



Université
du Québec
à Rimouski



**STRUCTURE GÉNÉTIQUE ET DIVERSITÉ
PHÉNOTYPIQUE DES POPULATIONS INDIGÈNES
D'OMBLE DE FONTAINE *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814)
DE L'ARCHIPEL DE SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON**

Thèse présentée

dans le cadre des programmes de doctorats en Océanographie de l'UQAR et en Science et
Ingénierie des Ressources Naturelles de l'Université de Lorraine

en vue de l'obtention du grade de *Philosophiae Doctor*

PAR

© JULIE VIANA

Juin 2025

Composition du jury :

David Deslauriers, président du jury, Université du Québec à Rimouski (Qc)

Céline Audet, codirecteur de recherche, Université du Québec à Rimouski (Qc)

Fabrice Teletchea, codirecteur de recherche, Université de Lorraine (Fr.)

Anne-Laure Ferchaud, examinatrice externe, Université de Laval (Qc)

Éric Feunteun, examinateur externe, MNHN, UMR BOREA (Fr.)

Jean-Marc Roussel, examinateur externe, INRAE, UMR DECOD (Fr.)

Dépôt initial le 21 février 2025

Dépôt final le 30 juin 2025

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 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.

À mes amis,

À ceux qui ont partagé ces trois années, dans les moments de doutes comme dans les moments de joie.

À ceux qui, par une discussion, un rire ou un café, ont rendu cette aventure plus belle.

À ceux qui ont éclairé mon chemin et qui y ont laissé une trace indélébile.

À ceux que l'avenir me réserve, avec qui d'autres histoires s'écriront.

REMERCIEMENTS

Au cours de ces années de doctorat, j'ai eu l'immense privilège de travailler aux côtés de Céline Audet et Fabrice Teletchea, mes deux directeurs. Je voudrais donc commencer par vous remercier. Vous avez été de merveilleux encadrants, en me laissant l'espace dont j'avais besoin pour m'épanouir dans mon travail et en m'encourageant toujours à exprimer le meilleur de mon potentiel. Céline, tu m'as dit un jour que ce qui faisait de nous des bons chercheurs c'était notre éthique et notre curiosité. Je rajouterais aujourd'hui que pour être un excellent chercheur, il faut également posséder de belles qualités humaines, ce qui est votre cas à tous les deux. Je suis d'un naturel introverti et j'ai commencé ce projet de recherche en pensant que la science pouvait se faire dans son coin, que cela ne nécessitait pas d'interagir avec autrui pour faire de la « bonne » science. Vous m'avez permis de me rendre compte de mon erreur et je ressors de cette expérience avec une vision bien différente de ce qu'est ce métier. Je pense avoir profondément mûrie sur ce point, en comprenant, grâce à vous, que la science ne peut se faire qu'avec des humains.

Fabrice, je me souviendrai longtemps de notre premier appel. Sans t'avoir jamais rencontré, tu m'as fait tomber en amour avec ce projet de recherche. Ta passion pour ton archipel et l'énergie que tu déploies pour le faire connaître me rend admirative. J'espère sincèrement que tes ambitions futures pour lui et pour toi se réaliseront.

Céline, depuis notre première rencontre, tu représentes pour moi l'idéal de la chercheuse. Tu es forte, déterminée, avec un profond amour pour la recherche et la transmission de tes connaissances à tes étudiants. Travailler dans un cadre aussi enrichissant et sécuritaire a été un véritable bonheur et j'espère vous avoir rendus ne serait-ce qu'un peu de tout ce que vous m'avez donné.

Je voudrais également remercier mes co-auteurs, Eve Briand, Loïc Perrin, Edgard Gustave et Guillaume Evanno d'avoir collaboré sur ce projet et d'avoir enrichi cette belle recherche.

Il m'apparaît également important de remercier David Deslauriers, président de jury, ainsi qu'Anne-Laure Ferchaud, Éric Feunteun et Jean-Marc Roussel en tant que membres externes, pour le temps accordé à la lecture de mon travail et pour leurs précieux commentaires et questions lors de la soutenance de cette thèse.

Un grand merci également aux membres de mon comité de thèse, Guillaume Evanno, David Benhaïm et David Deslauriers pour avoir suivi et enrichi mon travail durant ces années de thèse.

Ce doctorat étant une cotutelle France-Québec, je tiens à remercier mes deux institutions d'accueil, l'Institut des Sciences de la Mer de Rimouski (Rimouski, Québec) de l'Université du Québec à Rimouski et le Laboratoire Animal et Agroécosystèmes de l'Université de Lorraine (Nancy, France), ainsi que l'ensemble du personnel associé.

À toute mon équipe de terrain, Sébastien, Roland, Lilian, Camille, Zachary, Nolan, Marine, Jonathan et Théo, merci. Faire un doctorat demande énormément de ressources pour surmonter toutes les difficultés rencontrées. Vous avoir à mes côtés m'a permis non seulement de réaliser mon échantillonnage, mais aussi et surtout de rendre cette expérience exceptionnelle. Alors merci à vous, cet été restera à jamais gravé en moi. Camille, tu as été ma toute première stagiaire et cela a été extrêmement enrichissant pour moi. J'espère que ton avenir sera fait de belles rencontres et de beaucoup de réussite.

À l'équipe du laboratoire de Céline, Maria, Ghizlane, Émilie, Baptiste et Nicolas, pour votre aide au laboratoire, votre soutien moral et tous les beaux moments partagés avec vous.

Merci à tous les membres du POLR, Maria, Christopher, Geoffrey, Jérôme, Xavier et Jonathan, pour les bons moments partagés et les jeudis jeux de société.

Viens le moment pour moi de remercier de façon bien plus désordonnée toutes les merveilleuses personnes qui m'ont accompagné durant ces années. Vous avez, chacune à votre manière, égayé mon quotidien et rendue chaque épreuve plus facile.

Un merci infini à vous, Céline, Renaud et Romain. Vous avez une place tellement spéciale dans mon cœur. Céline, nous avons des caractères opposés, mais t'avoir à mes côtés aura été un grand privilège. Tu es devenue l'une de mes meilleures amies et je n'oublierai jamais toutes les expériences et anecdotes que nous avons eues. Renaud, tu es mon meilleur ami, aussi magnifiquement turbulent qu'intelligent. Je te remercie pour ton soutien sans faille. Romain, je te remercie pour tous nos fous rires et ton incroyable bienveillance.

Merci également à vous Nina, Vincent et Louis. Votre amitié et votre soutien ont été extrêmement importants pour moi, car comme vous le savez ma thèse était « compliquée ». Nina, merci d'être cette amie sur qui on peut toujours compter. Tu as été avec moi dans les moments difficiles comme dans les moments de joies. Vincent, tu es une de ces personnes exigeantes avec ses amis, qui nous pousse toujours à donner le meilleur. Nos discussions de nuit en voiture vont me manquer. Louis, tu es un peu comme mon petit frère, turbulent et maladroit, mais profondément attachant. Je vous souhaite du plus profond de mon cœur de suivre vos ambitions et de réaliser vos rêves.

Merci à vous, Rosalie et Margaux. Rosalie, on se connaît depuis le tout début. Je te remercie sincèrement pour tous les conseils et la bienveillance que tu as eue à mon encontre. Tu es une femme forte et déterminée. Margaux, notre rencontre fut brève, mais ta douceur et ta gentillesse m'ont profondément marquée.

Merci Larry (Emma) et Margaux. Larry, mes biceps et mes triceps te remercient et te saluent. Je te transmets le flambeau, en espérant que tu vives une expérience aussi enrichissante que la mienne. Margaux, ma poupée des îles sucrée au sucre, je te souhaite de réussir à réaliser tous tes projets et à t'épanouir.

Un merci particulier à toi, Marie, pour me supporter depuis plus de cinq ans. Tu es sans doute la personne qui me connaît le mieux. Ton soutien sans faille et nos discussions à distance durant toutes ces années auront été d'un immense réconfort.

Enfin, merci à ma famille. Vous m'avez encouragé dans ce projet depuis le début, faisant le sacrifice de ne me voir que quelques jours par an. Merci de m'avoir soutenue et d'avoir toujours répondu présents.

AVANT-PROPOS

Ce projet de doctorat de trois ans a été réalisé dans le cadre d'une convention de cotutelle entre le laboratoire d'écophysiologie des poissons de la professeure émérite Céline Audet, de l'Institut des sciences de la mer de Rimouski (ISMER) basé à Rimouski (Canada) et le Laboratoire Animal et Agroécosystèmes (L2A) de l'Université de Lorraine basé à Vandœuvre-Lès-Nancy (France).

Le projet est le résultat d'une collaboration initiée par Fabrice Teletchea (Maître de conférences, Habilité à Diriger des Recherches) rattaché depuis septembre 2023 au sein du Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux (LIEC, Nancy, France) et par Céline Audet dans le cadre de la mise en place du projet OMBLESPM. Ce projet s'intéresse à l'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* (Mitchill 1814), une espèce de salmonidé native de l'Amérique du Nord et considérée comme une espèce patrimoniale de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon. Ce poisson possède un intérêt économique considérable dans la région, aussi bien pour l'aquaculture que pour la pêche sportive. Initié en 2018 par plusieurs membres de la Fédération Territoriale de la Pêche et de la Protection du Milieu Aquatique de Saint-Pierre-et-Miquelon (FTPSPM) et par Fabrice Teletchea, le projet OMBLESPM s'articule autour de quatre actions, la thèse s'intégrant à la première d'entre-elles : soit la synthèse des connaissances acquises localement sur l'espèce puis la réalisation de nouveaux travaux de recherche permettant de mieux connaître les spécificités génétiques et biologiques des populations de l'archipel pour proposer un plan de gestion durable de cette ressource.

Ce doctorat a été mené à bien par Julie Viana. Les avancées du projet ont fait l'objet d'un examen annuel par un comité de suivi individuel composé des deux encadrants, ainsi que de Guillaume Evanno (Laboratoire DECOD, INRAE, Institut Agro, IFREMER, Rennes, France), de David Deslauriers (ISMER, Rimouski, Canada) et de David Benhaïm (Université

de Hólar, Hólar, Islande). Il a été cofinancé par la Fondation de France, le projet européen BEST (BEST2.0+-2020-PO-86), l’Institut France-Québec Maritime (IFQM), l’Institut des Sciences de la Mer de Rimouski (ISMER) et le regroupement stratégique Ressources Aquatiques Québec (RAQ ; Regroupement stratégique, Fonds de Recherche du Québec Nature et Technologies, grant no. 2020-RS4-265329). Le volet transcriptomie a été financé par le consortium Génome Canada dans le cadre de la validation de l’utilisation de puces transcriptomiques multi-espèces d’eau douce sur des populations sauvages d’omble de fontaine.

Ce manuscrit de thèse présente les travaux de recherche menés sur la connectivité génétique et la diversité phénotypique des populations naturelles d’omble de fontaine présentes sur l’archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon (France). Les échantillons utilisés pour ce projet sont issus de spécimens pêchés sur l’archipel lors d’une campagne de terrain réalisée par Julie Viana avec le soutien de la FTPSPM et de plusieurs pêcheurs bénévoles (autorisations légales : UQAR CPA-89-16-22-246 et arrêté préfectoral no. 349). Les travaux de génétique des populations ont été conduits au sein du laboratoire L2A en France, tandis que ceux portant sur l’expression génique ont été menés à l’ISMER au Québec. L’ensemble de ces travaux ont été conduits par Julie Viana.

Cette thèse débute par une mise en contexte des concepts scientifiques abordés dans les différents travaux de recherche et de l’aspect méthodologique général employé pour y parvenir. Cette première partie est suivie d’un premier chapitre correspondant à une synthèse des connaissances disponibles sur les populations d’omble de l’archipel. Le deuxième chapitre concerne la diversité et la structure génétique des populations échantillonnées et est suivi par une troisième partie portant sur la détermination de profils transcriptomiques phénotypiques de ces mêmes individus. Les chapitres de cette thèse sont rédigés sous forme d’articles scientifiques.

Article 1 : “The brook trout *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago: a review”, publié en novembre 2022 dans la revue *Cybium*.

Article 2 : “Fine-Scale Genetic Structure of Small Fish Populations in Islands: The Case of Brook Charr *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) in Saint-Pierre and Miquelon (France)”, publié en janvier 2025 dans la revue *Evolutionary Applications*.

Chapitre 3 : Profilage phénotypique des populations indigènes d'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* de Saint-Pierre-et-Miquelon (France) à l'aide de puces transcriptomiques. Rédigé en français sous forme d'article, car non soumis. Il sera traduit et soumis peu après le dépôt final.

RÉSUMÉ

Cette thèse porte sur la structure génétique et la diversité phénotypique des populations indigènes d'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon. Dans un contexte où ces populations sont confrontées à des pressions croissantes, notamment en raison des activités humaines et des effets du changement climatique, ce travail vise à améliorer les connaissances scientifiques nécessaires à leur conservation et à leur gestion durable.

L'étude repose sur trois axes principaux. Tout d'abord, une synthèse des connaissances existantes sur les populations locales de ce salmonidé a été réalisée, afin d'identifier les enjeux majeurs liés à leur conservation. Une analyse de la diversité et de la structure génétique a ensuite été menée à l'aide de marqueurs microsatellites pour évaluer le flux de gènes entre les hydrosystèmes et définir l'état génétique contemporain de ces populations. Enfin, un profilage phénotypique a été réalisé en s'appuyant sur des analyses transcriptomiques, afin d'identifier les réponses physiologiques des individus aux conditions environnementales spécifiques de l'archipel.

Les résultats de cette étude révèlent une forte structuration génétique à fine échelle, ce qui suggère une connectivité limitée entre certaines populations, probablement en raison des caractéristiques hydrologiques locales et des comportements de dispersion restreints. Des différences de richesse allélique entre les îles, ainsi que des taux de consanguinité élevés ont également été observés. Dans le cas de l'analyse transcriptomique, des différences d'expression de gènes liés à plusieurs fonctions physiologiques clés pour les organismes (*e.g.*, détoxification, croissance et métabolisme, osmorégulation) ont été mises en évidence, ce qui traduit des adaptations locales aux conditions environnementales variées de l'archipel.

Ces travaux apportent une contribution essentielle à la biologie de la conservation des salmonidés en milieu insulaire en fournissant une base scientifique pour l'élaboration d'un plan de gestion différencié et adapté à ces populations. Ils soulignent la nécessité de prendre en compte à la fois les aspects génétiques et phénotypiques dans la mise en place de stratégies de conservation efficaces.

Mots clés : Génétique des populations, Marqueurs microsatellites, Transcriptomique, Expression de gènes, Petites populations, Salmonidés, *Salvelinus fontinalis*, Saint-Pierre-et-Miquelon.

ABSTRACT

The aim of this thesis was to study the genetic structure and phenotypic diversity of the native populations of brook charr *Salvelinus fontinalis* in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago. In a context where these populations are facing increasing pressures, particularly due to human activities and the effects of climate change, this work aimed to improve the scientific knowledge required for their conservation and sustainable management.

Three main areas were evaluated. First, a summary of existing knowledge on the local populations of this salmonid was produced, to identify the major issues related to their conservation. An analysis of the genetic diversity and structure was conducted using microsatellite markers to assess gene flow among hydrosystems and to define the contemporary genetic status of these populations. Finally, phenotypic profiling was carried out using transcriptomic analyses to identify the physiological responses of individuals to the specific environmental conditions present of the archipelago.

The results of this study reveal a strong genetic structure at a fine scale, which suggests a limited connectivity among some populations, probably due to local hydrological characteristics and restricted dispersal behaviors. Differences in allelic richness among the islands, as well as high inbreeding rates in some populations, have also been observed. Transcriptomic analyses have shown differences in gene expression related to several key physiological functions (*e.g.*, detoxification, growth and metabolism, osmoregulation) reflecting local adaptations to the varied environmental conditions of the archipelago.

This work provides an essential contribution to the biology of the conservation of salmonids in island environments and a scientific basis for the development of a differentiated management plan adapted to these populations. It highlights the need to take

into account both genetic and phenotypic aspects for the implementation of effective conservation strategies.

Keywords: Population genetics, Microsatellite markers, Transcriptomics, Gene expression, Small populations, Salmonids, *Salvelinus fontinalis*, Saint-Pierre and Miquelon.

TABLE DES MATIÈRES

REMERCIEMENTS	ix
AVANT-PROPOS	xiii
RÉSUMÉ.....	xvi
ABSTRACT	xviii
TABLE DES MATIÈRES	xx
LISTE DES TABLEAUX.....	xxiv
LISTE DES FIGURES.....	xxv
LISTE DES ANNEXES.....	xxviii
INTRODUCTION GÉNÉRALE.....	1
VULNÉRABILITÉ DES POISSONS D’EAU DOUCE.....	1
BIOLOGIE DE LA CONSERVATION EN MILIEU INSULAIRE	2
PERSISTANCE DES PETITES POPULATIONS.....	4
Risque d’extinction des petites populations	4
POTENTIEL ÉVOLUTIF ET CONNECTIVITÉ GÉNÉTIQUE	10
Apport de la génétique des populations	11
DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE.....	13
Indicateurs morphométriques : analyse de la relation taille-masse.....	14
Indicateurs physiologiques : apport de la transcriptomique pour la discrimination des phénotypes.....	15
MODÈLE BIOLOGIQUE D’ÉTUDE : L’OMBLE DE FONTAINE	17
Description morphologique.....	17
Répartition géographique	21
FACTEURS INFLUENÇANT LA DYNAMIQUE ET LA DISTRIBUTION DES POPULATIONS.....	23

SITE D'ÉTUDE : L'ARCHIPEL DE SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON	25
L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON	27
OBJECTIFS DE RECHERCHE.....	28
MATÉRIEL ET MÉTHODES GÉNÉRAUX.....	30
SÉLECTION DES HYDROSYSTÈMES	30
ÉCHANTILLONNAGE	36
Paramètres mesurés et prélèvements biologiques	38
GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS	39
Analyses moléculaires	39
TRANSCRIPTOMIQUE	45
Analyses moléculaires	45
CHAPITRE 1 L'omble de fontaine <i>Salvelinus fontinalis</i> (Mitchill, 1814), à Saint-Pierre-et-Miquelon : une revue	47
RÉSUMÉ.....	48
THE BROOK TROUT <i>SALVELINUS FONTINALIS</i> (MITCHILL, 1814) IN THE SAINT-PIERRE AND MIQUELON ARCHIPELAGO: A REVIEW.....	49
ABSTRACT.....	49
INTRODUCTION.....	50
RECREATIONAL FISHING: A TRADITIONAL ACTIVITY IN THE ARCHIPELAGO	51
CHARACTERIZATION OF THE NATURAL BROOK TROUT POPULATIONS OF SAINT-PIERRE AND MIQUELON: AN OVERVIEW SINCE THE LATE 1980s.....	53
Biology and ecology	53
Ecotypic variability and migratory dynamics	54
Issues associated with parasitism.....	57
DIVERSITY OF AQUATIC ENVIRONMENTS IN THE ARCHIPELAGO.....	57
AQUACULTURE TRIALS.....	58
Domestication: contribution and issues of the practice for stocking purposes	60

NEW PERSPECTIVES TO BETTER UNDERSTAND THE NATURAL BROOK TROUT POPULATIONS OF SAINT-PIERRE AND MIQUELON	62
ACKNOWLEDGEMENTS	63
CHAPITRE 2 Structure génétique à fine échelle des petites populations de poissons dans les les : le cas de l'omble de fontaine <i>Salvelinus fontinalis</i> (Mitchill, 1814) à Saint-Pierre-et-Miquelon.....	64
RÉSUMÉ	65
FINE-SCALE GENETIC STRUCTURE OF SMALL FISH POPULATIONS IN ISLANDS: THE CASE OF BROOK CHARR <i>SALVELINUS FONTINALIS</i> (MITCHILL, 1814) IN SAINT-PIERRE AND MIQUELON.....	66
ABSTRACT	66
INTRODUCTION	67
METHODS	69
Study sites and sample collection.....	69
DNA extraction and genotyping.....	71
Genetic diversity.....	72
Kinship	72
Population genetic structure	73
RESULTS	74
Genetic variability	74
Kinship	75
Population structure among hydroystems and between islands.....	76
Population structure within hydroystems	80
DISCUSSION	81
Different levels of genetic diversity among islands	81
Significant genetic structure among islands.....	82
Variable levels of connectivity among hydroystems	83
Genetic differences within hydroystems.....	85
CONCLUSION	86
ACKNOWLEDGEMENTS	86
CHAPITRE 3 Profilage phénotypique des populations sauvages d'omble de fontaine <i>Salvelinus fontinalis</i> (Mitchill, 1814) de Saint-Pierre-et-Miquelon à l'aide de puces transcriptomiques	87

RÉSUMÉ.....	88
INTRODUCTION.....	89
MÉTHODES	93
Sites d'étude et collecte des échantillons.....	93
État physiologique des poissons	95
Analyses statistiques	98
RÉSULTATS	99
Conditions physiologiques des poissons.....	100
Profils phénotypiques des hydrosystèmes à l'échelle intra-île	106
DISCUSSION.....	122
Phénotypes morphométriques et transcriptionnels inter-îles	122
Phénotypes morphométriques et transcriptionnels intra-îles	124
CONCLUSION	129
Discussion générale	130
CONTEXTE ET ENJEUX DE L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON	131
VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE À FINE ÉCHELLE DE L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON	133
APPROCHE TRANSCRIPTOMIQUE MULTI-ÉCHELLES DE L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON	135
UNE APPROCHE MULTIDISCIPLINAIRE POUR UNE COMPRÉHENSION APPROFONDIE DES PETITES POPULATIONS SAUVAGES	137
VERS UNE GESTION DIFFÉRENCIÉE DES POPULATIONS LOCALES	139
UN ANCRAGE LOCAL FORT : GAGE DE RÉUSSITE POUR LA CONSERVATION ET LE DÉVELOPPEMENT INSULAIRE	141
PERSPECTIVES.....	142
CONCLUSION GÉNÉRALE.....	144
Références bibliographiques.....	146
Annexes	189

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Hydrosystèmes sélectionnés et leurs principales caractéristiques hydrobiologiques.....	page 31
Tableau 2. Spécimens collectés dans les hydrosystèmes de Saint-Pierre-et-Miquelon.....	page 37
Tableau 3. Détails des 26 couples d'amorces microsatellites sélectionnés.....	page 42
Tableau 4. Détails des 12 couples d'amorces microsatellites retenus.....	page 44
Tableau 5. Estimated genetic diversity for brook charr populations of Saint-Pierre and Miquelon.....	page 75
Tableau 6. Results of the COLONY analysis for sibling relationships of Saint-Pierre and Miquelon brook charr by hydrosystem.....	page 76
Tableau 7. AMOVA analysis showing the partitioning of genetic variance at the three spatial scale studied.....	page 78
Tableau 8. Paramètres physico-chimiques mesurés sur chaque station.....	page 96
Tableau 9. Détails des échantillons de branchies et de foies par île, hydrosystème et station.....	page 100
Tableau 10. PERMANOVA de la différenciation inter-îles pour les foies et les branchies.....	page 104
Tableau 11. PERMANOVA de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de Miquelon.....	page 108
Tableau 12. PERMANOVA de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de Langlade.....	page 114
Tableau 13. PERMANOVA de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de St.-Pierre.....	page 120

LISTE DES FIGURES

- Figure 1.** Impact du changement global sur les populations (adaptée de Bellard *et al.*, 2012).....page 2
- Figure 2.** Causes extrinsèques et intrinsèques à l'origine de la formation d'un vortex d'extinction.....page 7
- Figure 3.** Axes de réponse des organismes aux changements environnementaux (d'après Bellard *et al.*, 2012).....page 9
- Figure 4.** Exemple des principaux schémas de distribution de gènes entre populations d'une même espèce.....page 12
- Figure 5.** Morphologie typique de l'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* (©Claude Thivierge).....page 17
- Figure 6.** Cycle de vie de l'omble de fontaine.....page 20
- Figure 7.** Aire de répartition indigène de l'omble de fontaine en Amérique du Nord (d'après Gagné, 2023).....page 22
- Figure 8.** Colonisation postglaciaire de l'omble de fontaine en Amérique du Nord. Adaptée de Anderson & Lewis (2007) et de Mandrak & Crossman (1992).....page 23
- Figure 9.** Localisation de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon (France) à l'est du Canada.....page 26
- Figure 10.** Localisation des 11 hydrosystèmes et 26 stations échantillonnés à Saint-Pierre-et-Miquelonpage 33
- Figure 11.** Cartographie des 4 hydrosystèmes échantillonnés à Miquelon.....page 34
- Figure 12.** Cartographie des 4 hydrosystèmes échantillonnés à Langlade.....page 34
- Figure 13.** Cartographie des 4 hydrosystèmes échantillonnés à St.-Pierre.....page 35
- Figure 14.** Pêche au fouet dans l'étang Thélot lors de la campagne de terrain 2022 (©Xavier Gasselin)page 36
- Figure 15.** Mesure d'un omble de fontaine prélevé en aval des Voiles Blanches (Langlade) durant la campagne de terrain 2022 (©Julie Viana)page 39
- Figure 16.** Exemple de produits PCR séparés sur un gel d'agarose 2,0% pour le *locus SfoD100* amplifié à 60°C.....page 43

