 2004. Microsatellite marker development and analysis in the Eastern oyster (*Crassostrea virginica*): Confirmation of null alleles and non-mendelian segregation ratios. *Journal of Heredity* 95: 346-352.
- Rice, W., 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution* 41: 223-225.
- Riginos, C. et M.W. Nachman, 2001. Population subdivision in marine environments: the contributions of biogeography, geographical distance and discontinuous habitat to genetic differentiation in a blennioid fish, *Axoclinus nigricaudus*. *Molecular Ecology* 10: 1439-1453.
- Rios, C., J. Canales et J.B. Pena, 1996. Genotype-dependent spawning: evidence from a wild population of *Pecten jacobaeus* (L.) (Bivalvia: Pectinidae). *Journal of Shellfish Research*, 15: 645-651.
- Ruzzante, D.E., 1998. A comparison of several measures of genetic distance and population structure with microsatellite data: bias and sampling variance. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 55: 1-14.
- Saucier, F.J., F. Roy, D. Gilbert, P. Pellerin et H. Ritchie, 2003. Modeling the formation and circulation processes of water masses and sea ice in the Gulf of St. Lawrence, Canada. *Journal of Geophysical Research* 108 (C8), 3269.
- Sévigny, J.-M., L. Savard et D.G. Parsons, 2000. Genetic characterization of the Northern Shrimp, *Pandalus borealis*, in the Northwest Atlantic using

- electrophoresis of enzymes. *Journal of Northwest Atlantic Fishery Science* 27: 161-175.
- Sinclair, M., 1988. *Marine populations*. Washington Sea Grant Program. University of Washington Press. Seattle and London.
- Sinclair, M., R.K. Mohn, G. Robert et D.L. Roddick, 1985. Considerations for the effective management of Atlantic scallops. *Canadian Technical Report of Fisheries and Aquatic Sciences* 1382: vii + 113p.
- Stokesbury, K.D.E. et J.H. Himmelman, 1993. Spatial distribution of the giant scallop *Placopecten magellanicus* in unharvested beds in the Baie des Chaleurs, Québec. *Marine Ecology Progress Series* 96: 159-168.
- Stotz, W., 2000. When aquaculture restores and replaces an overfished stock: Is the conservation of the Species assured? The case of the scallop *Argopecten purpuratus* in Northern Chile. *Aquaculture International* 8: 237-247.
- Takezaki, N. et M. Nei, 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144: 389-399.
- Toro, J.E. et M. Vergara, 1995. Evidence for selection against heterozygotes: post-settlement excess of allozyme homozygosity in a cohort of the Chilean oyster, *Ostrea chilensis* Philippi, 1845. *The Biological Bulletin* 188: 117-119.
- Tremblay, R.M., B. Myrand et J.-M. Sévigny, 1998. Genetic characterization of wild and suspension-cultured blue mussels (*Mytilus edulis* Linneaus, 1758) in the

- Magdalen Islands (southern Gulf of St. Lawrence, Canada). *Journal of Shellfish Research* 17: 1191-1202.
- Van Oosterhout, C., W.F. Hutchinson, D.P.M. Wills et P. Shipley, 2004. Program note Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4: 535-538.
- Véliz, D., E. Bourget et L. Bernatchez, 2004. Regional variation in the spatial scale of selection at MPI* and GPI* in the acorn barnacle *Semibalanus balanoides* (Crustacea). *Journal of Evolutionary Biology* 17: 953-966.
- Volckaert, F. et E. Zouros, 1989. Allozyme and physiological variation in the scallop *Placopecten magellanicus* and a general model for the effects of heterozygosity on fitness un marine molluscs. *Marine Biology* 103: 51-61.
- Watts, R.J., M.S. Johnson et R. Black, 1990. Effects of recruitment on genetic patchiness in the urchin *Echinometra mathaei* in Western Australia. *Marine Biology* 105: 145-151.
- Weir B.S. et C.C Cockerham, 1984. Estimating F -statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Zouros, E. et D.W. Foltz, 1984. Possible explanations of heterozygote deficiency in bivalve molluscs. *Malacologia* 25: 583-591.

Annexe 1. Positionnement des différents gisements d'échantillonnage pour l'étude de la structure génétique des populations de *Placopecten magellanicus* dans le golfe du Saint-Laurent.

Gisement	Longitude	Latitude
Bonaventure	-65.47250	47.97528
Chandler	-64.62667	48.34083
Gascons	-64.82167	48.19556
Paspébiac	-65.01667	48.34083
Percé*	-64.20026	48.52122
Pointe Saint-Pierre*	-64.20729	48.55454
Chevery*	-59.61950	50.43370
La Tabatière*	-58.91930	50.84610
Baie-aux-Saumons*	-57.60310	51.44150
Rivière St-Paul*	-57.76060	51.42340
Chaîne de la Passe*	-61.77610	47.14170
Fond du Dix Milles*	-61.67420	47.08000
Fond du Sud-Ouest	-61.61228	47.43120
Millerand*	-62.0050	47.17960
Cap Tormentine	-63.67667	46.16117
Murray Harbour	-62.50642	45.86854
Val-Comeau	-64.77050	47.51060
West Point	-64.48900	46.55717
baie de Chesapeake (USA)	-74.66667	37.52033

* Les coordonnées géographiques représentent une position approximative des sites ayant fait l'objet d'échantillonnage.

Annexe 2. Résultats des analyses du logiciel Micro-Checker pour évaluer les raisons possibles des déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg.

Locus	<i>Pma130</i>			<i>Pma200</i>			<i>Pma275</i>			<i>Pma132</i>			<i>Pma135</i>			<i>Pma212</i>		
	Stutter	Drop out	Null allele															
Population						X												
CDLP						X												
DM						X												
FSO						X		X										X
ML						X												
CV						X						X						
SB						X						X						
SPR						X												
TB						X		X										X
BV				X		X	X	X										X
CH				X		X	X	X										X
GC						X												
PB						X		X										
PC						X												
SP						X		X										
CT						X												
MU						X												
VC						X												
WP						X												X
CB						X		X										

X = Explications possibles pour les déviations par rapport aux équilibres d'Hardy-Weinberg. Stutter = bande d'interférence lors de l'analyse du microsatellite, Drop out = Difficulté d'amplification pour les microsatellites de grande taille et Null allele = présence probable d'allèle nul qui n'aurait pas été amplifié lors de la PCR.