Figure 17. Geography of Saint-Pierre and Miquelon.....	page 50
Figure 18. Annual evolution of the number of fishing licences of Saint-Pierre and Miquelon from 1996 to 2021	page 53
Figure 19. Photography of ecotypic diversity of brook trout populations in Saint-Pierre and Miquelon (©: Edgard Gustave).....	page 55
Figure 20. Ecotypic diversity of brook trout populations in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago.....	page 55
Figure 21. Locations of the three hydrographic systems used for the aquaculture project at the end of the 1980s in Saint-Pierre and Miquelon.....	page 59
Figure 22. Localisation des hydrosystèmes et stations échantillonnés à Saint-Pierre-et-Miquelon.....	page 70
Figure 23. Mapping of estimated group membership coefficients for all studied hydrosystems.....	page 77
Figure 24. DAPC comparing all individuals included in the study.....	page 79
Figure 25. Pairwise <i>FST</i> values among all hydrosystems studied.....	page 80
Figure 26. Localisation des hydrosystèmes et stations échantillonnés à Saint-Pierre-et-Miquelon en 2022.....	page 94
Figure 27. nMDS de la différenciation inter-îles pour les foies et les branchies.....	page 101
Figure 28. Profils d'expression relative inter-îles de <i>CYP1A</i> dans le foie des ombles échantillonnés.....	page 103
Figure 29. Profils d'expression relative inter-îles de <i>MTA</i> et <i>GSTP1</i> dans les branchies des ombles échantillonnés	page 105
Figure 30. nMDS de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de Miquelon.....	page 107
Figure 31. Profils d'expression relative de <i>NFE2L2A</i> , <i>ALDOAA</i> , <i>MTB</i> , <i>MTA</i> dans le foie des ombles de fontaine capturés à Miquelon	page 109
Figure 32. Profils d'expression relative de <i>NFE2L2A</i> , <i>IGF1</i> , <i>GSTP1</i> , <i>CAM</i> , <i>MHC-1</i> , <i>CAT</i> , <i>PDCD10AB</i> , <i>MR</i> , <i>CYP1A</i> , <i>MTB</i> dans les branchies des ombles capturées à Miquelon.....	page 111
Figure 33. nMDS de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de Langlade.....	page 113

Figure 34. Profils d'expression relative de *CYP1A*, *ALDOAA*, *SOD1* dans le foie des omblés échantillonnés à St.-Pierre.....page 115

Figure 35. Profils d'expression relative de *CYP1A*, *CASP9*, *MHC-1*, *NFE2L2A*, *SERPINH1*, *CS*, *ATPIBI*, *MMP2*, *CRYIAB*, *CIRBPA*, *MTB* dans les branchies des omblés capturées à Langlade.....page 117

Figure 36. nMDS de la différenciation d'expression génique pour les foies et les branchies des individus de St.-Pierre.....page 119

Figure 37. Profils d'expression relative de *CYP1A*, *PGK* et *HSP7C* dans les branchies des omblés capturées à St.-Pierre.....page 121

Figure 38. Représentation spatialisée des profils transcriptomiques inter-îles des omblés de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon.....page 138

Figure 39. Représentation spatialisée des profils transcriptomiques intra-îles des omblés de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon.....page 139

LISTE DES ANNEXES

Annexe 1. Détails des spécimens échantillonnés à Miquelon.....	page 189
Annexe 2. Détails des spécimens échantillonnés à Langlade.....	page 191
Annexe 3. Détails des spécimens échantillonnés à Saint-Pierre.....	page 193
Annexe 4. Détails des initiales participants à la campagne terrain 2022.....	page 194
Annexe 5. Gènes ciblés pour l'analyse des profils transcriptomiques au niveau du foie et des branchies des ombles de fontaines de Saint-Pierre-et-Miquelon.....	page 195
Annexe 6. Tests de déséquilibre de liaison pour chaque hydrosystème étudié.....	page 196
Annexe 7. Résultats de l'analyse Delta K inter-hydrosystèmes.....	page 197
Annexe 8. Distance génétique par paires en fonction des distances côtières logarithmiques entre les hydrosystèmes (km).....	page 197
Annexe 9. Échantillons écartés de l'analyse transcriptomique en raison d'un manque d'expression des gènes de références.....	page 198
Annexe 10. Moyennes des données physico-chimiques recueillies pour chaque hydrosystème étudié.....	page 198

INTRODUCTION GÉNÉRALE

VULNÉRABILITÉ DES POISSONS D'EAU DOUCE

Selon un récent rapport des Nations Unies sur la biodiversité et les services écosystémiques, un quart des espèces mondiales est en danger d'extinction et ce déclin se produit souvent en seulement quelques décennies (IPBES, 2019). La disparition des espèces n'est pas anodine, car chacune d'elles est un maillon important des écosystèmes (Ceballos *et al.*, 2020) et chaque disparition entraîne la perte irréversible d'une multitude de caractéristiques, allant des gènes et des phénotypes, aux interactions et aux comportements (Ehrlich & Ehrlich, 1981; Lande, 1988; Petchey & Gaston, 2002). Parmi les espèces fortement menacées figurent les poissons d'eau douce, qui représentent à eux seuls un quart de toutes les espèces vivantes de vertébrés, bien que les écosystèmes d'eau douce ne représentent que 1% des habitats aquatiques de la planète (Abell, 2002). Ces espèces jouent un rôle primordial dans la résilience des écosystèmes et sont cruciales pour la survie de millions de personnes qui dépendent de ces ressources. Une évaluation récente a révélé que 25% des poissons d'eau douce sont menacés d'extinction et qu'au moins 17% d'entre eux sont touchés par le changement global (IUCN, 2023). Le changement global désigne l'ensemble des perturbations environnementales liées aux activités anthropiques, comme le changement climatique, la perte de biodiversité ou encore la surexploitation des ressources naturelles (Camill, 2010). Les résultantes de ce dernier sont multiples (*e.g.*, augmentation des températures, élévation du niveau marin, modifications des habitats ; Figure 1) et vont affecter tous les niveaux de la biodiversité, allant de l'organisme au biome (Parmesan, 2006), notamment la diversité génétique des populations et la physiologie des individus (Bellard *et al.*, 2012).

Selon le comité français de L'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (IUCN), la France est le sixième pays qui héberge le plus grand nombre d'espèces menacées.

Les territoires français d'outre-mer possèdent à eux seuls les quatre cinquièmes des espèces endémiques du pays et 33% des poissons d'eau douce sont considérés comme menacés ou ont disparu (IUCN France, 2024) à cause notamment du changement global, de la pollution, des aménagements hydrauliques, de la surpêche ou encore des espèces envahissantes et des maladies (IUCN, 2023).

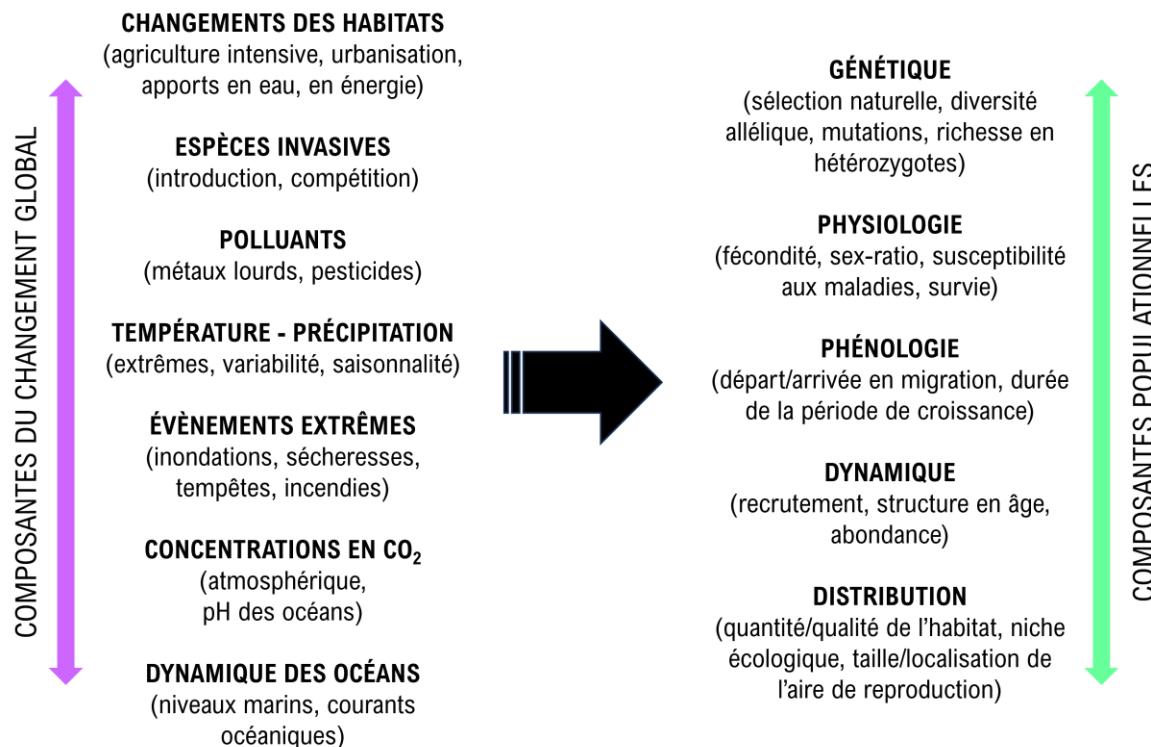


Figure 1. Résumé des principaux impacts du changement global et différents exemples de leurs effets attendus sur les populations. Adaptée de Bellard *et al.* (2012).

BIOLOGIE DE LA CONSERVATION EN MILIEU INSULAIRE

La biologie de la conservation a pour principal objectif de sauvegarder les habitats naturels et de maintenir la capacité des espèces à évoluer dans ces environnements (Moritz & Faith, 1998; Frankham *et al.*, 2002; Avise, 2004). Ce domaine regroupe de nombreuses disciplines incluant aussi bien des aspects biologiques et écologiques que sociaux et politiques, car la préservation de la biodiversité présente des défis divers et variés, tous interconnectés.

Les écosystèmes insulaires jouent un rôle clé dans la biologie de la conservation en tant que laboratoires naturels pour l'étude des théories écologiques et biogéographiques (Nogué *et al.*, 2017). Beaucoup d'entre eux sont considérés comme de hauts lieux de diversité culturelle, biologique et géophysique et constituent des sources de subsistance pour des millions d'insulaires (Menard, 1986; Nunn, 1994; Royle, 2008, 2014; Gillespie & Clague, 2009; Kueffer *et al.*, 2016). Ces milieux occupent une place prépondérante à l'échelle mondiale, puisque sur les 195 pays du monde, 43 sont des îles ou des archipels et plus des deux tiers incluent des îles (Kueffer & Kinney, 2017). Les îles font partie des régions les plus vulnérables au monde, car elles sont confrontées à des défis environnementaux et socio-économiques nombreux (Baldacchino, 2007; Caujapé-Castells *et al.*, 2010; Baldacchino & Niles, 2011; Walker & Bellingham, 2011; Connell, 2013). Ces menaces incluent le changement global (notamment l'élévation du niveau de la mer), l'exploitation non durable des ressources locales, la surpopulation ou encore la vulnérabilité des économies insulaires face aux fluctuations de l'économie mondiale (Baldacchino, 2007; Baldacchino & Niles, 2011; Walker & Bellingham, 2011; Connell, 2013; Royle, 2014). En prenant en compte la forte valeur biologique et le niveau élevé de menace qui pèse sur les îles, il est logique de considérer que ces milieux sont prioritaires en biologie de la conservation à l'échelle mondiale. Cependant, les analyses des dépenses mondiales en termes d'efforts de conservation montrent que ces zones sont sous-financées par rapport aux territoires continentaux (Waldron *et al.*, 2013), probablement à cause de leur faible superficie et de la taille de leur population (Kueffer & Kinney, 2017). C'est notamment le cas de nombreuses îles associées à des pays comme la France, le Royaume-Uni ou encore les États-Unis, qui, bien qu'abritant un nombre considérable d'espèces endémiques et de populations uniques menacées, font pourtant face à un manque de moyens financiers et d'infrastructures institutionnelles pour permettre leur gestion et leur conservation (Leonard, 2008).

La conservation des populations animales insulaires est primordiale, car issues d'un nombre limité d'individus fondateurs, elles présentent généralement des adaptations uniques en réponse à des conditions environnementales particulières et évoluent vers des formes insulaires endémiques (White & Searle, 2007). Préserver ces populations revient ainsi à

conserver des adaptations qui enrichissent la diversité génétique globale des espèces et à préserver la capacité de réponse de celles-ci à de potentielles modifications de leur habitat. Les milieux insulaires fournissent également un cadre propice au rayonnement adaptatif qui correspond au processus évolutif dans lequel une espèce ancestrale se diversifie rapidement en plusieurs nouvelles espèces adaptées à des niches écologiques particulières (Losos, 2009). De nombreux exemples d'adaptation insulaire sont répertoriés dans la littérature comme l'exemple historique des pinsons de Darwin (Thraupidae) dans les Galápagos, les vangas (Vanginae ou Vangidae) de Madagascar ou encore les lézards *Anolis* des Caraïbes (Grant & Grant, 2008; Losos, 2009; Reddy *et al.*, 2012; Salazar *et al.*, 2019).

PERSISTANCE DES PETITES POPULATIONS

Risque d'extinction des petites populations

Si elles constituent un réservoir clé de l'évolution spécifique, les populations insulaires sont néanmoins généralement plus vulnérables et plus sensibles aux risques d'extinction par rapport aux populations continentales de conspécifiques en raison de leur faible nombre d'individus fondateurs (Bernatchez, 2016; Gilpin & Soulé, 1986; White & Searle, 2007). Les causes de l'extinction d'une population peuvent être regroupées en deux grandes catégories : les causes extrinsèques et les causes intrinsèques (Caughley, 1994). Les premières sont des processus externes à la population et agissent en réduisant le nombre d'individus dans cette population. Les secondes sont les conséquences d'une petite taille des populations.

Parmi les causes extrinsèques, les facteurs anthropiques (*e.g.*, surexploitation de la ressource, dégradation de l'habitat, introduction/invasion d'espèces exotiques), les catastrophes naturelles et le changement global sont fortement susceptibles de provoquer la disparition de populations (Vayssade, 2004). Les pratiques d'empoissonnement, pour soutenir les espèces piscicoles qui ont un intérêt halieutique et/ou touristique, sont un exemple des facteurs anthropiques importants qui peuvent nuire aux populations naturelles

(Létourneau *et al.*, 2018; Bruce *et al.*, 2019). Les effets potentiels de ces empoisonnements sont multiples, allant d'une diminution de la taille efficace des populations et de la diversité génétique (Laikre *et al.*, 2010), à la perte de l'adaptation locale liée à une baisse de la reproduction (Goldberg *et al.*, 2005), ou encore à l'homogénéisation de la structure génétique (Lamaze *et al.*, 2012). La taille efficace est définie comme le nombre d'individus qui contribuent activement à la reproduction et au transfert de gènes d'une génération à l'autre. Ce terme reflète la dynamique génétique de la population en tenant compte de facteurs comme le déséquilibre des sexes, les variations de succès reproducteur et les fluctuations démographiques. Par exemple, Valencia *et al.* (2017) ont étudié la diversité et la structure génétique, ainsi que la taille efficace de quatre populations d'Athérine d'Argentine *Odontesthes bonariensis* à l'aide de six *locus* microsatellites. Leurs analyses ont détecté trois groupes génétiquement distincts, avec une homogénéisation génétique de deux populations pourtant distantes de plus de 768 km l'une de l'autre, laissant suggérer une introgression d'origine humaine entre ces deux populations. Les tailles efficaces actuelles des populations étaient également inférieures aux tailles efficaces historiques calculées, possiblement lié à un changement de la diversité génétique au fil du temps.

Ces pressions extérieures peuvent provoquer un goulot d'étranglement chez les populations sauvages, qui correspond à une réduction importante et parfois très rapide de la taille efficace de la population. À mesure que la population diminue, elle devient de plus en plus sensible aux causes intrinsèques qui regroupent les processus démographiques et génétiques (Vayssade, 2004). Les processus démographiques comprennent la stochasticité démographique et environnementale. La stochasticité démographique désigne les fluctuations aléatoires de paramètres démographiques (*e.g.*, nombre moyen de descendants par individu, ratio des sexes). La stochasticité environnementale correspond à des fluctuations temporelles imprévisibles de la valeur moyenne des paramètres démographiques sous l'action de paramètres biotiques (*e.g.*, abondance des prédateurs et /ou des compétiteurs) et abiotiques (*e.g.*, climat). La variabilité démographique devient plus importante à mesure que la taille efficace de la population diminue (Lande, 1988). Son impact peut être renforcé

par la stochasticité environnementale qui agit en faisant varier les paramètres démographiques autour d'une moyenne plus faible (Drake, 2004).

Les processus génétiques jouent également un rôle déterminant (Figure 2). Dans les petites populations, l'augmentation de la consanguinité peut entraîner une dépression consanguine, par l'expression d'allèles délétères qui réduisent la valeur adaptative (*fitness*) des individus. En parallèle, la dérive génétique, qui désigne les variations aléatoires des fréquences alléliques au cours des générations indépendamment de la valeur adaptative de ces allèles, devient un facteur dominant en agissant pour réduire la valeur adaptative des populations (Kimura, 1983; Whitlock, 2000).

L'interaction entre tous ces processus peut faire basculer la population vers un vortex d'extinction (Figure 2) : la baisse de la taille de la population provoque une augmentation de la consanguinité et de la dérive génétique, qui vont agir en diminuant la variabilité génétique de la population et en réduisant sa capacité adaptative. Celle-ci devient alors plus sensible aux fluctuations démographiques et environnementales, ce qui engendre une nouvelle diminution de la taille efficace de la population et ainsi de suite, jusqu'à sa disparition (Gilpin & Soulé, 1986). Palomares *et al.* (2012) ont suivi l'évolution des attributs démographiques (*e.g.*, taille des portées, ratio des sexes) et des traits génétiques (*e.g.*, consanguinité, diversité génétique) de l'une des deux petites populations relictuelles de lynx ibérique (*Lynx pardinus*) à Doñana, en Espagne de 1993 à 2008. Leur suivi à long terme a montré une diminution de la taille des portées accompagnée de l'apparition d'un ratio des sexes déséquilibré en faveur des femelles tandis que les analyses génétiques ont montré une diminution régulière de l'hétérozygotie individuelle. L'ensemble des changements observés pourrait résulter de la stochasticité démographique et de l'augmentation de la consanguinité, ce qui suggère l'existence d'un vortex d'extinction.

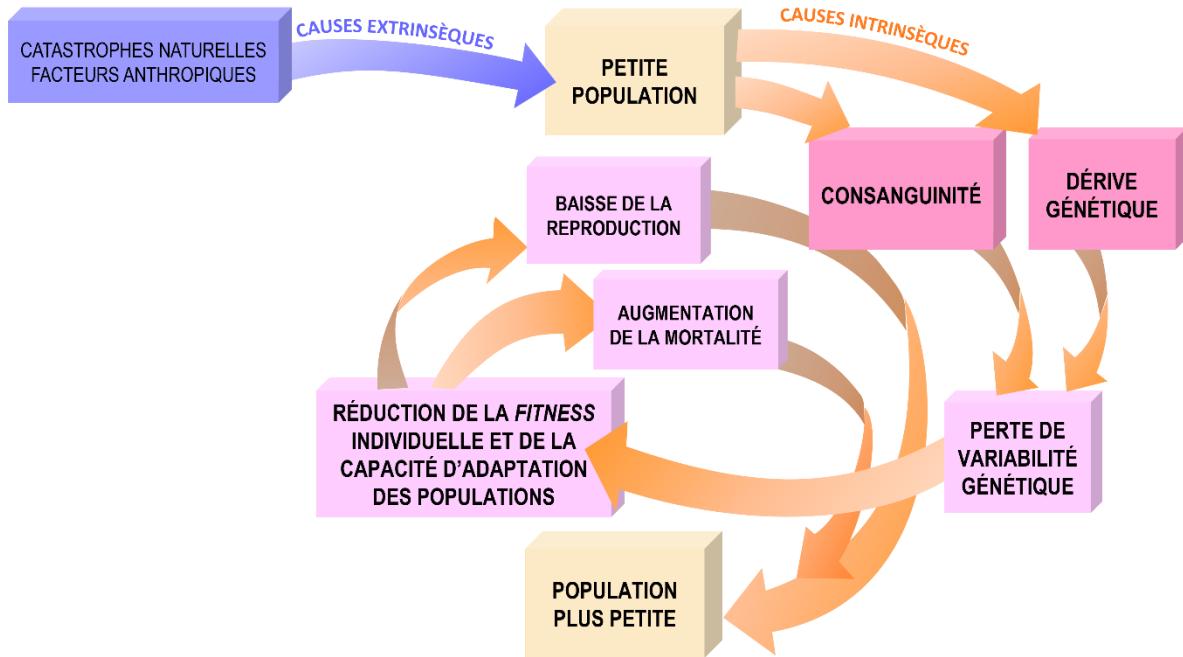


Figure 2. Causes extrinsèques et intrinsèques à l'origine de la formation d'un vortex d'extinction. Les processus génétiques et leurs effets sur les populations sont présentés.

Mécanismes de réponses face aux conditions environnementales

Les petites populations ne sont pas nécessairement vouées à l'extinction. En effet, différents mécanismes peuvent permettre le maintien et l'évolution des populations à court, moyen et à long terme. Cette capacité de persistance est d'autant plus cruciale que les actions anthropiques sont croissantes sur les populations sauvages et que le changement global induit des modifications environnementales parfois très rapides. Il est d'ailleurs aujourd'hui possible d'employer le terme d'« évolution contemporaine » des populations en réponse à ces pressions (Bélanger-Deschênes *et al.*, 2013; Seehausen *et al.*, 2008; Stockwell *et al.*, 2003; Vera *et al.*, 2016). Ces réponses peuvent prendre différentes formes : les populations peuvent migrer vers des habitats plus favorables, en fonction de leurs capacités de dispersion, de leurs exigences biologiques et de l'hydrographie. Elles peuvent également développer des mécanismes d'adaptation locale ou de plasticité phénotypique (Somero, 2010; Bernatchez, 2016). Ces mécanismes ne sont pas mutuellement exclusifs et la persistance d'une espèce ou d'une population est souvent le résultat de la mise en place de plusieurs d'entre eux (Figure

3). Par exemple, les déplacements spatiaux vers des habitats aux conditions climatiques plus favorables ont déjà été observés chez plus d'un millier d'espèces, allant des oiseaux aux invertébrés marins (Forero-Medina *et al.*, 2011). Néanmoins, si les individus modifient leur aire de distribution pour rester dans des conditions climatiques auxquelles ils sont adaptés, ils peuvent ne pas l'être pour d'autres variables abiotiques ou biotiques (*e.g.*, photopériode). La microévolution des populations, à travers l'adaptation locale ou la plasticité phénotypique, peut alors être nécessaire pour leur permettre de persister (Visser, 2008).

L'adaptation locale est une réponse génétique des populations à l'hétérogénéité des milieux (*e.g.* température, salinité) qui exerce des pressions sélectives locales et agit en modifiant des traits importants sur le plan écologique (Kawecki & Ebert, 2004). À la sélection naturelle s'ajoutent d'autres facteurs évolutifs tels que la dérive et le flux de gènes (Fraser *et al.*, 2011). Ensemble, ces forces évolutives peuvent diminuer ou augmenter la variabilité génétique et donc faciliter ou non la mise en place d'adaptation locale dans les populations. Par exemple, le flux de gène, qui se maintient par l'échange d'individus entre différentes populations et qui permet la connectivité génétique de ces dernières, peut limiter l'apparition et le maintien de la divergence adaptative s'il est important (Kawecki & Ebert, 2004; Garant *et al.*, 2007), en diminuant l'effet de la sélection naturelle (Wright, 1931). Ainsi, chez certaines populations d'épinoches à trois épines (*Gasterosteus aculeatus* Linnaeus 1758) établies dans des lacs et des rivières de Colombie-Britannique (Canada), le flux de gènes important entre les individus lacustres et les individus résidents en rivières limite la divergence morphologique entre ces populations (Hendry *et al.*, 2004; Moore & Hendry, 2005). Des exemples similaires existent chez d'autres espèces pour plusieurs traits phénotypiques (Fraser & Bernatchez, 2005; Lu & Bernatchez, 1999; Smith *et al.*, 1997). À l'inverse, un flux de gène faible ou intermédiaire peut être bénéfique pour la divergence phénotypique (Swindell & Bouzat, 2006).

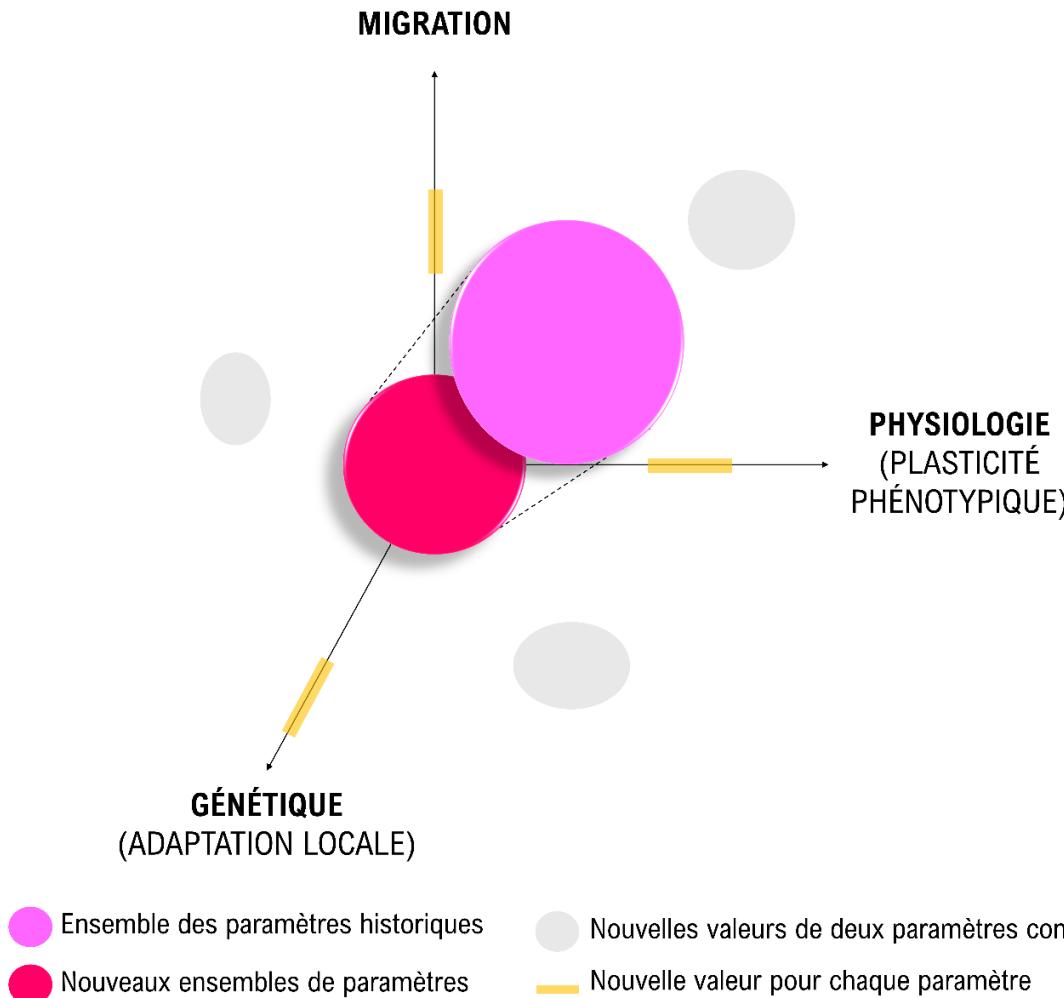


Figure 3. Les différentes réponses des organismes aux modifications de l'environnement. Les espèces ou populations peuvent se déplacer sur un ou plusieurs de ces trois axes. D'après Bellard *et al.* (2012).

La plasticité phénotypique correspond quant à elle à la capacité d'un organisme à modifier son phénotype en réponse à son environnement, sans modification génétique sous-jacente immédiate. Elle s'observe à différents niveaux à l'échelle d'un organisme (*e.g.* plasticité comportementale, morphologique, physiologique) et peut se manifester au cours de la vie d'un individu (*i.e.*, plasticité intragénérationnelle) ou d'une génération à une autre (*i.e.*, plasticité transgénérationnelle). Cette plasticité peut être « passive », c'est-à-dire induite par

des modifications des conditions physico-chimiques de l'environnement, ce qui va influencer les propriétés enzymatiques et cellulaires des organismes (Whitman & Agrawal, 2009). Elle peut également être « active » et caractérisée par des changements phénotypiques issus d'une modification de l'expression de certains gènes et des voies de développement (Whitman & Agrawal, 2009). Les mécanismes moléculaires qui affectent l'expression génique peuvent se produire sans altérer la séquence d'ADN (Angers *et al.*, 2010; Holliday, 2006). Leur étude peut fournir des informations importantes sur les mécanismes sous-jacents à la réponse environnementale et à l'apparition de phénotypes différenciés (Foust *et al.*, 2016). Dans chaque cas, les changements qui s'opèrent sont réversibles (Deans & Maggert, 2015). La plasticité phénotypique pourrait donc permettre aux populations de persister malgré les changements rapides de l'environnement provoqués par le changement global et les actions anthropiques (Munday *et al.*, 2013).

L'adaptation locale et la plasticité phénotypique sont des mécanismes puissants pour permettre le maintien d'un potentiel évolutif suffisant à la persistance des populations. Comprendre les interactions établies entre ces mécanismes peut s'avérer crucial pour anticiper les impacts des changements actuels et futurs de l'environnement sur les populations sauvages.

POTENTIEL ÉVOLUTIF ET CONNECTIVITÉ GÉNÉTIQUE

Les populations naturelles avec un nombre d'individus restreint sont soumises à plusieurs forces évolutives qui, en interagissant, peuvent réduire le potentiel évolutif de ces dernières par l'appauprissement de la variation génétique et ainsi accroître leur probabilité d'extinction (Bernatchez, 2016). Un flux génétique suffisant entre de petites populations peut cependant permettre leur persistance. L'évaluation de la connectivité génétique des petites populations est donc fondamentale pour évaluer leur capacité de persistance. La connectivité est un terme couramment employé en biologie. Ce concept renvoie à une large gamme d'habitats et à des échelles spatiales très variées et s'applique dans de nombreux contextes (Hanski, 1998; Boulet *et al.*, 2007; Sheaves, 2009). En écologie, la connectivité génétique

des populations est particulièrement importante à évaluer, car elle a une implication forte dans la gestion des espèces marines et dulçaquicoles et permet l'étude de la dynamique des espèces migratrices qui présentent des cycles de vie complexes. Ainsi, l'analyse de la connectivité génétique des populations permet d'évaluer la dispersion et la structure génétique de ces dernières, ce qui en fait un outil précieux pour leur gestion et leur conservation (Jones *et al.*, 2007).

Apport de la génétique des populations

L'une des approches particulièrement intéressantes pour comprendre les facteurs contemporains qui façonnent la biodiversité est la génétique des populations. Celle-ci utilise l'information génétique pour étudier la diversité et la connectivité génétique au sein des populations et pour comprendre l'influence des forces évolutives (*i.e.*, sélection naturelle, dérive génétique, mutation et migration) sur le façonnement de cette variation. Au sein d'une espèce, la variation génétique se produit généralement à l'intérieur des populations et entre elles. Ainsi, pour une région géographique donnée, les populations d'une même espèce peuvent présenter un schéma de distribution de gènes en mosaïque, c'est-à-dire fragmenté, ou à l'inverse homogène, en réponse à l'influence des différentes forces évolutives (Figure 4). Il peut également y avoir un gradient de l'expression des gènes en réponse à des conditions environnementales (*e.g.*, température, salinité) ou encore de la nature des réseaux hydrographiques (*e.g.*, amont/aval, nord/sud).

Cette structure génétique actuelle peut être quantifiée grâce à plusieurs indicateurs tels que les niveaux de diversité génétique au sein des populations et entre elles, les tests de parenté, ou encore les niveaux de flux de gène entre / au sein de ces populations (Avise, 2004). La détermination de ces schémas de structuration génétique et des processus évolutifs qui y contribuent à l'échelle contemporaine peuvent permettre une compréhension approfondie de l'espèce, tant sur sa dispersion dans une région, que sur sa capacité d'adaptation aux changements environnementaux actuels et futurs (Wade *et al.*, 2017; White *et al.*, 2023). L'utilisation des outils génétiques permet également des prises de décisions

éclairées liées aux enjeux de conservation et de gestion. Cela passe notamment par l'identification des populations à risque ou encore l'identification des populations à utiliser en priorité à des fins de repeuplement (Pavlova *et al.*, 2017).

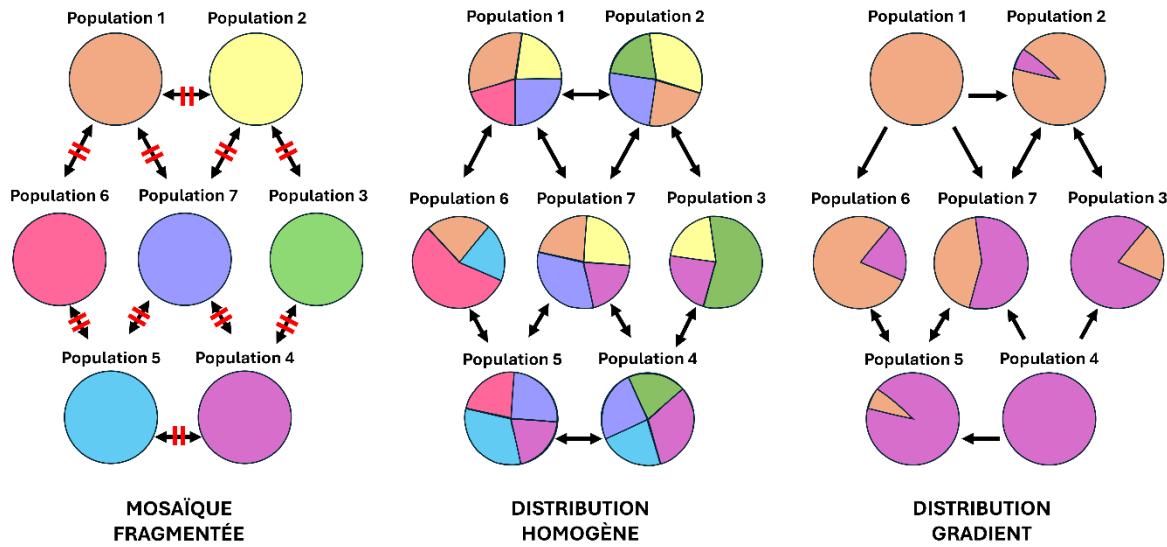


Figure 4. Exemple des principaux schémas de distribution de gènes entre populations d'une même espèce. Chaque cercle représente une population et les couleurs indiquent sa composition génétique. Les flèches indiquent les flux de gènes entre les populations. Les barres rouges indiquent l'absence de flux génétiques.

Parmi les différents outils moléculaires développés ces dernières décennies, les marqueurs microsatellites sont des séquences d'ADN nucléaires sélectivement neutres et multi-alléliques formées d'une répétition de motifs de 1 à n nucléotides. Ils sont couramment utilisés pour analyser la structure génétique des populations et les processus évolutifs à l'œuvre chez ces dernières en raison de leur important polymorphisme (Vieira *et al.*, 2016). Cette forte variabilité permet de révéler des schémas de structuration des populations plus fins ou plus récents que l'ADN mitochondrial (ADN_{mt}), notamment dans le cas de différenciations s'opérant dans des populations étroitement apparentées d'une même espèce. De plus, la variation de l'ADN_{mt} est davantage corrélée à des événements historiques, tandis que la variation des microsatellites reflète davantage l'influence d'événements contemporains (DeFaveri *et al.*, 2013). Ces marqueurs sont très représentés dans les études récentes sur la structure des populations à fine échelle et l'estimation de la parenté en raison

de leur degré de polymorphisme et de leur taux de mutation rapide qui contraste avec la nature biallélique des "Single Nucleotide Polymorphism" (SNPs), qui évoluent plus lentement (DeFaveri *et al.*, 2013).

Cette méthode d'analyse moléculaire présente également l'avantage non négligeable de pouvoir être non létale. Chez les poissons, un simple prélèvement d'un bout de nageoire suffit pour réaliser une analyse de génétique des populations. Chez les salmonidés, c'est souvent la nageoire adipeuse, soit une petite nageoire charnue située sur la partie dorsale de l'individu, entre la nageoire dorsale et la nageoire caudale. Cette nageoire est choisie pour sa localisation, son absence d'irrigation sanguine importante qui facilite le prélèvement et diminue les risques d'infection et son absence de régénération qui permet de savoir si l'individu a déjà été capturé.

DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE

La diversité phénotypique est une mesure proche de la plasticité phénotypique à la différence que la diversité phénotypique correspond à la variation de traits observables parmi les individus, tandis que la seconde mesure correspond à la capacité d'un individu à varier son phénotype en fonction des conditions environnementales. Pour étudier la diversité phénotypique dans une espèce ou une population, de nombreux traits peuvent être examinés, comme les caractéristiques morphologiques (*e.g.*, taille, masse), physiologiques, ou comportementales (Oomen & Hutchings, 2015). Parmi les espèces animales, les poissons sont connus pour leur grande plasticité phénotypique dans l'expression de nombreux traits d'histoire de vie en réponse aux variations des conditions environnementales. Par exemple, Potts *et al.* (2021) ont examiné les effets d'une augmentation de la température lors de la phase de croissance juvénile d'une espèce menacée par le changement global au Canada, le méné camus, *Notropis anogenus* Forbes, 1885, une espèce de poisson d'eau douce de la famille des cyprinidés. Les résultats ont montré une plasticité dans plusieurs des traits étudiés en réponse à une exposition longue à une température de l'eau élevée, ce qui peut indiquer une capacité de persistance dans des environnements aux eaux plus chaudes.

Indicateurs morphométriques : analyse de la relation taille-masse

L'une des relations particulièrement étudiées lors de l'analyse de la diversité phénotypique est l'analyse de la relation taille-masse. Bien que la croissance en longueur soit un processus physiologique distinct de la croissance en masse et que cette dernière puisse elle-même inclure divers processus physiologiques (*e.g.*, croissance musculaire, hépatique, gonadique ; Beckman, 2011), la masse reste liée à la longueur des poissons (Froese *et al.*, 2011). Les relations taille-masse peuvent avoir de multiples applications, notamment pour convertir les longueurs en biomasse, comparer la croissance des poissons entre zones d'études et apporter de précieuses informations dans les études sur la reproduction et l'alimentation des espèces (Froese, 2006; Koutrakis & Tsikliras, 2003; Petrakis & Stergiou, 1995). Parmi les indices morphométriques les plus couramment employés, l'indice de condition de Fulton (K) estime la condition physiologique des individus dans l'hypothèse d'une croissance isométrique (*i.e.*, augmentation proportionnelle des dimensions corporelles au cours de la croissance) selon la formule mathématique suivante :

$$K = 100 \frac{W}{L^3}$$

Avec W la masse du corps entier en g et L la longueur totale en cm.

Vasconcelos *et al.* (2009) ont notamment employé cet indice pour évaluer la condition de juvéniles de sole commune *Solea solea* (Linnaeus, 1758), de flet d'Europe *Platichthys flesus* (Linnaeus, 1758), de sar à tête noire *Diplodus vulgaris* (Geoffroy Saint-Hilaire, 1817) et de bar commun *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758) issus de zones de nourriceries supposées de neuf estuaires le long de la côte portugaise pour évaluer la qualité différentielle de l'habitat sur la base des variations spatio-temporelles de l'état des individus. Leurs résultats ont indiqué des corrélations significatives entre les indices de condition, les densités de juvéniles et plusieurs variables environnementales (température, salinité, profondeur) dans ces nourriceries, ce qui a permis de montrer l'influence de ces paramètres

environnementaux sur la croissance et l'état physiologique des juvéniles et donc sur la variabilité de la qualité des habitats de nourriceries estuariennes.

Indicateurs physiologiques : apport de la transcriptomique pour la discrimination des phénotypes

L'analyse d'indicateurs physiologiques peut permettre d'identifier la diversité phénotypique et la réponse rapide aux changements environnementaux des organismes (Alvarez *et al.*, 2015), ce qui constitue un appui solide à la mise en place d'efforts de conservation efficaces (Moyano *et al.*, 2020). Pour y parvenir, les outils transcriptomiques fournissent des moyens puissants pour mesurer simultanément l'expression des gènes à l'échelle du génome sur un grand nombre d'individus issus de populations sauvages. L'expression génique est un processus complexe essentiel aux organismes vivants, car il joue un rôle primordial dans la conversion de l'information codée dans un gène en un produit fonctionnel (Mitsis *et al.*, 2020). Les principaux régulateurs de cette expression de gènes sont les facteurs de transcription (FT), qui sont des protéines ayant la capacité de se lier à des séquences spécifiques d'ADN. Ils sont influencés par un grand nombre de facteurs, comme des mécanismes épigénétiques (*i.e.*, mécanismes qui provoquent des changements héréditaires et réversibles dans l'expression génique sans modifier la séquence ADN (Deans & Maggert, 2015) ou encore des cofacteurs moléculaires, et forment, avec ces médiateurs moléculaires, un réseau complexe qui régit l'expression génique. Ces facteurs de transcriptions sont ainsi au cœur du développement de la diversité phénotypique.

Les puces à ADN ou encore le séquençage de l'ARN (RNAseq) sont des méthodes puissantes et couramment employées pour la réalisation d'études transcriptomiques. Elles permettent la mesure de la variation d'expression génique au niveau de l'ARN messager (ARNm) qui contribue à la formation des protéines, du phénotype cellulaire (*i.e.*, ensemble des caractéristiques observables et mesurables d'une cellule en réponse à l'expression de ses gènes et de l'influence des paramètres environnementaux) et du phénotype de l'organisme, qui peut être façonné par les processus écologiques (Aubin-Horth & Renn, 2009; Crawford

& Oleksiak, 2007; Ekblom & Galindo, 2011; Oleksiak *et al.*, 2002; Whitehead, 2012). La quantification de ces modèles peut ainsi favoriser l'observation de la régulation moléculaire du phénotype des individus en réponse à des phénomènes écologiques (Richards *et al.*, 2009) et permettre l'établissement de profils transcriptomiques phénotypiques. Chez le saumon atlantique *Salmo salar* Linnaeus 1758, plusieurs études transcriptomiques ont permis la mise en évidence d'une expression différentielle de certains gènes régulés à la hausse au niveau des branchies et impliqués dans le processus de smoltification (McGowan *et al.*, 2021; Seear *et al.*, 2010), permettant ainsi la différenciation des phénotypes migrateurs et résidents d'eau douce au sein d'une même population.

Les mesures d'expression de gènes peuvent être liées à des fonctions physiologiques et effectuées dans différents organes. Le foie, notamment, est un organe clé pour de nombreuses fonctions physiologiques essentielles aux organismes, et les réponses du transcriptome hépatique peuvent donner des informations sur la régulation du métabolisme ou révéler la façon dans les poissons réagissent aux stress environnementaux comme la pollution ou les variations de température (Escobar-Sierra *et al.*, 2024; Mackey *et al.*, 2021). Cet organe joue également un rôle important dans la réponse immunitaire et inflammatoire (Martin *et al.*, 2010), ou encore dans les voies de régulation de la croissance et du métabolisme (Jourdain-Bonneau *et al.*, 2023). Les branchies sont, quant à elles, le principal organe respiratoire et osmorégulateur des téléostéens. Dans le cas des espèces diadromes, le passage d'un environnement d'eau douce à un environnement d'eau salée ou inversement, provoque un stress osmotique important qui va induire un changement de composition cellulaire de l'épithélium branchial (McCormick *et al.*, 2003). Au niveau fonctionnel, les branchies, qui avaient jusqu'alors un rôle d'absorption ionique en eau douce, passent à un rôle d'excrétion ionique en eau de mer (McCormick *et al.*, 2013). Le passage d'un épithélium absorbeur vers un épithélium excréteur s'effectue par l'intermédiaire de phénomènes apoptotiques et de multiplications cellulaires sous contrôle endocrinien (McCormick, 2001).

MODÈLE BIOLOGIQUE D'ÉTUDE : L'OMBLE DE FONTAINE

Description morphologique

L'omble de fontaine fait partie de la famille des salmonidés, qui inclut les saumons, les ombles et les truites. La coloration de la robe est particulière et varie en fonction de l'habitat et de la période de l'année. La partie dorsale est foncée avec des teintes vert olive à brun foncé avec des vermiculures olivâtres se fondant en tâches jaunes ou orangées sur les flancs, qui possèdent également des taches de couleurs rouges entourées d'un halo bleu. La partie ventrale est blanche à orangée et devient plus vive, voire rouge chez les mâles en période de frai. La bordure blanche suivie d'une bande noire sur les nageoires pectorales, pelviennes et anales est une caractéristique distinctive de l'espèce. Enfin, la tête est relativement grande par rapport au corps avec un museau arrondi chez les femelles et plus acéré chez les mâles, surtout lors de la compétition intraspécifique durant la période de frai (québec.ca ; Figure 5).



Figure 5. Caractéristiques morphologiques typiques de l'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* (©Claude Thivierge).

La morphologie interindividuelle peut également varier chez l'omble de fontaine en fonction du phénotype exprimé (Bertrand *et al.*, 2008; Bourke *et al.*, 1997; Dynes *et al.*, 1999; Proulx & Magnan, 2004). Ainsi, il est possible d'observer un polymorphisme en réponse à

l'utilisation de la colonne d'eau pour s'alimenter et à l'expression d'un phénotype dit pélagique (*i.e.*, individus qui se nourrissent principalement dans les zones intermédiaires de la colonne d'eau ou proche de la surface) ou benthique (*i.e.*, individus qui se nourrissent majoritairement dans le fond des plans d'eau). Les individus pélagiques possèdent des nageoires pectorales plus courtes et un corps fusiforme nécessaire à la prédation dans la partie supérieure de la colonne d'eau et sont généralement davantage colorés que leurs homologues littoraux, car leurs proies sont plus riches en caroténoïdes (Dynes *et al.*, 1999; Proulx & Magnan, 2004; Gagné, 2023). Les individus benthiques sont caractérisés par des nageoires pectorales plus longues et un corps trapu, ce qui favorise les mouvements plus lents et plus précis nécessaires à une alimentation benthique (Dynes *et al.*, 1999; Proulx & Magnan, 2004). Ces différenciations morphologiques seraient ainsi le résultat fonctionnel de la performance de nage nécessaire à la recherche de nourriture (Webb *et al.*, 1984). Chez les ombles anadromes, la teinte dominante de la robe est argentée lorsque les individus sont dans un environnement salé. Le corps est également généralement plus élancé et fusiforme pour s'adapter à la nage en mer et les nageoires, en particulier les nageoires caudales et pectorales sont plus robustes pour supporter les courants marins (Gagné, 2023).

Cycle biologique et croissance

Le cycle de vie de l'omble de fontaine est étroitement influencé par les conditions environnementales. En milieu naturel, il atteint sa maturité sexuelle vers l'âge de 2 ou 3 ans (Scott & Crossman, 1974) et peut vivre jusqu'à 5 à 8 ans, bien que cette longévité puisse être réduite à environ 4 ans dans les populations fortement exploitées (Gagné, 2023). De manière générale, la maturation sexuelle commence au début de l'été, avec une reproduction qui a lieu en automne. Lors de la reproduction, les femelles font des nids dans le gravier, dans un cours d'eau à courant modéré ou dans la zone littorale peu profonde d'un lac, tandis que les mâles compétitionnent pour pouvoir féconder les œufs lors de la ponte. Les embryons se développent à basse température durant l'hiver et à leur éclosion, les larves vont s'alimenter à partir des nutriments stockés dans leur sac vitellin jusqu'à ce qu'ils atteignent le stade de la nage qui leur permettra de se nourrir à partir de sources externes. Pour ce qui est de la durée

de la phase de croissance juvénile, elle est très variable selon la population et les conditions du milieu. Lorsque les conditions sont davantage rudes, le stade juvénile s'en retrouve allongé (Castonguay *et al.*, 1982 ; O'Connell, 1982). Dans le sud et l'ouest du Québec, les conditions environnementales semblent davantage favorables et permettent à certains individus d'atteindre plus de 50 cm, alors que dans les régions plus froides, les tailles maximales observées ne dépassent généralement pas les 30 cm. Il semble également que les populations lacustres atteignent de plus grandes tailles que celles en rivières (Gagné, 2023).

En lien avec cette variabilité environnementale, des différences phénotypiques sont observées (Perry *et al.*, 2005a). Chez les populations d'omble de fontaine des lacs du Bouclier canadien, par exemple, une spécialisation trophique est associée à des formes distinctes : les individus de la forme pélagique sont plus fusiformes avec des nageoires plus courtes, tandis que ceux de la forme benthique présentent un corps trapu et des nageoires pectorales plus développées (Dynes *et al.*, 1999; Proulx & Magnan, 2004). Il est également possible d'observer les formes résidente et migratrice (omble dit de mer). Le phénotype résident correspond à un individu qui effectue l'ensemble de son cycle de vie en eau douce (rivière et/ou lac ; Figure 6A), souvent dans l'habitat où il est né. Dans ce cas, il va généralement être trouvé entre 0 et 10 m de profondeur (Pettigrew, 2011), mais peut se déplacer vers des refuges thermiques plus profonds si les températures deviennent trop élevées en été (Meisner, 1990 ; Petty *et al.*, 2012 ; Smith *et al.*, 2019). À l'inverse, le phénotype migrateur réalise des déplacements saisonniers de durées variables entre des habitats d'eau douce, utilisés pour la reproduction et les premiers stades de vie, et des habitats davantage salins, pour la phase de croissance et d'alimentation (Figure 6B ; ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 2020).

La tactique migratoire a fait l'objet de nombreuses recherches ces dernières décennies en raison de son influence sur la capacité de dispersion et de colonisation de nouveaux habitats par l'espèce. Cette tactique serait avantageuse pour l'accès aux ressources alimentaires et pour le succès reproducteur, qui est positivement corrélé à la croissance des individus (Van Den Berghe & Gross, 1986; Blanchfield & Ridgway, 1999). L'analyse

transcriptomique de gènes codants pour la synthèse du facteur de croissance analogue à l'insuline-1 (*IGF-1*), ainsi que les récepteurs spécifiques à l'*IGF-1* (*igf-1r*) et à l'hormone de croissance (*gh-1r*) dans le foie a notamment permis d'évaluer les performances de croissance de différentes lignées et mis en évidence une régulation à la hausse de ces gènes pour les individus migrateurs (Côté *et al.*, 2007; Martinez-Silva *et al.*, 2023).

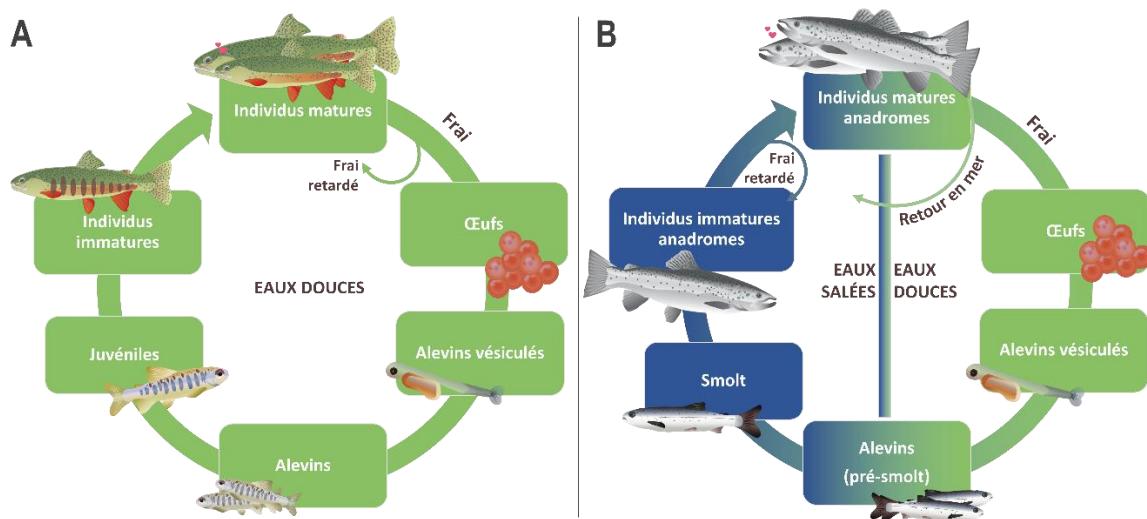


Figure 6. Cycle de vie de l'omble de fontaine. **A** : écosystème résident ; **B** : écosystème migrateur.

Les différences phénotypiques entre les formes anadrome et résidente s'observent par le biais de la smoltification qui correspond à un ensemble de transformations physiques et physiologiques permettant à l'individu de s'adapter au milieu marin où la salinité, notamment, est plus élevée (McCormick *et al.*, 1998; Labonne *et al.*, 2013). Cette étape est primordiale pour le mouvement de ces ombles vers l'environnement côtier, car cette migration, si elle confère des avantages comme décrits précédemment, s'accompagne également de coûts énergétiques et d'un stress osmotique important (Jonsson & Jonsson, 1993). Shaughnessy & McCormick (2018), en évaluant l'effet de la tolérance thermique sur l'acclimatation à l'eau de mer chez l'omble de fontaine, ont notamment montré une surexpression des gènes impliqués dans des processus apoptotiques dans les branchies des individus anadromes.

Répartition géographique

L'omble de fontaine indigène a une aire de répartition qui comprend une grande partie de l'est du Canada et qui s'étend du nord de la Géorgie, dans sa limite sud de répartition, à la région du Labrador, qui correspond à la partie continentale de la province de Terre-Neuve-et-Labrador, pour sa limite nord-est (MacCrimmon and Campbell, 1969; Figure 7). Cette répartition actuelle aurait été initiée par le retrait de calottes glaciaires à la fin du dernier épisode glaciaire majeur en Amérique du Nord, le Wisconsinien, il y a environ 11 000 ans avant notre ère (Dyke & Prest, 1987; Hewitt, 1996; McPhail & Lindsey, 1986; Pielou, 1991). Les populations ancestrales de cette espèce, jusqu'alors groupées dans plusieurs zones refuges en marge de ces calottes glaciaires, auraient recolonisé ces habitats nouvellement déglaçés en empruntant des voies de dispersion dulçaquicoles et côtières et en suivant un gradient de recolonisation du sud vers le nord (Legendre and Legendre, 1984; Schmidt, 1986; Danzmann *et al.*, 1998; Castric and Bernatchez, 2003; Curry *et al.*, 2010; Figure 8). La persistance de l'omble de fontaine durant cet épisode climatique extrême, ainsi que l'utilisation de voies de dispersion diversifiées témoignent de son important potentiel adaptatif. Ce salmonidé se retrouve dans une large gamme d'habitats qui comprend aussi bien des lacs que des rivières aux eaux claires et fraîches que des environnements marins (Behnke, 1972). Il a néanmoins fait l'objet d'introduction dans de très nombreuses régions du monde dont certaines populations se sont depuis naturalisées (*i.e.*, espèce allochtone capable de se reproduire suffisamment pour maintenir sa population ; Pilgrim *et al.*, 2012).



Figure 7. Distribution indigène de l’omble de fontaine en Amérique du Nord. D’après Gagné (2023).

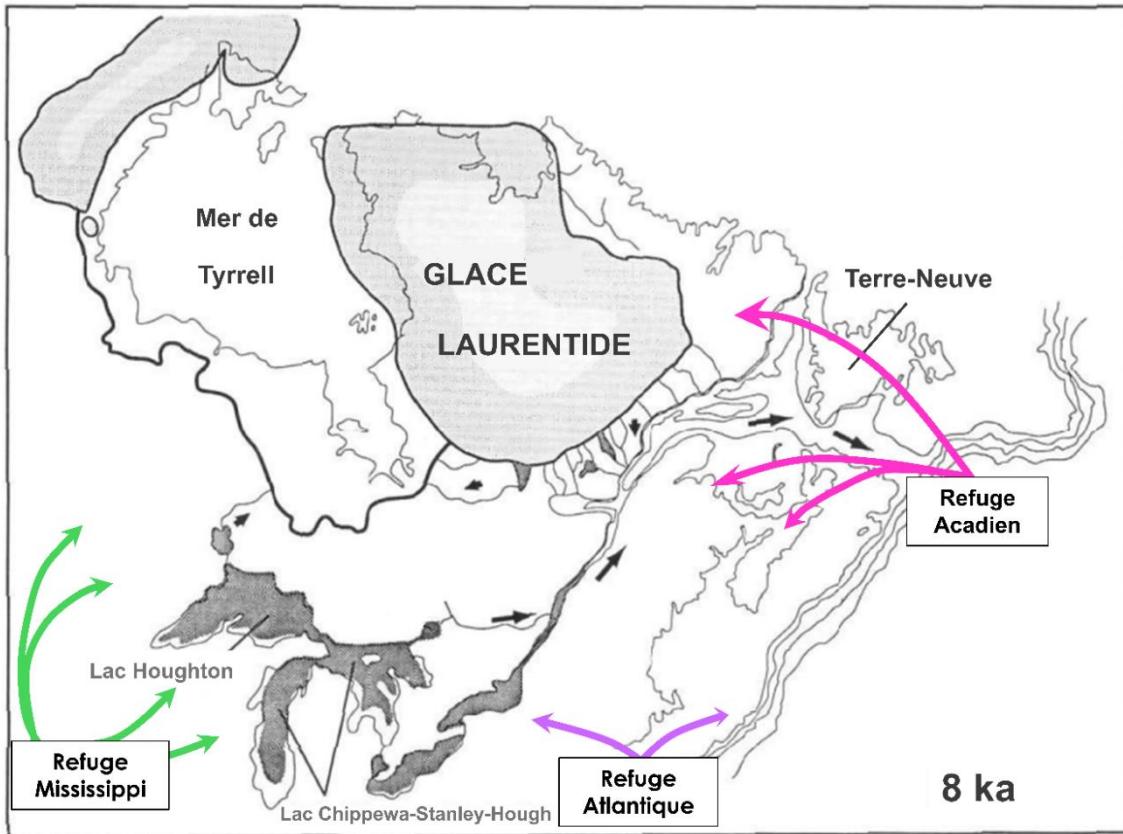


Figure 8. Processus de colonisation postglaciaire de l'omble de fontaine dans la région est de l'Amérique du Nord à partir de trois principales zones refuges il y a 8 000 ans avant le présent. Les flèches en couleurs indiquent les routes de colonisation qui auraient été empruntées par les ancêtres des populations sauvages actuelles de l'espèce. Les données sur les Grands Lacs proviennent de Lewis & Anderson (1989) et pour les autres régions, de Dyke & Prest (1987). D'après Anderson & Lewis (2007) et Mandrak & Crossman (1992).

FACTEURS INFLUENÇANT LA DYNAMIQUE ET LA DISTRIBUTION DES POPULATIONS

Capacité de dispersion et contraintes à la migration chez l'omble de fontaine

La dispersion des salmonidés varie selon les espèces et est fortement influencée par l'anadromie, un comportement migratoire permettant aux poissons de croître en milieu côtier avant de retourner en eau douce pour se reproduire (Elias *et al.*, 2018). Si cette migration est obligatoire chez le saumon atlantique *Salmo salar*, elle est facultative et partielle chez

l'omble de fontaine (Curry *et al.*, 2010), qui peut effectuer plusieurs allers-retours entre ces milieux aux stades juvénile et adulte (Randall, 1987). Ce comportement nécessite des adaptations comportementales, morphologiques et physiologiques (Boula *et al.*, 2002), notamment pour l'osmorégulation et l'efficacité de nage.

L'anadromie chez l'omble de fontaine semble être un trait héréditaire et ancestral, favorisé par une forte propension à la dispersion et à la surproduction de juvéniles et s'exprimerait dès lors que les habitats sont connectés aux zones côtières (Curry *et al.*, 2010). Elle serait influencée par des interactions complexes entre le système endocrinien, certains facteurs environnementaux (*e.g.*, photopériode, ressources alimentaires) et des caractéristiques individuelles (*e.g.*, sexe, âge, taille) (Høgåsen, 1998; Claireaux & Audet, 2000; Hendry *et al.*, 2004; Thériault *et al.*, 2007). Au fil du temps, certaines populations auraient évolué vers une forme résidente, conduisant à une coexistence de formes migratrices et résidentes, aussi bien sympatriques (*i.e.*, au sein d'un même habitat) qu'allopatriques (*i.e.*, isolées géographiquement et reproductivement) (Thériault *et al.*, 2007).

Contraintes comportementales et environnementales à la dispersion

La connectivité des populations d'omble est limitée par plusieurs facteurs. D'une part, la fidélité au site de naissance restreint la dispersion à quelques kilomètres au-delà de l'estuaire (Castonguay *et al.*, 1982; Curry *et al.*, 2006). D'autre part, le retour en eau douce est indispensable à la reproduction (Dutil & Power, 1980). Toutefois, des individus "errants" ou "explorateurs" pourraient assurer un maintien de la connectivité et permettre la colonisation de nouveaux habitats (Quinn, 1993). Par ailleurs, la fragmentation naturelle (embâcles, chutes d'eau empêchant la montaison) ou anthropique (barrages, routes) des habitats accentue l'isolement des populations aux échelles inter et intra-hydrosystèmes (Pépino *et al.*, 2012).

Les migrations sont également influencées par la température et la salinité, qui modulent la propension à migrer, la durée de résidence en eau salée et la croissance (Hines *et al.*, 2019). Une étude en télémétrie acoustique a montré que les individus anadromes

occupaient des zones côtières peu profondes (< 1,7 m), avec une salinité qui ne dépassait pas 34 ‰ et une température qui variait de 5 à 18°C (Curry *et al.*, 2006). Ces mouvements sont également liés aux marées, les poissons remontant les baies à marée haute et regagnant les zones plus profondes à marée basse.

Enfin, la capacité osmorégulatrice varie selon les saisons : limitée en hiver et en automne, elle est améliorée au printemps et en été grâce à une augmentation de l'activité de la Na⁺-K⁺-ATPase branchiale (Besner & Pelletier, 1991). Ces ajustements physiologiques expliquent la sélection de certaines combinaisons de température et de salinité par les populations de l'est du Canada, car ces deux paramètres influencent la capacité hyposmorégulatrice (*i.e.*, aptitude d'un organisme à éviter une perte importante d'eau et une accumulation de sels dans un environnement hyper-osmotique, en régulant activement les échanges d'eau et d'ions) de l'espèce (Claireaux & Audet, 2000). Ainsi, ces deux facteurs sont des déterminants majeurs des migrations et de l'utilisation des habitats chez l'omble de fontaine.

SITE D'ÉTUDE : L'ARCHIPEL DE SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON

L'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon est situé près de la façade est du Canada (Figure 9A) et se compose de huit îles dont les trois principales sont Saint-Pierre (25 km²), Miquelon (110 km²) et Langlade (90 km²), pour une superficie totale de 242 km² (Drogue *et al.*, 2021 ; Figure 9B). Les îles de Miquelon et Langlade sont reliées par un cordon littoral (Billy *et al.*, 2015). Le relief de l'archipel est une conséquence des glaciations du Quaternaire et les altitudes ne dépassent pas 240 mètres (morne de la Grande Montagne, Miquelon ; Philippenko *et al.*, 2021).

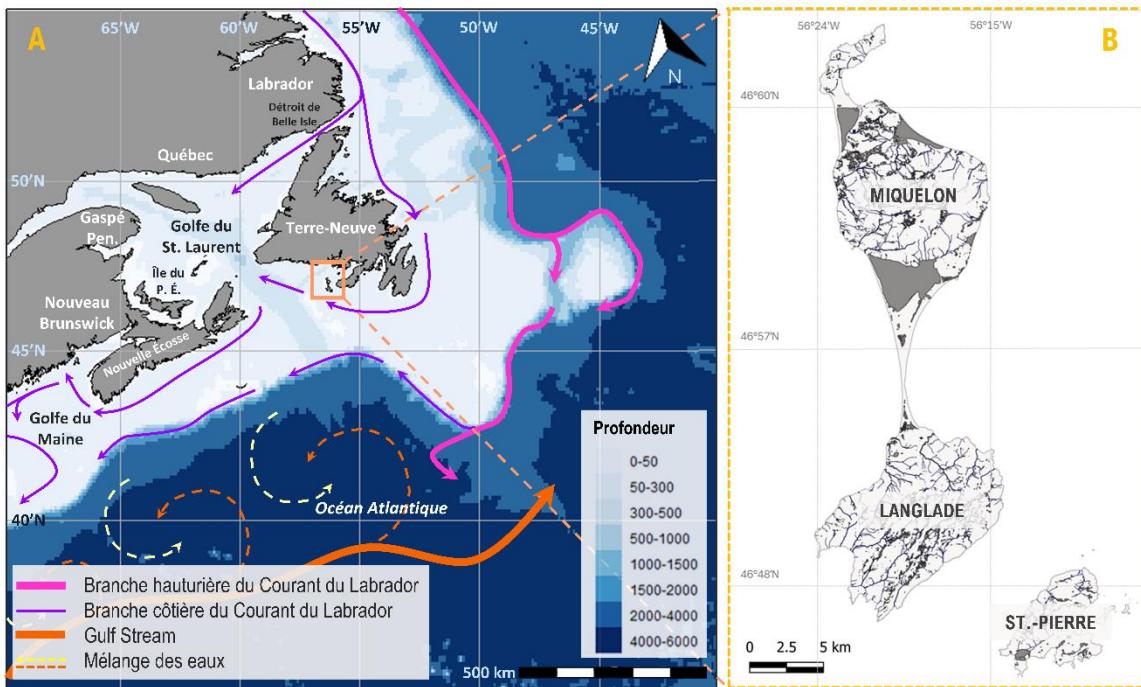


Figure 9. Situation géographique de l’archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon (France) à l’est du Canada. **A :** Bathymétrie de l’océan Atlantique nord-ouest, de la façade est du Canada et principaux systèmes de courants dans la région. Les flèches roses représentent la branche hauturière du courant du Labrador qui transporte des eaux froides et fraîches. Les flèches violettes correspondent à la branche côtière de ce même courant. La flèche orange indique les eaux plus chaudes et plus salées provenant du Gulf Stream. Les flèches pointillées orange et jaunes indiquent le mélange des eaux dans la mer de Slope (Saba *et al.*, 2016). **B :** Archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon, France.

Les conditions climatiques sont à caractère subarctique océanique (De la Rue, 1970) avec des températures atmosphériques moyennes annuelles de 5,7°C. Les étés sont courts et frais (16,2°C en moyenne en août) et les hivers sont froids (-3,2°C en moyenne en février) (Drogue *et al.*, 2021). Les eaux qui bordent Saint-Pierre-et-Miquelon sont refroidies par le courant du Labrador (Figure 9A) qui provient de l’océan Arctique et pénètre dans le Golfe du Saint-Laurent grâce au détroit de Belle Isle (Cerema & DTAM de Saint-Pierre-et-Miquelon, 2018). L’archipel étant éloigné des eaux du Saint-Laurent et entouré de fonds peu profonds en comparaison du reste de la région, la structure hydrologique est homogène en hiver (0-3°C pour une salinité de 31-32 ‰) et structurée en deux couches en été (couche

supérieure : 12°C pour 32 % ; couche inférieure : < 12°C pour 33 %). La courantologie locale est essentiellement la résultante de la météorologie, du cycle des marées et de la bathymétrie complexe autour de l'archipel.

Dans les régions à l'est du Canada, les rapports gouvernementaux et du Groupe d'experts Intergouvernemental sur l'Évolution du Climat (GIEC) prévoient un réchauffement régional des températures océaniques et atmosphériques en lien avec le changement global (Romero-Lankao *et al.*, 2014; Lemmen *et al.*, 2016; Bush & Lemmen, 2019). Celui-ci devrait également mener à une augmentation des précipitations et à une diminution de l'étendue du couvert de glace qui limite l'érosion des côtes en hiver (Philippenko *et al.*, 2021). De plus, la modification du régime des vents pourrait augmenter leur vitesse et amplifier la force des tempêtes (Bush & Lemmen, 2019).

Les effets de ces modifications environnementales sur les petites îles devraient être particulièrement importants (Magnan *et al.*, 2019; Nurse *et al.*, 2014; Petzold & Magnan, 2019). L'élévation du niveau marin, qui résulte du changement global et du ralentissement de l'ajustement isostatique initié par la fin du Wisconsinien dans la région (Billy *et al.*, 2015; Oppenheimer *et al.*, 2019), place l'archipel comme l'une des zones les plus vulnérables de l'Amérique du Nord face au changement global (Philippenko *et al.*, 2021).

L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON

Sur l'archipel, l'omble de fontaine constitue une espèce patrimoniale, puisqu'il possède à la fois une valeur culturelle, écologique et historique particulière pour les populations humaines insulaires. Néanmoins, un appauvrissement des stocks locaux d'ombles de fontaine est à déplorer depuis plusieurs années (Briand *et al.*, 2021), à cause de diverses pressions naturelles et anthropiques (*e.g.*, dégradation des milieux, rupture de continuité écologique, parasitisme). L'accentuation de la pression de pêche (Champigneulle *et al.*, 2000; Cloutier *et al.*, 2003), malgré la baisse du nombre de pêcheurs licenciés, semble également limiter la reconstitution des stocks. Quelques ensemencements à partir de souches

indigènes ont été effectués pour tenter de les soutenir (Müller, 2006). Le changement global devrait accentuer encore davantage les pressions qui s'exercent actuellement sur ces populations, en impactant les conditions environnementales auxquelles elles sont soumises avec l'augmentation des températures, des inondations dues aux précipitations et des submersions marines (Alfonso *et al.*, 2021; Al-Ghussain, 2019; Jeppesen *et al.*, 2015). Ces événements climatiques entraîneront de fortes modifications des caractéristiques physico-chimiques des milieux (*e.g.*, salinisation des écosystèmes connectés à l'océan durant les submersions marines). Leurs impacts sur les populations indigènes de l'omble de fontaine pourraient être considérables et concerner tous les stades de vie de cette espèce. Il apparaît ainsi crucial d'approfondir les connaissances actuelles sur ces populations établies sur l'archipel pour permettre leur conservation et leur gestion durable.

OBJECTIFS DE RECHERCHE

L'objectif général de cette thèse est de caractériser les populations d'ombles de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon en réalisant un bilan des connaissances acquises puis en évaluant leur diversité génétique et phénotypique. L'ensemble des informations obtenues permettra de mieux comprendre l'état actuel de ces populations et d'évaluer leur potentiel évolutif. Cela devrait également permettre de proposer des mesures de gestion et de conservation appropriées. Les deux derniers sous-objectifs ont été considérés en prenant en compte plusieurs échelles spatiales.

Sous-objectif 1 – Établir un bilan des connaissances biologiques des populations d'ombles de fontaine indigènes et des essais d'aquaculture et d'ensemencements menés sur celles-ci dans l'archipel.

Sous-objectif 2 - Définir la diversité et la structure génétique de ces populations à l'aide de marqueurs microsatellites.

Hypothèse 1 - La température et la salinité sont des barrières majeures à la dispersion de l'espèce. Les conditions environnementales des eaux entre les îles seraient des barrières

majeures à la dispersion des individus et conduiraient à une séparation génétique des populations de ces îles.

Hypothèse 2 – Le caractère facultatif et partiel de l'anadromie chez l'omble de fontaine (*e.g.*, restreint à la frange côtière) permettrait d'observer une différenciation génétique à fine échelle (*e.g.*, cours d'eau).

Sous-objectif 3 – Définir des profils phénotypiques chez les populations échantillonnées grâce à l'emploi de puces transcriptomiques et la comparaison des relations tailles-masses.

Hypothèse 1 – Le phénotype transcriptionnel et morphométrique des ombles diffère entre les trois îles de l'archipel et entre les différents hydrosvstèmes échantillonnés sur chacune d'elles.

Hypothèse 2 – Les profils phénotypiques concordent avec les modèles de structuration génétique détectés sur ces mêmes populations.

MATÉRIEL ET MÉTHODES GÉNÉRAUX

SÉLECTION DES HYDROSYSTÈMES

L’archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon, malgré sa taille restreinte, présente une grande diversité d’étangs interconnectés par un réseau complexe de ruisseaux et de rivières (Cerema & DTAM de Saint-Pierre-et-Miquelon, 2018; Drogue *et al.*, 2021). La sélection des hydrosystèmes étudiés s’est appuyée sur de précédents travaux, initiés dans le cadre du projet OMBLESPM (<https://www.facebook.com/Omblespm>) qui avait pour objectifs d’une part de faire une synthèse des connaissances acquises sur les populations d’omble de fontaine de l’archipel à partir d’archives diverses (Briand *et al.*, 2021) et d’autre part de répertorier et de caractériser le plus précisément possible le réseau hydrographique de Saint-Pierre-et-Miquelon (*e.g.*, longueur, largeur, bathymétrie, bassin versant ; Durand, 2021). La sélection des hydrosystèmes s’est donc appuyée sur des critères biologiques et hydrographiques.

Concernant les critères biologiques, il s’agit aussi bien de traits morphologiques que de patrons de coloration particuliers. Ces informations, qui sont probablement les conséquences de caractéristiques environnementales et des ressources alimentaires disponibles, peuvent être des indicateurs d’adaptation locale des ombles. Les pressions anthropiques connues, comme une pression de pêche importante ou d’anciennes actions d’alevinage ont aussi été intégrées à la sélection des hydrosystèmes, car elles affectent l’intégrité génétique des populations sauvages en modifiant le niveau de diversité intrapopulation, en homogénéisant leur structure génétique (Marie *et al.*, 2010) et en impactant plusieurs processus physiologiques (*e.g.*, croissance, résistance aux maladies ; Bougas *et al.*, 2010). Ainsi, des populations présentant une coloration marquée ou une morphologie particulière, une pression anthropique connue ou à l’inverse une pression anthropique minime ont été sélectionnées pour rendre compte de la diversité des conditions environnementales et anthropiques présentes dans les hydrosystèmes de l’archipel.

Pour les critères hydrographiques, la prise en compte de la localisation spatiale des hydrosystèmes avait pour but de permettre un effort d'échantillonnage homogène sur l'archipel et de prospecter l'ensemble des façades des trois îles principales pour avoir une vue d'ensemble des populations d'omble présentes sur l'archipel. La sélection d'hydrosystèmes connectés ou non à l'océan et le prélèvement de spécimens dans différentes stations au sein de chaque hydrosystème avait pour objectif de nous permettre d'évaluer la connectivité génétique de ces populations et de prendre en compte les différents écotypes. Enfin, la présence d'obstacles anthropiques (*e.g.*, aménagements hydrauliques) ou naturels (*e.g.*, cascade naturelle) à la montaison était une composante primordiale à prendre en compte pour l'interprétation de nos résultats, aussi ils ont été répertoriés aussi précisément que possible grâce aux études antérieures (Durand, 2021).

À partir de ces deux principaux critères, onze hydrosystèmes appartenant à des bassins versants distincts répartis sur les trois principales îles de l'archipel (Saint-Pierre : $n = 3$; Miquelon : $n = 4$; Langlade : $n = 4$) ont été sélectionnés (Tableau 1 ; Figure 10).

Tableau 1. Liste des 11 hydrosystèmes sélectionnés et des principales caractéristiques hydrobiologiques utilisées pour leur sélection.

Hydrosystème	Île	Connexion à l'océan	Obstacles anthropiques (A) ou naturels (N)	Caractéristiques phénotypiques connues	Anciens ensements
Mirande	Miquelon	Intermittente	(A)		Oui
Carcasse de l'ouest	Miquelon	Oui	-	-	-
Sylvain	Miquelon	Oui	(N)	-	Oui
Bellevue	Miquelon	Non	-	-	-
Anse à Ross	Langlade	Oui	(N)	Individus très petits	-
Voiles Blanches	Langlade	Oui	(N)	Coloration particulière	-
Debons	Langlade	Oui	-	Grands individus	-
Maquine	Langlade	Oui	(N)	-	-
Savoyard	Saint-Pierre	Oui	(A)	-	Oui
Thélot	Saint-Pierre	Non	(A)	-	Oui
Cap au diable	Saint-Pierre	Oui	(N)	-	Oui

À Miquelon, le premier site sélectionné était l'étang de Mirande, autrefois ouvert à l'océan, mais fermé par la construction d'une route dans les années 1960 (Briand *et al.*, 2021).

Les trois autres hydrosystèmes ciblés sur cette île (Carcasse de l'ouest, Sylvain et Bellevue) étaient considérés comme relativement vierges (Tableau 1 ; Figures 10-11).

Langlade est l'île la plus sauvage (occupation humaine uniquement au printemps et en été) et abrite des poissons qui semblent avoir développé des caractéristiques physiques particulières (Briand *et al.*, 2021). Les trois hydrosystèmes échantillonnés étaient l'Anse à Ross (petits individus avec plusieurs malformations répertoriées), les Voiles Blanches (individus très colorés), et Debons (captures annuelles des plus grands individus ; Tableau 1 ; Figures 10-12). Grâce au travail d'Edgard Gustave (2021) et de la *FTPSPM*, un quatrième hydrosystème, Maquine (Langlade) a pu être ajouté comme site d'étude pour le volet génétique (Figures 10-12).

À Saint-Pierre, plusieurs hydrosystèmes ont été fortement modifiés (*e.g.*, barrages hydrauliques, pollution des eaux), ce qui peut empêcher les mouvements des individus. Les trois hydrosystèmes échantillonnés étaient Savoyard (barrage dans la partie amont de l'hydrosystème), Thélot (deux anciens barrages hydroélectriques) et Cap au diable, qui possède une chute d'eau infranchissable près de la zone côtière (Tableau 1 ; Figures 10-13). Pour l'ensemble de ces hydrosystèmes, entre deux et trois stations de prélèvements ont été définies afin d'améliorer notre capacité de détection de la complexité et de la diversité génétique et phénotypique des populations présentes (Figures 10-13).

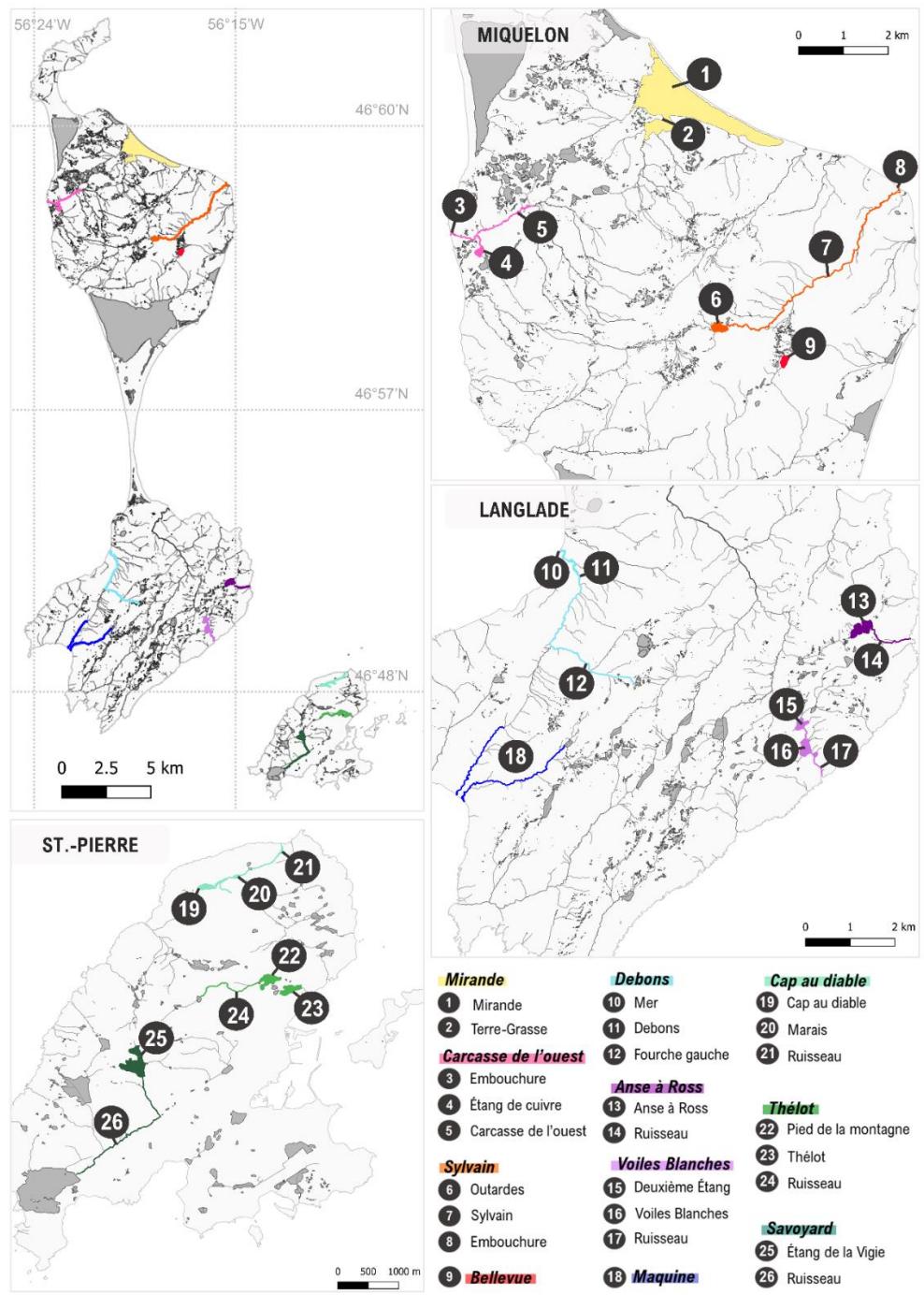


Figure 10. Cartographie des 11 hydrosystèmes échantillonnés à Saint-Pierre-et-Miquelon, France. Les hydrosystèmes étudiés sont présentés en couleur dans les encarts de leur île respective. Les stations échantillonnées dans chacun de ces sites sont numérotées de 1 à 26. Les noms de chaque hydrosystème et de chaque station sont détaillés dans la légende en bas à droite.

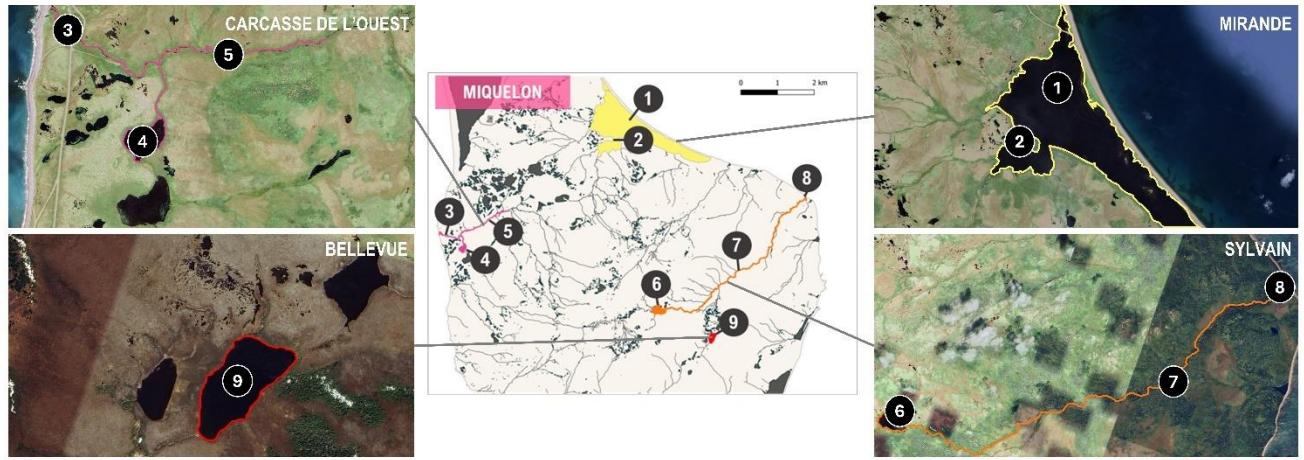


Figure 11. Cartographie des quatre hydrosystèmes échantillonnés à Miquelon. Les stations échantillonnées dans chacun de ces sites sont numérotées de 1 à 9. Les noms de chaque hydrosystème et de chaque station sont détaillés dans la légende présentée dans la Figure 10 (Vues satellites : Google Earth).

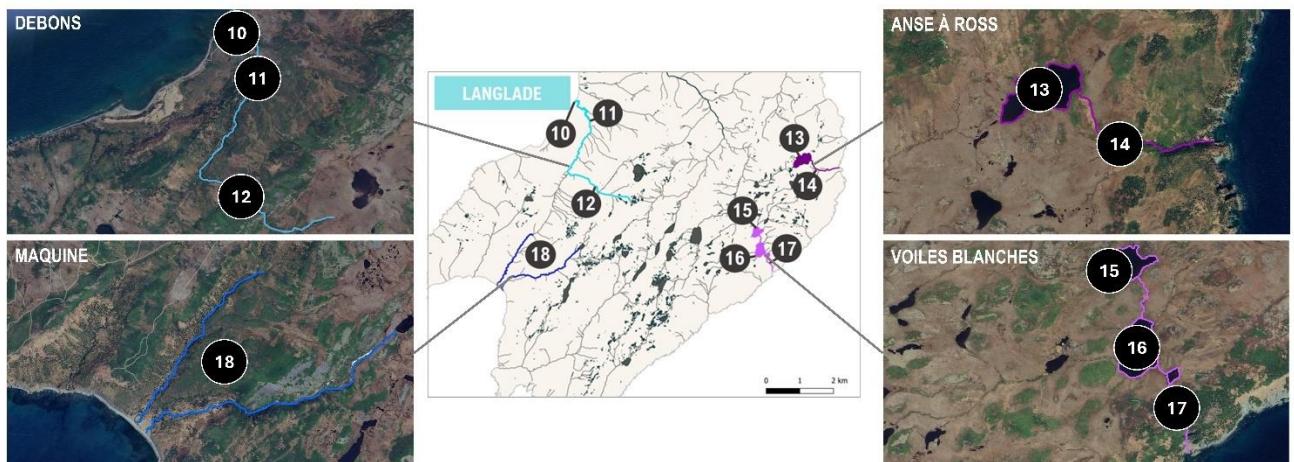


Figure 12. Cartographie des quatre hydrosystèmes échantillonnés à Langlade. Les stations échantillonnées dans chacun de ces sites sont numérotées de 10 à 18. Les noms de chaque hydrosystème et de chaque station sont détaillés dans la légende présentée dans la Figure 10 (Vues satellites : Google Earth).

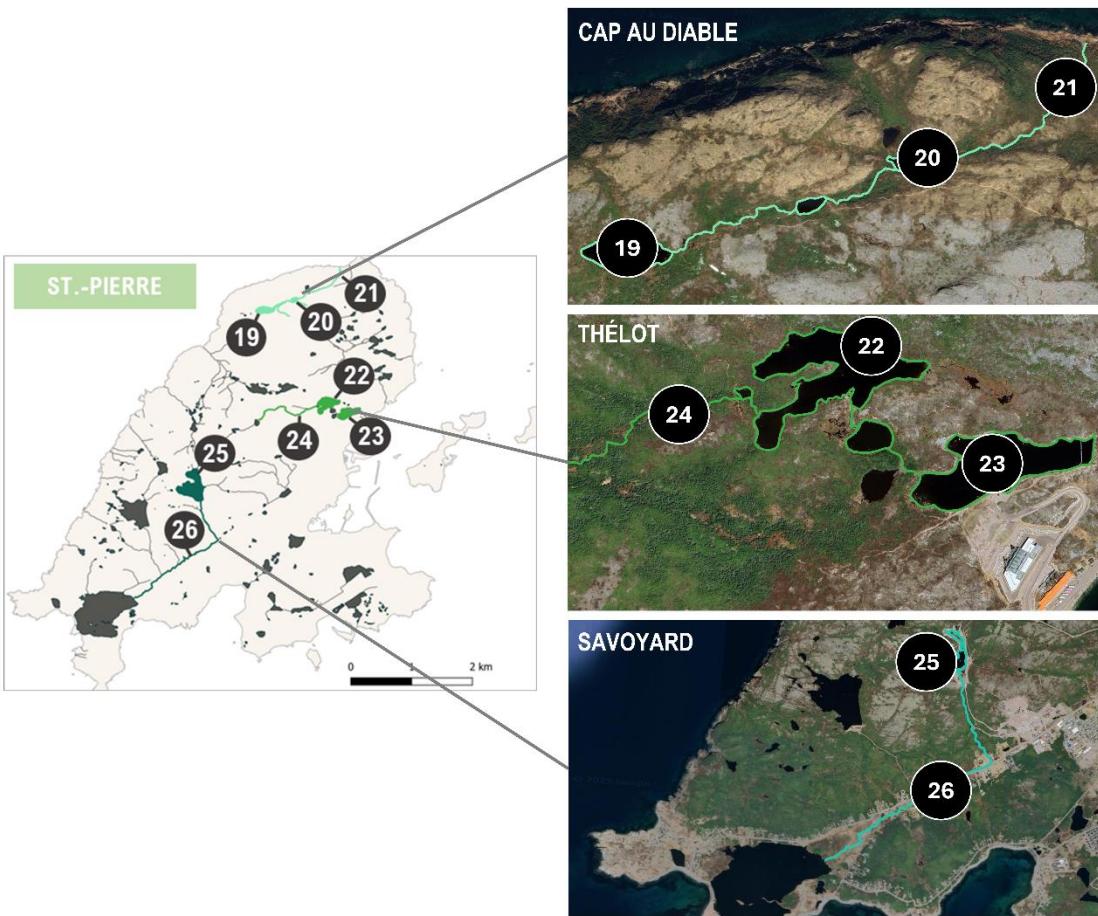


Figure 13. Cartographie des quatre hydrosystèmes échantillonnés à Langlade. Les stations échantillonnées dans chacun de ces sites sont numérotées de 19 à 26. Les noms de chaque hydrosystème et de chaque station sont détaillés dans la légende présentée dans la Figure 10 (Vues satellites : Google Earth).

ÉCHANTILLONNAGE

Les spécimens ont été collectés lors d'une campagne de terrain réalisée de mai à août 2022, par des techniques de pêche traditionnelle (*i.e.*, pêche à la ligne, au bouchon ou à la mouche ; Figure 14), ou par pêche électrique à l'aide d'un Martin Pêcheur® (DREAM électronique, Pessac, France). Cette dernière méthode permet de paralyser les organismes grâce à l'émission d'un champ électrique non létal. Les individus prélevés respectaient les tailles minimales de capture fixées par l'arrêté préfectoral n°349. Le bilan des captures réalisées en fonction des hydrosystèmes est présenté au Tableau 2 avec ajout des individus capturés en 2021 à Maquine (Langlade).

Les équipes et les dates exactes des sorties réalisées pour cette campagne d'échantillonnage sont indiquées en Annexes 1-3, et permettent de rendre compte du soutien important des acteurs locaux et bénévoles de l'archipel pour le projet et de l'effort de pêche déployé durant ces cinq mois de terrain.



Figure 14. Pêche au fouet réalisée par Loïc Perrin, technicien rivière à la Fédération Territoriale des Pêches de l'archipel dans l'étang Thélot, Saint-Pierre (Saint-Pierre-et-Miquelon, France) durant la campagne d'échantillonnage 2022.

Tableau 2. Bilan des spécimens collectés dans les hydrosystèmes de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon.

Île	Hydrosystème	Station	N
Miquelon	Mirande	Mirande	10
		Terre-Grasse	10
	Carcasse de l'ouest	Embouchure	6
		Étang de cuivre	3
		Carcasse de l'ouest	10
		Outardes	10
	Sylvain	Sylvain	10
		Embouchure	10
		Grand Barachois	-
Langlade	Bellevue	Ruisseau	-
		Bellevue	10
		Mer	9
	Debons	Debons	10
		Fourche gauche	10
		Anse à Ross	10
	Anse à Ross	Ruisseau	10
		Deuxième étang	10
		Voiles Blanches	10
		Ruisseau	7
Saint-Pierre	Maquine	Maquine	16
		Cap au diable	10
		Marais	10
	Cap au diable	Ruisseau	6
		Pied de la Montagne	9
		Thélot	10
	Thélot	Ruisseau	10
		Étang de la Vigie	10
		Ruisseau	10
		Étang Savoyard	-

Paramètres mesurés et prélèvements biologiques

Les individus capturés ont été anesthésiés immédiatement après leur prélèvement (eugénol (Lotus Aroma, Sainte-Julie, Qc., Canada) ; 40 à 60 mg.L⁻¹) et sacrifiés par sectionnement de la moelle épinière, en accord avec le Conseil canadien de protection des animaux (CCPA ; UQAR CPA-89-22-246) et l'arrêté préfectoral n°349. Les spécimens prélevés au cours de cette campagne de terrain ont été utilisés pour l'ensemble des axes de recherche de cette thèse, afin de minimiser l'impact de ces prélèvements sur les populations sauvages et pour permettre une comparaison des résultats obtenus au niveau génétique et transcriptomique.

Paramètres mesurés

Après anesthésie, la longueur totale et la masse ont été obtenues pour chaque individu (Annexes 1-3) et une photographie de chacun d'entre eux (Figure 15) a été prise pour constituer une photothèque, qui sera valorisée dans quelques mois, avec la mise en place d'une base de données qui sera mise en ligne au courant de l'année 2025. La présence / absence de parasites a également été notée (Annexes 1-3) et pourra servir de base pour de prochains travaux sur le sujet.

Des prélèvements de paramètres physico-chimiques ont été effectués à chaque station sélectionnée (soit trois stations par hydrosystème) grâce à la sonde multi-paramètres Hanna HI98194 (Vénétie, Italie).



Figure 15. Mesure d'un omble de fontaine prélevé dans la partie aval des Voiles Blanches, Langlade (Saint-Pierre-et-Miquelon, France). Cette photographie est un exemple de la photothèque constituée au cours de la campagne terrain de 2022 (©Julie Viana).

Prélèvements des échantillons

Une fois les spécimens anesthésiés et tués, les échantillons de nageoires ont été préservés dans de l'éthanol à 95%, tandis que les échantillons de foies et de branchies ont été conservés dans une solution de *RNA later* (Invitrogen, Waltham, MA, USA) à -20°C. Les individus capturés en 2022 ont été utilisés pour l'ensemble du projet, à l'exception des spécimens collectés à Maquine, dont seules les nageoires avaient été prélevées. L'objectif était de réduire au maximum notre impact sur ces populations sauvages, et de pouvoir corrélérer les données issues des analyses de génétique (analyse de la variation génétique neutre) à celles obtenues grâce à la transcriptomie (analyse de la variation adaptative).

GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS

Analyses moléculaires

Extraction de l'ADN

L'ADN génomique a été extrait pour chaque spécimen collecté à partir de 2 mm de tissu de nageoire à l'aide de la trousse QIAGEN "DNeasy Blood and tissue" (Hilden, Allemagne). Chaque fragment a été placé dans un tube de 1,5 mL avant l'ajout de 180 µL de tampon de lyse et de 20 µL de protéinase-K. Les échantillons ont ensuite été mélangés au

vortex et placés en incubation à 56°C jusqu'à la lyse complète des tissus (~1 heure). Les conditions de pH ont ensuite été ajustées par l'ajout de 200 µL d'un second tampon de lyse et 200 µL d'éthanol pour optimiser la liaison à l'ADN. L'ensemble du mélange a ensuite été transféré dans une mini-colonne d'essorage possédant une membrane de silice permettant l'adsorption spécifique de l'ADN sur le support lors de la centrifugation et l'élimination des contaminants et inhibiteurs enzymatiques. Les contaminants et inhibiteurs enzymatiques restants ont été éliminés à l'aide de deux tampons de lavage (ajout de 500 µL de chaque). Enfin, l'ADN a été libéré de la membrane par ajout de 100 µL de tampon d'élution et conservé à -20°C.

Qualité de l'ADN

La concentration en ADN de chaque échantillon a été mesurée à l'aide d'un spectrophotomètre Epoch™ contrôlé par le logiciel Gen5. Cet appareil mesure les absorbances UV à partir de 1,0 µL de chaque échantillon pour s'assurer de la quantité et de la qualité des ADNs obtenus avant de réaliser les amplifications des marqueurs microsatellites. Les échantillons présentaient des rapports d'absorbance (A260/A280) compris entre 1,7 et 1,9, indiquant une bonne purification de l'ADN.

Amplification de l'ADN

La réaction en chaîne par polymérase (PCR) a pour but de sélectionner et d'amplifier une zone particulière du génome mitochondrial ou nucléaire à partir d'amorces spécifiques. Vingt-six couples d'amorces microsatellites ont été testés sur un sous-échantillon de huit spécimens répartis sur les trois îles de l'archipel (Tableau 3). Ces amorces sont spécifiques à l'espèce (Angers *et al.*, 1995; O'Reilly *et al.*, 1996; Dehaan & Ardren, 2005; Perry *et al.*, 2005b; King *et al.*, 2012) et ont largement été employées depuis leur mise au point (Castric *et al.*, 2001; Castric & Bernatchez, 2003; Annett *et al.*, 2012; Valiquette *et al.*, 2014; Beer *et al.*, 2019).

Les amplifications PCR ont été conduites grâce à la trousse d'amplification PCR QIAGEN "Type-it Microsatellites" (Hilden, Germany), avec un volume final de 11 µL contenant 5 µL de "Type-it Multiplex PCR Master Mix 2x" (composé d'ADN polymérase HotStarTaq® Plus, d'un tampon avec 3 mM de chlorure de magnésium (MgCl₂) et de dNTPs), 4 µL d'eau sans RNase, 1 µL de solution-Q, 1 µL d'ADN génomique, 0,01 µL d'amorce sens et 0,01 µL d'amorce anti-sens (diluées dans un tampon TE à pH = 8). Pour chaque couple d'amorces, 18 températures d'hybridation (T_a en °C) ont été testées pour permettre la mise au point de multiplexage des couples d'amorces microsatellites (*i.e.*, amplification simultanée de plusieurs *loci* microsatellites dans une seule PCR).

Tableau 3. Détails des 26 séquences d'amorces microsatellites testées, des motifs répétés et des données de gamme de taille (pb) fournies dans la littérature dont sont issus les couples d'amorces sélectionnés.

Nom	Séquences (5'-3')	Motif répété	Gamme de taille (pb)	No. d'accès GenBank	Auteurs
<i>Sfo B32</i>	F: 5'-GCACACGAAACAGTATATTTC-3' R: 5'-TTGTCTTGGTGAATTTCAGAGC-3'	(GCGT)12	187 - 239	AY168186	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C24</i>	F: 5'-GCTACTGTTGATTTCATCTCAG-3' R: 5'-ATCACAGAGATGGGTGATG-3'	(GAT)10	110 - 186	AY168187	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C28</i>	F: 5'-CAGTTGAAGTATTGGGTTAGC-3' R: 5'-TCATCCTTAAAGCAGAACATCAC-3'	(GCGT)10	167 - 207	AY168188	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C38</i>	F: 5'-GTTGTTGTTGGTTAGC-3' R: 5'-TTACTGATTACAATTGGACTGG-3'	(GAT)9	140 - 152	AY168189	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C79</i>	F: 5'-CACTGGCCCTGGTTAGTAGG-3' R: 5'-CTGCTAGCCCCATACATCAC-3'	(GAT)7	120 - 123	AY168190	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C86</i>	F: 5'-ACCGATGGCCTTCAACAC-3' R: 5'-ATAGGCCCTACCTCAAACC-3'	(GAT)8	101 - 125	AY168191	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C88</i>	F: 5'-TAGTCTCTGGGGAAATAG-3' R: 5'-ATATCAGCCATAAGAGCTGGAG-3'	(GAT)16	174 - 217	AY168192	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C113</i>	F: 5'-GGAGCCCCAGACTATATTGACG-3' R: 5'-CCTTGAAAGTCTGCCAGATG-3'	(GAT)12	124 - 169	AY168193	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C115</i>	F: 5'-CAGTTCTATCTCCAGGAATC-3' R: 5'-TTCTGAAGCACTAACATGG-3'	(CTCA)21	217 - 369	AY168194	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo C129</i>	F: 5'-AGTGGGTACACACATACCTTGG-3' R: 5'-AGGTATTACACCTCAGATTGG-3'	(GAT)8	218 - 272	AY168195	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo D75</i>	F: 5'-GTAGTGCACAAACAGTAGAGC-3' R: 5'-CATCTTAACTCAACCTCAATC-3'	(TAGA)17	168 - 248	AY168197	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo D91</i>	F: 5'-AAATAACAACAATATGTGAGAAC-3' R: 5'-TATGCTGATATTGACTCTTGG-3'	(TAGA)13	204 - 340	AY168198	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo D100</i>	F: 5'-ACCTTGACCTGTACATCGTG-3' R: 5'-CAGACCTAGACTAAAGCATCG-3'	(TAGA)11(CTGT)10	198 - 314	AY168199	King <i>et al.</i> , 2012
<i>Sfo-8</i>	F: 5'-CAACGAGCACAGAACAGG-3' R: 5'-CTTCCCTGGAGAGGAAA-3'	-	204 - 276	U50305	Angers <i>et al.</i> , 1995
<i>Sfo-12</i>	F: 5'-GGTTTGAAGAGTGAACAG-3' R: 5'-CCCGTTCAACATCAGAG-3'	(GT)5CC (GT)10CC (GT)15	249 - 275	U50302	Angers <i>et al.</i> , 1995
<i>Sfo-18</i>	F: 5'-TGGTATCTGCTCTGCT-3' R: 5'-TGGAAATGTGTGCTGTTCT-3'	-	175 - 185	U50303	Angers <i>et al.</i> , 1995
<i>Sco216</i>	F: 5'-CCTTGTGAGAGCTAAGGTAGTG-3' R: 5'-GGAGGACATATTCAACATTG-3'	CAGT(18)CAGG(10)-C(1)AGAT(7)	132 - 173	AY88885	DeHaan and Arden, 2005
<i>Sco218</i>	F: 5'-TTCTAAGTGGCACTCTG-3' R: 5'-GTGTTGGTTGGTGTAG-3'	GATA(31)	138 - 204	AY88887	DeHaan and Arden, 2005
<i>Sfo177Lav</i>	F: 5'-CGAATGTGGAGCTGAACGT-3' R: 5'-GGGTATTGTACAATGGGT-3'	(TG)30	314	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Sfo226Lav</i>	F: 5'-GAGGGCTAGAGACTAGCTTCAG-3' R: 5'-GCAGTGGAAACAAATACCCAG-3'	(TG)21(CGTG)13	373 - 381	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Sfo262Lav</i>	F: 5'-CCCATGTCAGTATTGGACTC-3' R: 5'-CTTCATGGGCAGAAATGGAC-3'	(TG)20(CGTG)7CGCG(CGTG)2(CG)3	299 - 321	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Sfo266Lav</i>	F: 5'-CTGCCACCATGTAAGAAAG-3' R: 5'-CTGGGTGATTGACGCC-3'	TGCG(TG)13N16(TG)3TGCG	258 - 292	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Sfo269Lav</i>	F: 5'-GTAGATGAAACCTGATGG-3' R: 5'-GTTCTATGGTCACATACTG-3'	(CA)28	221 - 243	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Sfo308Lav</i>	F: 5'-CAGCAATGGGGCTGAAGTAG-3' R: 5'-GTCACTGTGTGAATCTCC-3'	(TG)26	355 - 379	-	Perry <i>et al.</i> , 2005b
<i>Ssa85</i>	F: 5'-AGGTGGGTCTCCAAGCTAC-3' R: 5'-ACCCGCTCCTCACTTAATC-3'	(GT)14	110 - 138	-	O'Reilley <i>et al.</i> , 1996
<i>Ssa197</i>	F: 5'-GGGTTGAGTAGGGAGGGCTG-3' R: 5'-TGGCAGGGATTGACATAAC-3'	(GT)5C(TG)4TC(TG)3A(GTGA)15	131 - 203	-	O'Reilley <i>et al.</i> , 1996

Les conditions PCR appliquées ont été les suivantes : 5 min à 95°C, suivi de 40 cycles de 30 s à 95°C, 1 min 30 s à la température optimale d’hybridation, 30 s à 72°C et extension finale de 30 min à 60°C. Les différents tests ont été conduits dans un Mastercycler® nexus gradient (Eppendorf, Hamburg, Germany). Les produits PCR ont ensuite été séparés sur gels d’agarose à 2.0% avec une échelle de poids moléculaire de l’ADN de 100 paires de bases (pb) (New England BioLabs, Beverly, USA) pour vérifier la spécificité des produits amplifiés à la température testée (*i.e.*, présence d’une bande unique ; Figure 16).

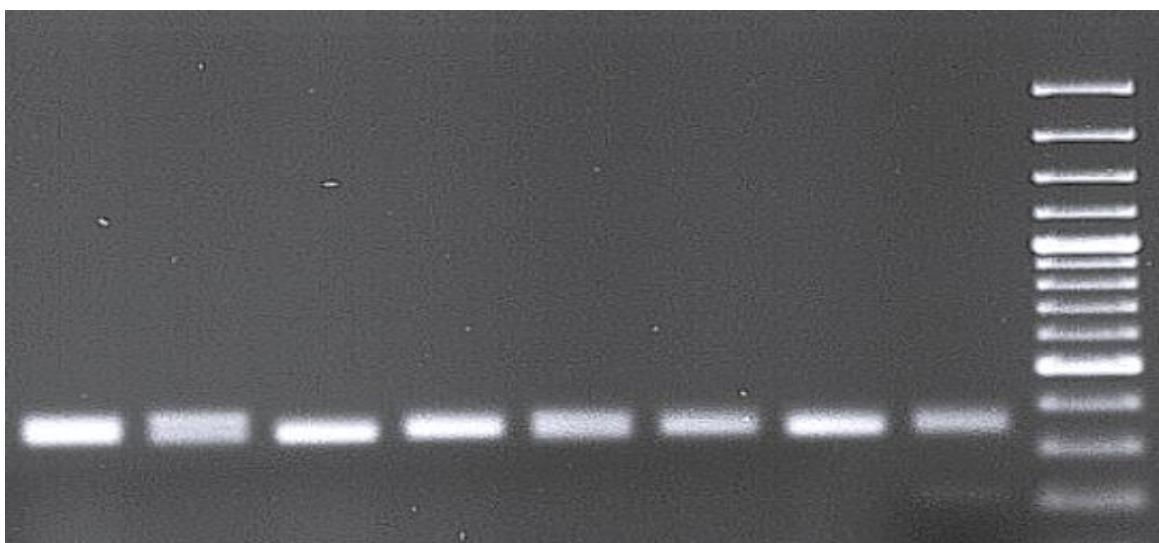


Figure 16. Exemple de produits PCR séparés sur gel d’agarose à 2,0% avec une échelle de poids moléculaire d’ADN de 100 pb pour le *locus Sfo D100* amplifié à 60°C.

À l’issue de cette première phase de tests, six *loci* (*Sfo-8*, *Sfo-12*, *Sfo-18*, *Sco216*, *Sco218* et *Sfo269Lav*) ont été écartés, car ils n’ont pu être correctement amplifiés. Les produits PCR correspondant aux 20 *loci* restants ont été envoyés à la société GenoScreen (Lille, France) pour détermination des gammes de taille d’amplification. Les résultats obtenus ont permis de définir les multiplexes de microsatellites à marquer par fluorochromes. Cette méthode de multiplexage permet d’amplifier plusieurs *loci* microsatellites dans une seule réaction PCR et de réduire le nombre de PCR à réaliser. La création de ces multiplexes nécessite de connaître la gamme de taille dans laquelle chaque *locus* s’amplifie pour éviter les chevauchements d’amplification et des erreurs de génotypage. Parmi les 20 *loci* testés, plusieurs possédaient des gammes de taille similaires. Il a donc été décidé de sélectionner

douze d'entre eux, répartis en quatre multiplexes (Tableau 4). L'ensemble des échantillons ADNs a été amplifié pour chaque multiplexe selon la méthodologie décrite précédemment et les produits PCR obtenus ont été envoyés chez GenoScreen pour génotypage. Enfin, les résultats obtenus par chromatographie ont été analysés grâce au logiciel Geneious Prime 2023.1.2 (<https://www.geneious.com>).

Tableau 4. Détails des séquences d'amorces, de la température d'hybridation spécifique à l'amorce (Ta) en °C, de la taille des fragments (pb) et du fluorochrome ajouté pour les douze loci microsatellites utilisés dans cette étude.

Multiplexe	Nom	Séquences (5'-3')	Ta (°C)	Gamme de taille (pb)	Fluochrome
1	<i>Sfo C115</i>	F: 5'-CAGTTCTATCTCCAGGCAATC-3' R: 5'-TTCTGAAAGCACTCAACATGG-3'	55	219 - 307	6-FAM
	<i>Sfo308Lav</i>	F: 5'-CAGCAATGGGCTGAAGTAG-3' R: 5'-GTCACTGTGTGAATCCTCC-3'	55	316 - 376	ATTO532
	<i>Sfo D75</i>	F: 5'-GTAGGCCAACACAGGTAGAGC-3' R: 5'-CATCCTTATTCCAACCTCAATC-3'	55	167 - 223	ATTO565
2	<i>Sfo177Lav</i>	F: 5'-CGAATGTGGAGCTGAACGT-3' R: 5'-GGGTATTTGTACAATGGGT-3'	57	289 - 475	ATTO550
	<i>Sfo C38</i>	F: 5'-GTTGTGTTGCTTGTTGACTGG-3' R: 5'-TTACTGATTACAATTTGGACTGG-3'	57	141 - 150	6-FAM
	<i>Sfo C86</i>	F: 5'-ACCGATGGCCTTCAACAC-3' R: 5'-ATAGGCCCTACCTCAAACC-3'	57	106 - 124	ATTO565
	<i>Sfo B52</i>	F: 5'-GCACACGAAACCACTGATATTTC-3' R: 5'-TTGTCTTGGTGATTTCAGAGC-3'	60	170 - 230	ATTO532
3	<i>Sfo D100</i>	F: 5'-ACCTTGACCTGTACATCGTG-3' R: 5'-CAGACCTAGACTAAAGCATCCG-3'	60	208 - 252	6-FAM
	<i>Sfo D91</i>	F: 5'-AAATAACAACAATATGTGAGAAC-3' R: 5'-TATGCTGATATTGACTTTGG-3'	60	217 - 245	ATTO565
	<i>Sfo C88</i>	F: 5'-TAGCTCTGGTGGGAAATAATG-3' R: 5'-ATATCAGCCATAAGAGCTGGAG-3'	64	180 - 199	6-FAM
4	<i>Sfo C129</i>	F: 5'-AGTGGGTACAACATACCTTG-3' R: 5'-AGGTATTACACACCTCAGATTGG-3'	64	216 - 243	ATTO532
	<i>Sfo C113</i>	F: 5'-GGAGCCCAGACTATATTGACG-3' R: 5'-CCTTGAAGTCTTGCCAGATG-3'	64	120 - 159	ATTO565

TRANSCRIPTOMIQUE

Analyses moléculaires

Extraction de l'ARN

Pour chaque spécimen, les ARNs totaux ont été extraits à partir de 50 mg de foie et de 30 mg de branchie en utilisant la trousse d'extraction « RNeasy Fibrous Tissue » (Qiagen, Mississauga, Ontario). L'ensemble des étapes d'extraction a été conduit sur glace pour ne pas détériorer les ARNs. Chaque fragment a été placé dans un tube de 1,5 mL avant ajout de 600 µL de tampon de lyse et homogénéisation au sonicateur pour dissoudre les tissus et permettre l'extraction ARN. Les homogénats obtenus ont été centrifugés pour permettre le transfert du surnageant dans un nouveau tube stérile avant ajout de 700 µL d'éthanol 70% et transfert sur des mini-colonnes d'essorage possédant une membrane de silice. Un volume de 350 µL d'un premier tampon de lavage a ensuite été ajouté et centrifugé, suivi de l'ajout de 80 µL de DNase pour permettre la dégradation de l'ADN contenu dans chaque échantillon. Après un temps de pause de 15 min permettant à la DNase d'agir, 350 µL du même tampon de lavage a été additionné avant centrifugation pour permettre l'élimination de l'ADN et des contaminants et inhibiteurs enzymatiques. Deux phases de lavage ont ensuite été réalisées à partir de 500 µL d'un second tampon de lavage. Les ARNs ainsi purifiés ont été libérés de la membrane par ajout de 40 µL d'eau sans RNase.

La pureté, la qualité et la concentration en ARN ont été mesurées par électrophorèse sur gel d'agarose à 2,0 % et par détermination du rapport d'absorbance (A260/280 ; spectrophotomètre NanoVue Plus, GE Healthcare, Pittsburgh, PA, USA) à partir de 2 µL de chaque échantillon. Les rapports obtenus étaient compris entre 1,8 et 2,2, indiquant une bonne purification des ARNs. En fonction des concentrations ARNs obtenues, une normalisation à 200 ng /µL a été effectuée par ajout d'eau sans RNase. L'ensemble des échantillons a ensuite été conservé à -80°C jusqu'à la réalisation de la rétrotranscription de l'ARN.

Rétrotranscription de l'ARN

La conversion des ARNs extraits en ADNs complémentaires (ADNc) a été effectuée par rétrotranscription grâce à la trousse « Quantitect Reverse Transcription » (QIAGEN, Mississauga, ON, Canada) en suivant les recommandations du fournisseur. L'efficacité de la rétrotranscription a été vérifiée grâce à une PCR quantitative (qPCR). Les concentrations en ADNc ont été vérifiées à l'aide du spectrophotomètre Nanovue Plus et de la mesure du ratio d'absorbance (A260/280). Les rapports obtenus étaient compris entre 1,6 et 2,0, garantissant une bonne qualité des ADNc. La concentration en ADNc de chaque échantillon a été normalisée par dilution pour obtenir une concentration finale de 150 ng /µL et les échantillons ont été conservés à -20°C pour la suite des analyses.

Quantification de l'expression génique

Pour l'ensemble des échantillons d'ADNc, 10 µL de chaque échantillon a été envoyé au *Great Lakes Institute for Environmental Research* (GLIER) de l'université de Windsor (Ontario, Canada) pour réaliser des PCRs quantitatives en temps réel en utilisant les puces TaqMan OpenArray (Thermo Scientific, Burlington, ON, Canada). Chaque puce permet l'analyse simultanée de l'expression de 56 gènes (52 gènes candidats et 4 gènes de référence ; Annexe 5). Les amorces et les sondes des gènes sélectionnés employées provenaient d'une première version d'une puce de profilage transcriptomique conçue par l'équipe GEN-FISH et développée pour quatre genres de salmonidés (*Salmo*, *Oncorhynchus*, *Salvelinus* et *Coregonus*). Ces amorces et ces sondes ont été conçues grâce aux séquences génétiques d'espèces appartenant à ces différents genres disponibles sur GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank>) et alignées grâce au logiciel Geneious Prime v6.1.6. Les régions conservées des gènes cibles ont ensuite été conçues à l'aide du logiciel Primer Express® (v3.1).

CHAPITRE 1

L'OMBLE DE FONTAINE *SALVELINUS FONTINALIS* (MITCHILL, 1814), À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON : UNE REVUE

Cet article intitulé "*The brook trout Salvelinus fontinalis (Mitchill, 1814) in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago: a review*" a été publié dans la revue *Cybium* en novembre 2022 dans un numéro spécial portant sur Saint-Pierre-et-Miquelon (<https://doi.org/10.26028/cybium/2022-464-007>).

Cet article associe six auteurs : Julie Viana, Eve Briand, Loïc Perrin, Edgard Gustave, Céline Audet et Fabrice Teletchea. En tant que premier auteur, ma contribution pour ce travail a été de rédiger la première version de l'article en faisant la synthèse des informations compilées dans un rapport rédigé par Eve Briand, le second auteur et de la compléter par la définition des enjeux liés à l'élevage et à la domestication des poissons. Loïc Perrin et Edgard Gustave, troisième et quatrième auteurs, ont apporté leur aide à Eve Briand pour compiler tous les documents issus de la littérature grise et ont fourni les travaux les plus récents sur le suivi des populations d'omble de l'archipel. Céline Audet, cinquième auteur et co-directrice de recherche et Fabrice Teletchea, dernier auteur et co-directeur de recherche, ont fourni l'idée originale et ont contribué à la rédaction et la révision de l'article. Ces travaux ont été présentés au *1^{er} Congrès International des Sciences Aquatiques* à Saint-Pierre-et-Miquelon en octobre 2021, à la *Réunion Annuelle du RAQ* à Québec en novembre 2021, aux *8^{ème} Rencontre Ichtyologique de France* à Paris en mars 2022 et aux *Assises France-Québec de la mer* en juin 2022.

RÉSUMÉ

Nous présentons ici une synthèse des études locales et des essais d'élevage réalisés sur les populations sauvages d'omble de fontaine de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon (France). Nous avons retrouvé des dizaines de documents datant du début des années 1980 qui visaient à élucider leur biologie et leur écologie. Les différents niveaux d'anthropisation des îles ont été soulignés, Saint-Pierre étant l'île avec le plus haut niveau d'impacts humains sur les milieux aquatiques et Langlade, l'île la plus préservée. À partir des années 1980, l'ensemencement de certaines masses d'eau a été réalisé à Miquelon puis à Saint-Pierre, généralement par des bénévoles et principalement à des fins de repeuplement ou de développement de la pêche sportive. Au niveau écologique, l'étude des ombles de fontaine dans l'archipel a révélé une coexistence de populations résidentes et migratrices, ces dernières effectuant des déplacements entre les cours d'eau côtiers et l'océan ou au sein du système Mirande. L'archipel abrite également des populations d'ombles de fontaine aux caractéristiques morphologiques et phénotypiques particulières, comme celles de l'Anse à Ross, rappelant le capelan, ou celles des Voiles Blanches, marquées par une coloration très orangée ; des différences probablement dues aux spécificités des habitats et des ressources alimentaires. La présence de parasites a également été signalée. Ainsi, grâce au travail de nombreux passionnés parfois encadrés par des chercheurs extérieurs, des connaissances ont été acquises sur la biologie, l'écologie et l'élevage de cette espèce patrimoniale pour l'archipel. Enfin, des suggestions pour des travaux ultérieurs (*e.g.*, diversité génétique, connectivité, expression de gènes) ont été présentées.

THE BROOK TROUT *SALVELINUS FONTINALIS* (MITCHILL, 1814) IN THE SAINT-PIERRE AND MIQUELON ARCHIPELAGO: A REVIEW

VIANA Julie^{1,2}, BRIAND Eve¹, PERRIN Loic³, GUSTAVE Edgard¹, AUDET Céline² & TELETCHEA Fabrice*¹

¹ Université de Lorraine, INRAE, URAFPA, F-54000 Nancy, France.
eve.briand@hotmail.fr, edgard-7@live.fr, fabrice.teletchea@univ-lorraine.fr

² Institut des sciences de la mer de Rimouski, Université du Québec à Rimouski, Rimouski, Québec, Canada. julie.viana@uqar.ca, celine_audet@uqar.ca

³ Fédération Territoriale de Pêche de Saint-Pierre-et-Miquelon, Saint-Pierre, France.
loic.perrin@ftpspm.com

* Corresponding author

ABSTRACT

The French archipelago of Saint-Pierre and Miquelon (SPM) is located in eastern North America. Brook trout *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) is the key angling species in SPM's freshwater. Here we provide a synthesis of local studies and rearing trials performed on this fish. Dozens of documents were found dating back from the beginning of the 1980s that aimed to elucidate its biology and ecology. At that time, the first farming trials were conducted in Miquelon and then in Saint-Pierre, generally by volunteers, and mainly for restocking purposes or to develop sport fishing. As a result, thanks to the work of many enthusiasts occasionally supervised by outside researchers, knowledge was acquired on the biology, ecology and farming of brook trout on the archipelago. Finally, some suggestions for further works (*e.g.*, genetic diversity, connectivity and gene expression) are presented.

INTRODUCTION

Aquaculture is a growing economic activity worldwide, with an annual growth rate around 10% since the early 1980s (FAO, 2020). The increase in fish production is largely based on a few species, which have been introduced globally (Teletchea, 2016, 2019). However, introduction of non-native fish species is one of the major causes of biodiversity disruption (Teletchea & Beisel, 2018). For this reason, these practices are increasingly restricted or even prohibited in several European countries (Teletchea & Le Doré, 2011) and some regions of North America (Escobar *et al.*, 2018). A diversification of production by enhancing native species could allow the development of a more sustainable, resilient and better adapted aquaculture, targeting both conservation issues and economic development of territories (Fontaine & Teletchea, 2019). However, the concerns associated with such a practice must be taken into account because domestication can lead to introgression of wild populations and induce a loss of their adaptive diversity (Krueger & May, 1991; Carvalho, 1993; Barrett & Schluter, 2008; George *et al.*, 2009; Fraser *et al.*, 2011; Lutz *et al.*, 2021). To succeed when dealing with this issue, it is essential to build on the scientific knowledge acquired over the years (Teletchea, 2015, 2016).

In Saint-Pierre and Miquelon (SPM), a small French archipelago of 242 km² located 25 km southwest of the Canadian province of Newfoundland (Figure 17A), a project called OMBLESPM was launched in 2018 (<https://www.facebook.com/Omblespm>). This project aims to support the transition towards the development of an aquaculture and ecotourism activity around an emblematic species of the archipelago: the brook trout *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814). This salmonid, native to eastern North America (MacCrimmon & Campbell, 1969; Dutil & Power, 1980), is a symbol of the freshwater fishery of these islands and represents the central part of SPM's angling heritage. Thus, as part of this new project, a synthesis of the work and rearing trials conducted over the last few decades in the archipelago, was realized (Briand *et al.*, 2021).

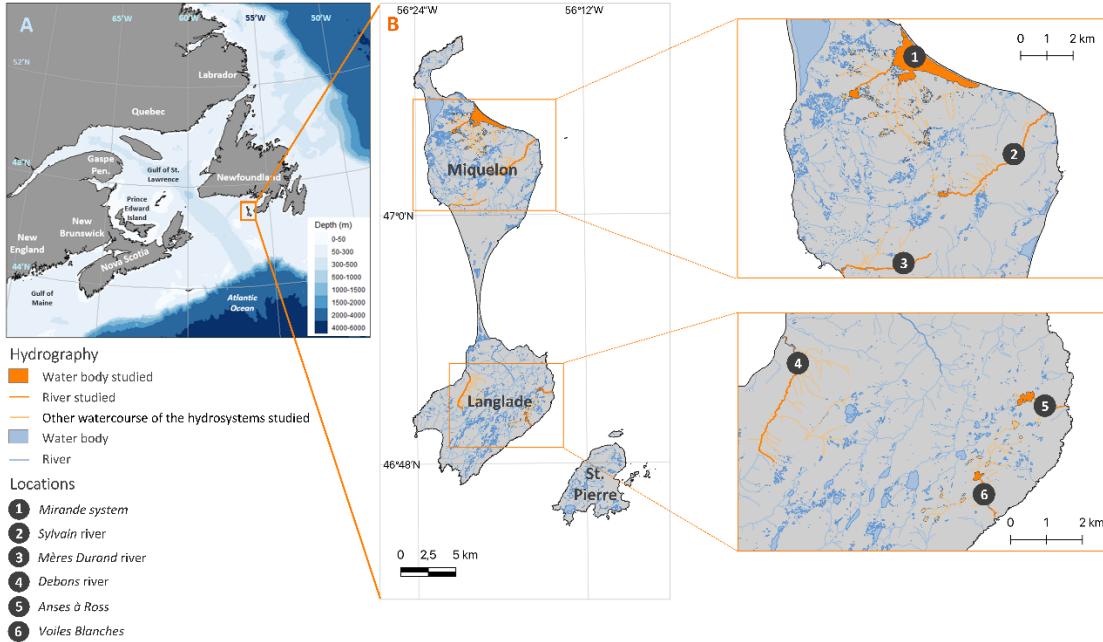


Figure 17. Geography of Saint-Pierre and Miquelon (SPM). **A:** Location of the SPM archipelago (France) relative to the coast of eastern Canada (box in the upper left). **B:** Main islands of SPM. Some water bodies mentioned in this review are shown (see the numbers in the legend).

The aims of this review are (*i*) to synthesize information on brook trout populations in SPM, (*ii*) to recall the history of aquaculture on the archipelago and to highlight the issues and challenges of the implementation of such a practice and (*iii*) to suggest some work that needs to be carried out to deepen the knowledge of these populations, which differ in several ways from other North American populations.

RECREATIONAL FISHING: A TRADITIONAL ACTIVITY IN THE ARCHIPELAGO

Historically, both angling and hunting are popular activities in the archipelago. Once a vital source of additional proteins, they remain today core recreational activities for the inhabitants of SPM. Even though brook trout is still a very popular species, a mention of depletion of the stocks, likely due to excessive fishing pressure (Champigneulle *et al.*, 2000;

Cloutier *et al.*, 2003; Gerdeaux, 2000) and/or parasitism (Preynat, 2013), has been suggested to have occurred in the past decades. To counter this possibility of depletion, stock enhancement from local hatcheries was attempted (see below). Also, the importation of eggs from genetically distinct populations, such as those from Canada, was performed until the end of 1980s. The eggs, originating from the *Alléghanys* fish farm (Philemon, Quebec), were raised in hatcheries and then released in several water bodies. However, this practice was discontinued when it was realized that it would lead to introgression of the native strains by an external strain (Müller, 2006). From 1979 on, eggs from spawners taken from the archipelago waters by electric fishing were used (Briand *et al.*, 2021), with the seeding done by fishing groups from 1982 on. In 1988, for example, 3,000 charr were purchased by the Miquelon fishing association and 1,000 for the Saint-Pierre/Langlade association. In 1990, a fish farm was set up by the *Joyeux Pêcheurs de Miquelon* to replace the one initiated by the *Association de Recherche pour le Développement de l'Aquaculture* (ARDA). From 1992 to 1997, the broodstock originated from *Terre-Grasse* (*Mirande*, Miquelon). The fry produced were then released in different rivers of the archipelago. On Saint-Pierre, another fish farm was created in 2000. It operated in a similar way and the broodstock came from the *Savoyard* and the *Goéland* rivers (Müller, 2006). Despite this attempt, and although fishing pressure appeared to have decreased (Figure 18), the stocks of brook trout still appear to be in poor condition due to multiple pressures (*e.g.*, degradation of the environment through roads and impoundments, parasitism, climate change), including fishing, which may still be too high to allow recovery.

During summer, angling is practiced by holders of a fishing licence, which also allows ice fishing during winter (Briand *et al.*, 2021). Since the 1990s, each year, it is up to the fishing associations to set up fishing regulations (Grant *et al.*, 2017), according to the recommendations made in the management plans elaborated by the *Fédération Territoriale des Pêches de Saint-Pierre-et-Miquelon* (FTPSPM). The FTPSPM then communicates these proposed regulations to each fisher holding a fishing licence. The opening and closing dates of the fishing season are indicated, as well as the sites where fishing is authorized, along with some associated restrictions, the species that can be fished with their bag and size limits, and

the gears that may be used. These regulations may vary according to the island and water body where the activity is practiced and can vary within a season. If it is impossible to set up permanent fishing reserves, renewable prefectoral decrees may however identify certain fishing sectors as reserves for a maximum period of five years (Claireaux, 2005).

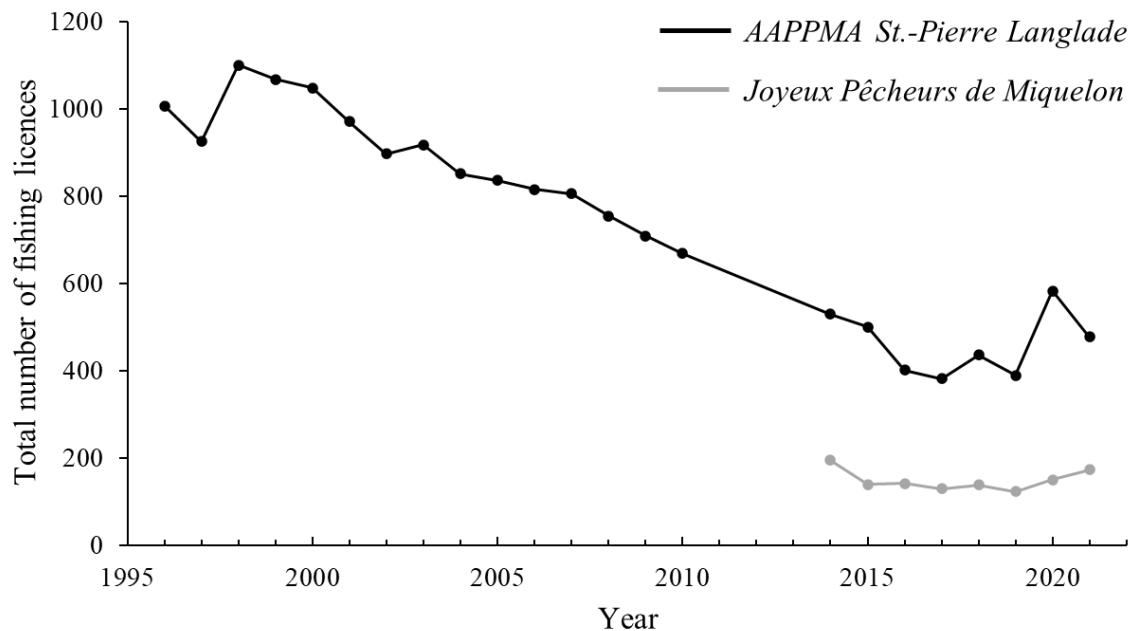


Figure 18. Annual evolution of the number of fishing licenses issued from 1996 to 2021 by the two fishing associations of the Saint-Pierre and Miquelon archipelago: the *AAPMA de Saint-Pierre-Langlade* (in black) and the *Association des Joyeux Pêcheurs de Miquelon* (in grey). No data are available from 2011 to 2013.

CHARACTERIZATION OF THE NATURAL BROOK TROUT POPULATIONS OF SAINT-PIERRE AND MIQUELON: AN OVERVIEW SINCE THE LATE 1980s

Biology and ecology

In the early 1980s, a sampling campaign was conducted in two major environments: the main courses of four small streams connected to the ocean and the tributaries of the *Grand Étang de Mirande* in Miquelon, where spawning occurs (Champigneulle *et al.*, 2000) (Figure 17B). Two main age groups of brook trout were found (late 0+ to early 1+ and early 2+ to > 2+). The average densities and biomasses appeared to be higher for the tributaries of the

Grand Étang de Mirande than the coastal streams sampled; also, a high variability in the sizes of brook trout of the same age was noted between these habitats. This work also demonstrated a habitat preference of 1+ individuals for deep areas with substantial vegetation cover and slow flow (< 10 cm.s⁻¹) during the winter period. In summer, on the other hand, no significant preference was detectable among these individuals. Finally, large brook trout (41.5 cm) aged 5+ were sampled at the mouth of the *Grand Étang de Mirande* and its tributaries indicated that the largest ponds of the archipelago may be good growth areas for the species.

Ecotypic variability and migratory dynamics

The study of the different ecotypes (Champigneulle *et al.*, 2000; Preynat, 2013), highlighted the presence of resident populations in fresh waters (ponds and tributaries) and anadromous populations in several streams (Figure 19). For the latter ecotype, two forms of migration were observed: between coastal streams and the ocean (Figure 20A) and within the *Mirande* system (Figure 20B). For the coastal streams, the anadromous individuals stayed a few months at sea, from May to September, and the return to fresh water, essential for spawning, does not necessarily involve the natal stream; however, the fraction of spawners that fail to return to their natal stream still remains to be estimated. Similar trends were observed in brook trout populations outside the archipelago, although the timing and periods of marine residency vary (Dutil & Power, 1980; Naiman *et al.*, 1987; Montgomery *et al.*, 1990; Lenormand *et al.*, 2004; Curry *et al.*, 2006). For example, in Prince Edward Island, in the Gulf of St. Lawrence (Figure 17A), another island in Eastern Canada, seaward movements of anadromous brook trout were observed throughout the year with a peak during the months of October to December, while the return to freshwater of these individuals occurred from April to early July (Smith & Saunders, 1958). This marine migration is thought to be an advantage for access to richer food resource areas and thus growth, which is also positively correlated with the reproductive success of individuals (Blanchfield & Ridgway, 1999).



Figure 19. Ecotypic diversity of brook trout populations in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago; two individuals fished in the *Mère Durand* River (see location in Figure 11B). **Above:** anadromous ecotype; **Below:** resident ecotype (©: Edgard Gustave).

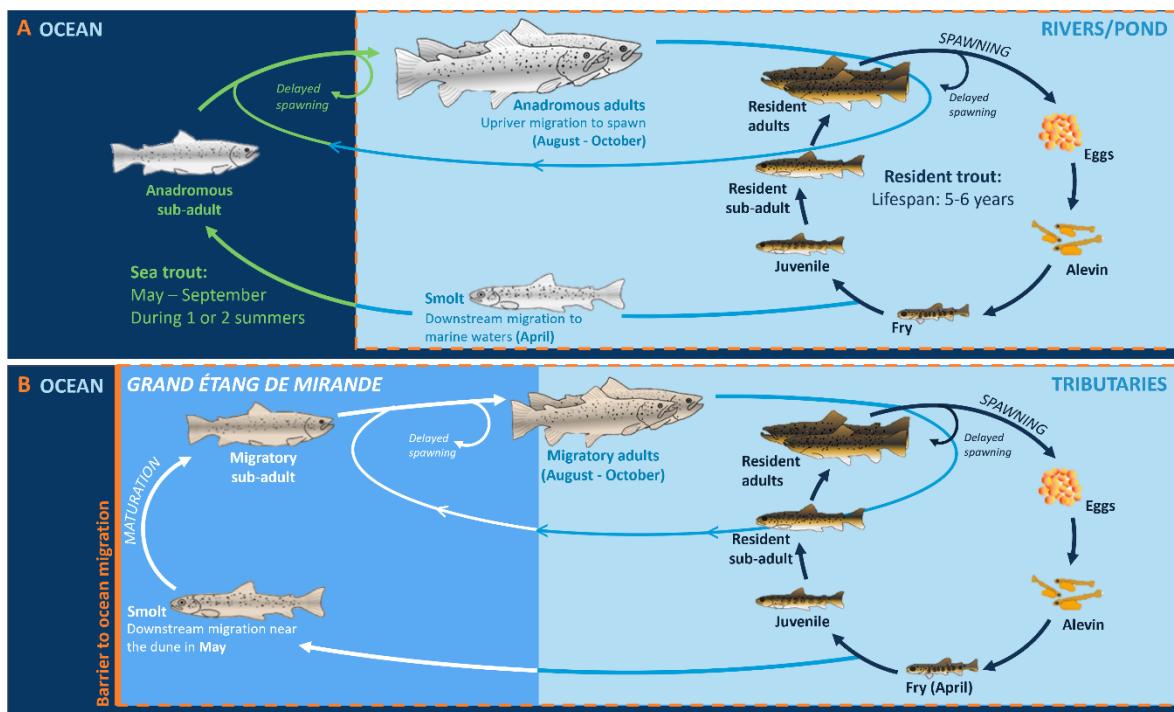


Figure 20. Ecotypic diversity of brook trout populations in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago. **A:** Life cycle of anadromous and resident freshwater brook trout in the coastal ponds and streams of the archipelago. **B:** Life cycle of migratory and resident freshwater brook trout in the *Mirande* system. Green (A) and white (B) arrows show movements in the marine environment (A) or the *Grand Étang de Mirande* (B). The blue arrows (light and dark) correspond to movements in the rivers/ponds (A) or tributaries of the *Mirande* (B).

The second type of migration concerns the *Grand Étang de Mirande* system. In 1960, the construction of a road led to the closure of the main pond, which was previously connected to the ocean. The anadromous individuals were then no longer able to migrate to the sea. The surveys conducted in 2000 and in 2013 within the *Mirande* system (Figure 20B) showed a concentration of brook trout along the barrier beach during the spring (end of April), including some individuals with a ‘pre-smolt’ appearance. These individuals were recaptured in May near the same area, and they had a silvered coat, a feature of the smoltification process that normally precedes the passage into salt water. At the end of August and until the end of October, the return migration to the tributaries of the majority of brook trout occurred. The females, less numerous than the males, were captured at the beginning of the migration phase, indicative of a spawning migration into the *Mirande* system. This spawning period, which reached its peak from the end of September to the beginning of October, was followed by the return of the spawners to the pond, with an earlier return of females than males.

Overall, it seems that many rivers have insufficient or no reliable spawning areas. When conditions are optimal for reproduction, females establish nests in the gravel of well oxygenated stream sections, while the males compete to fertilize the eggs. In the rivers of the archipelago, favourable conditions are not always met, and some brook trout seem to have adapted, by depositing their gametes on gravel beds in lacustrine environments (Chapuis, 2011). There could also be a genetic component to this observed phenotypic variation. However, no experimental test of this hypothesis has been performed so far. Other ecosystems in SPM are characterized by brook trout populations with particularities: the *Anse à Ross* has brook trout that are morphologically roughly similar to capelin (*Mallotus villosus*), while the *Voiles Blanches* are characterized by brook trout populations with a strongly orange coloration (Figure 17B). These phenotypes are likely the consequence of different habitat characteristics and food resources (Saito & Regier, 1971; Meyers, 1994; Rainville *et al.*, 2021).

Issues associated with parasitism

The annual survey of brook trout populations in the archipelago, initiated in 2010 with the creation of the *Comité de Pêche et Protection des Milieux Aquatiques* (CCPMA), aims at assessing parasite load and their impacts, in particular, the Blackspot parasite *Posthodiplostomum cuticola* (Preynat, 2013). This parasite, which has fish-eating birds as its final hosts, uses brook trout as its last intermediate host (Ondračková *et al.*, 2004). The presence of cormorants *Phalacrocorax carbo* in the Mirande pond is a concern for the transmission of the Blackspot to other bodies of water in the archipelago (Kanarek & Zalešny, 2014; Briand *et al.*, 2021). Nevertheless, even though its presence has often been reported, little seems to be known about its transmission and its effects on local brook trout populations. A second parasite present in SPM, *Salmincola edwardsii* (Olsson 1869), is known to affect fish of the genus *Salvelinus* and particularly brook trout (Hoffman, 1967; Margolis & Arthur, 1979; Conley & Curtis, 1994). It is commonly found on fins, and the gills of its fish host (Kabata, 1969).

DIVERSITY OF AQUATIC ENVIRONMENTS IN THE ARCHIPELAGO

Saint-Pierre and Miquelon, despite its small size, possesses a variety of aquatic ecosystems (Durand, 2021). At the end of the 20th century, these ecosystems are generally in good health (Gerdeaux, 2000). The few exceptions concern highly impacted rivers that would require restoration work for their connectivity and diversification of flow facies to be restored (Durand, 2021). Although not exhaustive, studies conducted on the archipelago tend to show that brook trout populations in ponds subject to anthropogenic pressures are much less abundant than in areas where such disturbances are restricted or absent (Cloutier *et al.*, 2003).

In Saint-Pierre, which is the most populated island, habitat degradation is considered the most worrying (Durand, 2021; Gerdeaux, 2000). All water bodies and watercourses are to an extent disturbed by human activities (*e.g.*, urbanization, destabilization of the banks, pollution linked to economic activities, dams preventing the upstream migration of

anadromous brook trout during spawning periods; Drogue *et al.*, 2021; Durand, 2021; Gustave, 2021). The presence of parasites is also a problem for the brook trout populations on this island.

In Miquelon, fishing pressure and the presence of logjams seem to be the main reasons for the overall decline observed in the brook trout populations (Briand *et al.*, 2021). Indeed, although woody debris can help the productivity of salmonid populations by offering suitable fish habitat (Warren & Kraft, 2003; Abbe & Brooks, 2011), they can also represent an obstacle to the return of migratory individuals (Ligon *et al.*, 1995; Pess *et al.*, 2008). The *Sylvain* River (Figure 17B), in particular, had to be closed to fishing in 2000 because of the excessive decline in brook trout catches, even though this stream seems to offer very favourable habitats for the species (Gerdeaux, 2000).

Finally, Langlade is the least impacted, even though some water bodies, such as the *Debons* River (Figure 17B), have been strongly modified by anthropogenic activities that results, in some places, in blocking the migratory pathways of brook trout.

AQUACULTURE TRIALS

At the end of the 1980s, an aquaculture project, initiated by ARDA with the technical assistance of the *Institut Scientifique et Technique des Pêches Maritimes* (ISTPM, since became Ifremer, see Forest, 2022), resulted in the establishment of an experimental farm in Miquelon. The structures using freshwater included a hatchery, located on the *Renard* River, and grow-out and overwintering located in the vicinity of the *Carcasse de l'ouest* River (Figure 21). The *Renard* River was selected because of its year-round accessibility and its slope, which was sufficient for a gravity-fed water supply. For the saltwater stage, the *Grand Étang de Miquelon* (Figure 21) appeared to be the most suitable for floating cages. This lagoon, which connects to the sea via a narrow opening, had the necessary characteristics for the rearing of salmonids: it is subject to the influence of the tides and has a salinity varying

from 24 to 32.5%, depending on the area and the seasons, which allows for good growth of brook trout (Champigneulle *et al.*, 1983).

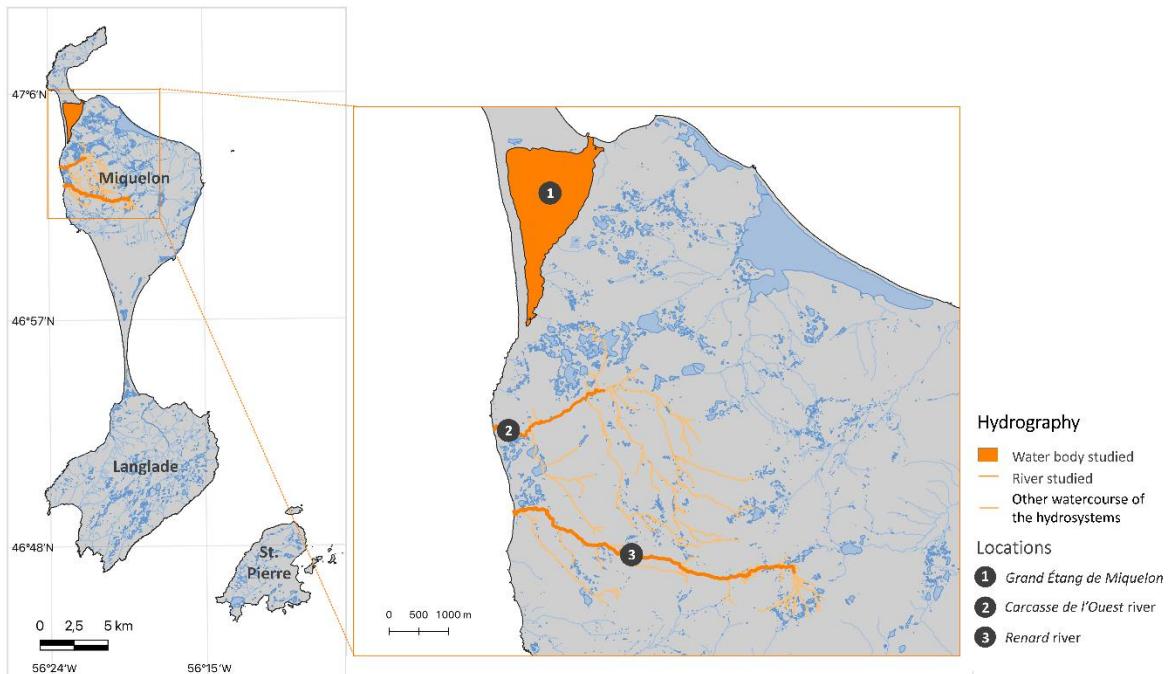


Figure 21. Locations of the three hydrographic systems used for the aquaculture project initiated by the *Association de Recherche pour le Développement de l’Aquaculture* (ARDA) and the *Institut Scientifique et Technique des Pêches Maritimes* (ISTPM) at the end of the 1980s in Saint-Pierre and Miquelon.

Various studies were carried out to develop farming, notably on the suitability of different stocking densities and on growth (by scalimetry), and migrations related to the possibility of ‘sea ranching.’ Besides brook trout, two other salmonids, Atlantic salmon (*Salmo salar*) and rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) were tested, the latter being nonnative to the archipelago. The aim of these studies was to allow the establishment of a local production of salmonids, both for human consumption (for the three species) and restocking brook trout in potentially deficient environments (Champigneulle *et al.*, 1983).

However, numerous difficulties were encountered (*e.g.*, the archipelago’s distance from markets in Canada and metropolitan France, difficult climatic conditions, limited technical and human resources, significant mortality of the stocks) which put an end to this

initiative, and all activities ceased in 1989. For brook trout, trials were abandoned early because this species, while well adapted to local conditions, was considered to have low potential for the production of large fish (Puyo, 1982). Other initiatives were launched in Saint-Pierre (see Briand *et al.*, 2021 for more details) for restocking, but each of them was eventually abandoned due to difficulties encountered similar to those of the first project carried out by ARDA.

Domestication: contribution and issues of the practice for stocking purposes

Stocking captive-reared individuals has been a common management practice since the late 19th century (U.S. Commission of Fish and Fisheries, 1888; Olla *et al.*, 1998; Östergren *et al.*, 2021) . This practice is one of the most widespread fisheries management strategies in North America (Halverson, 2008) to offset the impacts of anthropogenic disturbances (*e.g.*, dams, overexploitation, habitat degradation) and global change on natural populations (Jackson *et al.*, 2004; Létourneau *et al.*, 2018). Stocking can meet different objectives ranging from improving recreational fisheries to supporting natural populations (Näslund, 2021). The implementation of a restocking using captive-bred (and even domesticated) fish may have negative consequences because these specimens are used to an environment without predators, diseases or parasites, and a high food supply (Näslund, 2021).

However, given current and future anthropogenic pressures, it is very likely that restocking, despite its drawbacks, will continue (Young *et al.*, 2016; Näslund, 2021). It is therefore important to consider the difficulties of acclimatization of the reintroduced specimens to ensure the success of the restocking program.

Domestication corresponds to a long-term process allowing the progressive adaptation of captive animals to humans and to the captive conditions (Teletchea, 2015). These conditions, however, differ from those in the natural environment, and individuals under domestication selection may thus develop different behavioural, physiological, morphological, and genetic traits compared to individuals growing in the wild (Einium & Fleming, 2001; Johnsson *et al.*, 2014; Jonsson & Jonsson, 2014; Christie *et al.*, 2016; Wringe

et al., 2016; Gering *et al.*, 2019). Captive (domesticated) strains develop traits that are favourable for a controlled aquaculture environment, which are not necessarily adapted to a natural environment (Araki *et al.*, 2008; Islam *et al.*, 2020; Solberg *et al.*, 2020). The release of captive/domesticated animals into the wild could therefore produce deleterious effects on wild populations regardless of the intended purpose of the stocking (Mittelbach *et al.*, 2014). For example, exposure of domesticated individuals to fishing practice disturbances, coupled with the absence of the food source typically used in aquaculture, could make them less likely to take bait, negating the value of seeding to enhance recreational fishing (Koeck *et al.*, 2019).

Added to this is the problem of strains selected during domestication process. They too often originate from source populations that are genetically divergent from the wild populations they are meant to support (Humston *et al.*, 2012; Bruce *et al.*, 2018; Kazyak *et al.*, 2018; White *et al.*, 2018). These hatchery strains are unlikely to share the same local adaptations as the wild populations affected by stocking (Fraser *et al.*, 2011). Yet, natural freshwater fish populations often have low genetic diversity and high local adaptation in response to long reproductive isolation (Lamphere & Blum, 2012). The use of a non-adapted domesticated strain could therefore disrupt local adaptations in wild populations through introgression and lead to homogenization of the regional gene pool. This would compromise the ability of populations to persist under varying environmental conditions (Barrett & Schluter, 2008; George *et al.*, 2009; Glover *et al.*, 2017; Lutz *et al.*, 2021), reducing the resilience of metapopulations (Krueger & May, 1991; Carvalho, 1993).

The implementation of a restocking program for brook trout in Saint-Pierre and Miquelon therefore requires a real dialogue on the aims of the project, as numerous studies conducted on this species have revealed important genetic and ecological differences (*e.g.*, survival, growth, diet) between wild and introduced populations (Wesner *et al.*, 2011; Annett *et al.*, 2012; Humston *et al.*, 2012). This highlights the importance of correctly identifying the donor population that will be farmed and subsequent restocking process and considering the rearing conditions of the brood stock that will be used (Näslund, 2021). Attention to diversity in trait expression among domesticated individuals could also increase post-release

success (Watters & Meehan, 2007; Cordero-Rivera, 2017). Prior exposure of domesticated individuals to conditions similar to the environment in which they will be introduced (Tetzlaff *et al.*, 2019) could increase the likelihood of adaptation and survival of these individuals. Time spent in captivity will also need to be minimized to limit the effects of domestication (Teletchea, 2017). The goal should be to breed individuals with morphological, physiological, genetic, and behavioural phenotypes as close as possible to those expressed by the wild population to be supported (Lorenzen *et al.*, 2012; Daly *et al.*, 2020). Finally, it is crucial not to view domestication as the only answer to declines in wild populations. This solution can only be viable if coupled with projects to restore the physical, chemical, and hydrological habitat used by these populations (Wohl *et al.*, 2015) and the implementation of regulations on fishing practice.

NEW PERSPECTIVES TO BETTER UNDERSTAND THE NATURAL BROOK TROUT POPULATIONS OF SAINT-PIERRE AND MIQUELON

The only “administrative European” indigenous brook trout are found in Saint-Pierre and Miquelon (Langlois, 2021), and their management and long-term conservation present different challenges. In particular, global warming could lead to a 50 to 100% decline in brook trout abundance by 2100 throughout their native range (EPA, 2015). It is important to deepen current knowledge on these populations and this is one of the objectives of the OMBLESPM project. Significant adaptive diversity is usually found in small populations, despite their vulnerability to genetic and demographic stochasticity (Gilpin & Soulé, 1986). Witnesses of past climatic changes in North America (Magnan *et al.*, 2002), they may have been through numerous evolutionary processes which resulted in the morphological, ecological and genetic plasticity expressed by the species. The management of these small populations is therefore an essential measure for the safeguard of the species (Segelbacher *et al.*, 2021). The Mirande system, in particular, may be ideal to document morphs differentiation (Salisbury & Ruzzante, 2022) and the effects of anthropogenic pressures on migration patterns.

Future issues for research will therefore focus on the characterization of brook trout populations in the three main islands to evaluate their degree of connectivity and their adaptive potential. To achieve this, further studies at three geographic levels: islands, rivers, and location within these rivers are proposed. The first step will be to define the genetic diversity and structures between the three main islands. Curry *et al.* (2006) have shown that salinity may restrict coastal movements of brook trout, which could therefore limit migratory movements between the three main islands. Finally, the influence of habitat characteristics and local environmental conditions will be studied on the gene flow and isolation of brook trout populations within the archipelago to determine the dominant environmental forces influencing the structure of the populations and how this is reflected in terms of phenotypic plasticity. Such information will highlight environmental variables to prioritize in habitat restoration efforts (Castric *et al.*, 2001; Bradbury *et al.*, 2014; Hargrove *et al.*, 2022).

ACKNOWLEDGEMENTS

Thank you to all persons that kindly exchanged with Eve Briand about the work performed on this species in the archipelago. These data are invaluable. This work was supported by the *Fondation de France* and European BEST project (BEST2.0+-2020-PO-86). Julie Viana has a PhD grant from *Institut France-Québec Maritime* (IFQM). The authors thank two anonymous reviewers for their useful comments.

CHAPITRE 2

STRUCTURE GÉNÉTIQUE À FINE ÉCHELLE DES PETITES POPULATIONS DE POISSONS DANS LES ÎLES : LE CAS DE L'OMBLE DE FONTAINE *SALVELINUS FONTINALIS* (MITCHILL, 1814) À SAINT-PIERRE-ET- MIQUELON

Cet article, intitulé "Fine-Scale Genetic Structure of Small Fish Populations in Islands: The Case of Brook Charr *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) in Saint-Pierre and Miquelon (France)", présente les résultats associés au deuxième objectif de thèse et a été réalisé à l'Université de Lorraine (Nancy, France). Il a été publié dans la revue *Evolutionary Applications* en janvier 2025 (<https://doi.org/10.1111/eva.70041>).

Cet article associe quatre auteurs : Julie Viana, Guillaume Evanno, Céline Audet et Fabrice Teletchea. En tant que premier auteur, ma contribution fut l'essentiel de l'état de l'art, la mise au point de la méthodologie, l'échantillonnage de terrain, les analyses en laboratoire, les statistiques et la rédaction de la première version de l'article. Guillaume Evanno, le second auteur, a contribué aux analyses statistiques et à la révision de l'article. Céline Audet et Fabrice Teletchea, troisième et dernier auteur respectivement, ont contribué à la planification du terrain, à la rédaction et à la révision de l'article.

Une version abrégée de cet article a été présentée au *3^{ème} Congrès International des Sciences Aquatiques* à Saint-Pierre-et-Miquelon en octobre 2023, à la *Réunion Annuelle du RAQ* à Québec en novembre 2023, à la *Journée scientifique de l'école doctorale SIRENA* en visioconférence en mars 2024 et au *World Fisheries Congress* à Seattle (États-Unis) en mars 2024.

RÉSUMÉ

Le dernier plan de gestion piscicole mis en place sur l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon a été réalisé en 2013. Néanmoins, aucune étude scientifique pour définir l'état actuel de ces populations et proposer des mesures de gestion qui permettent leur persistance à long terme n'avait été réalisée préalablement à la préparation de ce plan de gestion. L'objectif de ce travail était de déterminer la variabilité génétique contemporaine chez cette espèce, pour discuter de la vulnérabilité de ces petites populations face aux pressions environnementales et anthropiques et apporter des informations essentielles à leur sauvegarde. Nous avons étudié la diversité et la structure de ces populations en génotypant dix *loci* microsatellites chez 244 individus à trois échelles spatiales : les îles, les hydrosystèmes et les sites à l'intérieur de ces hydrosystèmes. Nous avons mis en évidence une variabilité génétique limitée dans l'archipel, avec une diversité génétique particulièrement faible dans une île, Langlade. Une différence significative dans la richesse allélique a également été détectée entre les trois îles, indiquant une différence dans la composition génétique à travers l'archipel, probablement induite par des actions historiques d'ensemencements. Enfin, une forte structure génétique a été détectée dans l'archipel entre les hydrosystèmes (F_{ST} global = 0,19) et même au sein de plusieurs d'entre eux. La présence d'un flux génétique inter-îles prédominant, combinée à un isolement génétique complet de certains hydrosystèmes, suggère que cette structure génétique contemporaine est le résultat à la fois de processus démographiques naturels au cours de la colonisation postglaciaire de l'espèce et d'actions récentes de repeuplement. Cette étude propose que les populations isolées, avec de faibles niveaux de diversité et une forte consanguinité, fassent l'objet d'une protection prioritaire.

FINE-SCALE GENETIC STRUCTURE OF SMALL FISH POPULATIONS IN ISLANDS: THE CASE OF BROOK CHARR *SALVELINUS FONTINALIS* (MITCHILL, 1814) IN SAINT-PIERRE AND MIQUELON

Julie Viana^{1,2*}, Guillaume Evanno³, Céline Audet² & Fabrice Teletchea^{1,4}

¹ Université de Lorraine, Laboratoire Animal et Agroécosystèmes - L2A, EA 3998, USC INRAE 340, 54506 Vandœuvre-Lès-Nancy, France. julie.viana@uqar.ca

² Institut des sciences de la mer de Rimouski, Université du Québec à Rimouski, Rimouski, Québec, Canada. celine_audet@uqar.ca

³ DECOD (Ecosystem Dynamics and Sustainability), INRAE, Institut Agro, IFREMER, Rennes, France. guillaume.evanno@inrae.fr

⁴ Université de Lorraine, UMR CNRS 7360, LIEC, Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux, Nancy, France. fabrice.teletchea@univ-lorraine.fr

* Corresponding author

ABSTRACT

Island ecosystems, particularly vulnerable to environmental challenges, host many endangered native species. Diadromous fish, in particular, are threatened throughout their marine and freshwater habitats. The conservation of these species requires an in-depth understanding of their genetic diversity and structure, to better understand their adaptive potential. We investigated fine-scale population diversity and structure in native brook charr *Salvelinus fontinalis* by genotyping ten microsatellite loci in 244 individuals at three spatial scales in Saint-Pierre and Miquelon, France. We found limited genetic variability across the archipelago, with particularly low genetic diversity in one island, Langlade. A significant difference in allelic richness was also detected among the three islands, indicating a difference in genetic composition across the archipelago, probably induced by historical stocking actions on both Saint-Pierre and Miquelon. Finally, a strong genetic structure was

detected across the archipelago among hydrosystems (overall $F_{ST} = 0.19$) and even within several of them. The presence of predominant inter-island gene flow combined with complete genetic isolation from certain hydrosystems, suggests that this contemporary genetic structure is the result of both natural demographic processes during the species postglacial colonization, and recent restocking actions. The complex genetic structure of such isolated brook charr subpopulations highlights the importance of considering fine-scale genetic structure in conservation management.

INTRODUCTION

The persistence of populations in changing environments is directly correlated with genetic diversity (Dobzhansky, 1955; Kardos *et al.*, 2021). This variability constitutes an essential reservoir for evolutionary processes including natural selection (Saccheri *et al.*, 1998; Labonne *et al.*, 2016). On islands, populations generally originate from a small number of founder individuals, which, by adapting to unique environmental conditions, may evolve toward endemic island forms (White & Searle, 2007). The low number of founder individuals, coupled with small population size, makes such populations more vulnerable and more sensitive to demographic and environmental stochasticity compared to continental conspecific populations (Gilpin & Soulé, 1986; White & Searle, 2007; Bernatchez, 2016). Accordingly, their genetic diversity is strongly influenced by both genetic drift and migration limitations (Kaprالova *et al.*, 2011). The existence of sufficient gene flow among such small populations may, however, enable them to persist. Assessing connectivity patterns should therefore be a conservation priority, particularly for small island populations (Tian *et al.*, 2022; Ash *et al.*, 2023).

Brook charr *Salvelinus fontinalis* (Mitchill 1814) is an emblematic salmonid of North America, present in almost every type of cold-water habitats, from streams and rivers to lakes and nearshore marine environments (Behnke, 1972). It is one of the most popular fish for recreational fishing (Quigley, 2015) and a good indicator of habitat quality (Dutil & Power, 1980). In recent decades, a general decline in wild populations has been documented (Hudy

et al., 2008; Stranko *et al.*, 2008; EPA, 2015), chiefly due to habitat degradation (*e.g.*, deforestation, fragmentation), overfishing, introduction of non-native competitors or parasitism (Ryther, 1997; Miller *et al.*, 2016; Caputo *et al.*, 2017). The decline is set to worsen in coming years due to climate change (Jeppesen *et al.*, 2015; Al-Ghussain, 2019; Alfonso *et al.*, 2021), which may overwhelm the adaptive response capacity of these organisms (Bassar *et al.*, 2016; Lynch *et al.*, 2016; Poesch *et al.*, 2016).

The native range of brook charr extends from the southern Appalachians to the northern Canadian Maritimes and west to the Hudson Bay watershed (MacCrimmon & Campbell, 1969; Dutil & Power, 1980). This distribution and the current genetic structure result from the retreat of ice caps at the end of the last major glacial episode in North America (McPhail & Lindsey, 1986; Dyke & Prest, 1987; Pielou, 1991; Hewitt, 1996). The anadromy potential of this species is thought to have played a major role in the recolonisation of North American rivers. This ancestral trait is expressed as soon as the habitat is connected to the ocean (Curry *et al.*, 2010). A freshwater resident form may appear and it is now possible to observe allopatric resident populations as well as sympatric resident and anadromous populations (Perry *et al.*, 2005a; Thériault *et al.*, 2007; Wilson *et al.*, 2008). The brook charr ranks among the most highly genetically structured animal species (Gyllenstein, 1985; Ward *et al.*, 1994; Castric *et al.*, 2001), with most of its genetic variance partitioned among major drainage (Ferguson *et al.*, 1991; Perkins *et al.*, 1993; Danzmann & Ihssen, 1995; Angers & Bernatchez, 1998).

Saint-Pierre and Miquelon is a French archipelago located 25 km southwest of the Canadian province of Newfoundland (Teletchea, 2022), and constitutes the easternmost limit of the brook charr native range (Viana *et al.*, 2022). Postglacial recolonisation of the region by this species is thought to have taken place from a glacial refuge along the southeast coast of Newfoundland, known as the Acadian Refuge (Schmidt, 1986). Since 2000s, a strong decline of the archipelago populations has been observed (Champigneulle *et al.*, 2000; Gerdeaux, 2000; Cloutier *et al.*, 2003; Preynat, 2013). Brook charr from Saint-Pierre and Miquelon could either be resident or anadromous but connectivity among hydrosystems has

never been investigated (Viana *et al.*, 2022). Up to now, there has been no scientifically based management of these populations. Brook charr is the only species with an angling interest among the seven diadromous fish inhabiting this archipelago (Denys *et al.*, 2022). Quotas are set for recreational fisheries, but they do not seem to be based on any solid scientific foundation even though some rules have been established over time (Briand *et al.*, 2021). Besides, there were some stocking activities without taking into account neither the source population nor the localization of stockings (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022). For these reasons, the genetic integrity of the different populations is unknown.

In this study, we aimed at evaluating for the first time ever, the genetic diversity and population genetic structure of the brook charr in Saint-Pierre and Miquelon using microsatellite markers at three spatial scales: islands, rivers, and positions within these rivers. This data should provide key information to support future management and conservation actions of these small populations.

METHODS

Study sites and sample collection

We selected 11 hydrosystems belonging to distinct watershed distributed across the three main islands of the archipelago (Figure 22). In Miquelon, the first site was *Mirande* pond, previously open to the ocean, but closed by a road construction in the 1960s (Briand *et al.*, 2021). The three other hydrosystems targeted on this island (*Carcasse de l'ouest*, *Sylvain* and *Bellevue*) could be considered relatively pristine. Langlade is the wildest island (human population only during spring and summer) hosting fish that seem to have developed unique characteristics: *Anse à Ross*, small individuals; *Voiles Blanches*, colourful individuals; *Debons*, the largest yearly captures; and *Maquine*, a very isolated site (Briand *et al.*, 2021). On Saint-Pierre, the smallest and most impacted island by human activities, several hydrosystems have been strongly modified (*e.g.*, dams or modifications of watersheds), which prevents the upstream migration of anadromous brook charr. The three sampled hydrosystems were *Savoyard* (dam in the upstream part of the hydrosystem), *Thélot* (two

former hydroelectric dams), and *Cap au diable* (isolated sites due to an insurmountable waterfall close to the coastal area; Figure 22).

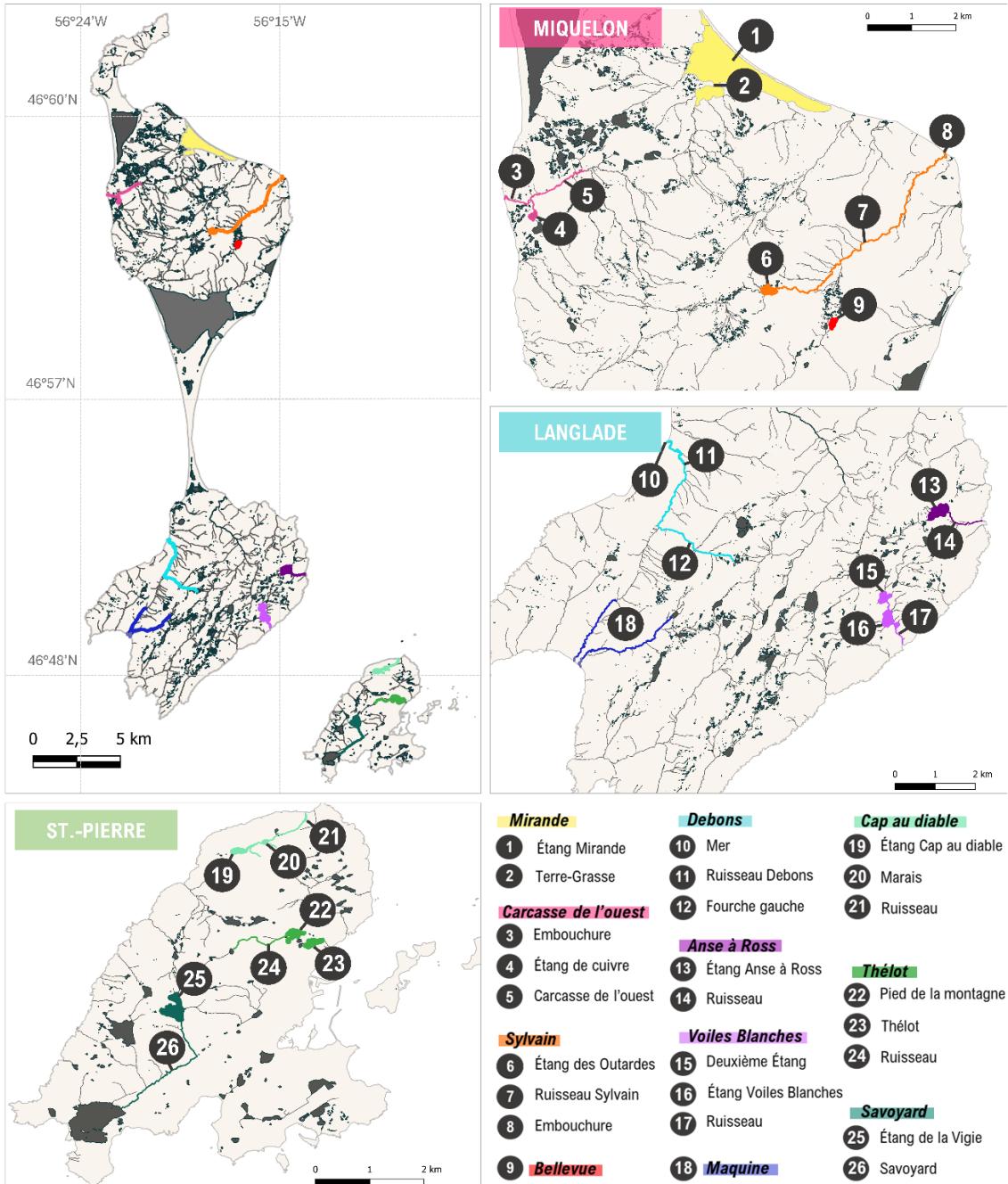


Figure 22. Saint-Pierre-and-Miquelon, France. The 11 hydrosystems studied are shown in color in the insets of their respective islands. The sites sampled within each hydrosystem are numbered from 1 to 26. The names of each hydrosystem and site are detailed in the legend at the bottom right.

We aimed to capture a total of 30 individuals per hydrosystems (ten in the upstream part, ten in the median part, and ten in the estuarine part) by electrofishing or traditional angling techniques (*i.e.*, cork, spinner or whip fishing). Fish captures were performed in each targeted sampled area so that we cover the entire area as much as possible.

Captures were made according to CCAC (UQAR CPA-89-22-246) and to the prefectoral permit (no. 349). Following the capture, fish were anesthetized with eugenol 100% (Lotus Aroma, Sainte-Julie, QC, Canada), and killed by sectioning the spinal cord. Tissues were sampled for further molecular analyses. The adipose fin was cut and preserved in 95% ethanol.

DNA extraction and genotyping

Genomic DNA was extracted from 2 mm of fin tissue using the QIAGEN “DNeasy Blood and tissue” kit (Qiagen, Hilden, Germany). The extractions were carried out according to the manufacturer recommendations by adjusting the elution volume to 100 µL. After preliminary tests on amplification, twelve microsatellite *loci* were kept (*Sfo177Lav*, *Sfo308Lav*; Perry *et al.*, 2005b and *SfoB52*, *SfoC38*, *SfoC86*, *SfoC88*, *SfoC113*, *SfoC115*, *SfoC129*, *SfoD75*, *SfoD91*, *SfoD100*; King *et al.*, 2012), and amplified using fluorescently labelled primers (6-FAM, ATTO 532, ATTO 550, ATTO 565, Applied Biosystems). Microsatellite primer sequences are provided in Table S1. Polymerase chain reactions (PCR) were performed using the QIAGEN “Type-it Microsatellite PCR” kit (Qiagen, Hilden, Germany). Amplifications were carried out as follows: 5 min at 95°C, followed by 40 cycles of 30 s at 95°C, 1 min 30 s at optimal annealing temperature, 30 s at 72°C and final extension for 30 min at 60°C. *Loci* were combined in four multiplexes according to their size range and primer annealing temperature (T_a) to perform PCR (Tableau 4). PCR products were run through 2.0% agarose gel to test the success of amplification and sent to GenoScreen (Lille, France) for genotyping. Allele sizes were determined by Geneious Prime 2023.1.2 software (<https://www.geneious.com>). Missing data represented less than 1% of the total data set so all individuals were considered for analyses.

Genetic diversity

The presence of null alleles and large allelic dropouts were evaluated using MICRO-CHECKER v.2.2.3 (Oosterhout *et al.*, 2004). A *loci*-pair approach implemented in Genepop v4.0 (Rousset, 2008) was used to determine the *loci* involved in potential linkage disequilibrium (*LD*).

Genetic diversity, including estimates of expected (H_E) and observed (H_o) heterozygosity, was calculated for each hydrosystem using GENETIX v.4.05 software (Belkir *et al.*, 1996). Measures of the allelic richness (Ar), inbreeding coefficient (F_{IS} ; Weir & Cockerham, 1984) and tests for Hardy-Weinberg disequilibrium (3000 permutations) were calculated in each hydrosystem using FSTAT v2.9.4 (Goudet, 2003). We also compared the allelic richness among the islands (Ar), using FSTAT with 5000 permutations. When a high number of full-sibling relationships were detected in a given hydrosystem (see below), diversity indices were recalculated by excluding related individuals to determine their influence on these estimates.

Kinship

To compare the level of relatedness (R) among islands we used an estimator strictly equivalent to Queller and Goodnight (1989) implemented in FSTAT (Goudet, 2003). The significance of the comparison was assessed based on 5 000 permutations. At a finer scale, we computed kinship relationships within each hydrosystem using COLONY v2.0.6.6 (Jones & Wang, 2010). This program used the full maximum likelihood approach to assign individuals to full-siblings or half-siblings. For this analysis, a conservative genotyping error of 5% was used. The multinomial *a priori* was implemented to reduce the risk of non- or weakly related individuals being falsely detected, which is recommended when both sexes are polygamous as in brook charr (Wang, 2004).

Population genetic structure

A Bayesian clustering approach was performed using STRUCTURE v.2.3.4 software (Pritchard *et al.*, 2000) to identify the number of genetically distinct clusters (K) and for inferring admixture. For each value of K , ten iterations were run to assess the convergence of the likelihood with a burn-in period of 100 000 followed by 100 000 iterations for values of $K = 1$ through 11. Each simulation was performed with an ancestry model incorporating admixture, a model of correlated allele frequencies, and without prior population information. To determine the highest hierarchical level of genetic structure in the data set, the average likelihood value for each K and the ΔK curve were analyzed using Evanno's method (Evanno *et al.*, 2005) implemented in STRUCTURE HARVESTER (Earl & vonHoldt, 2012). In addition, a Discriminant Principal Component Analysis (DAPC) was performed using the R *adegenet* package (Jombart, 2008) to assess the optimal number of genetic clusters, based on the α -score and considering the island where each individual was sampled. This method differs from STRUCTURE analyses in that it does not rely on criteria like Hardy-Weinberg equilibrium or LD to delineate genetic clusters. It can therefore be more effective in identifying genetic clines and hierarchical structure (Jombart *et al.*, 2010).

To analyze the hierarchical structure we performed an Analysis of Molecular Variance (AMOVA) using ARLEQUIN 3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010). This analysis allowed partitioning the genetic variability at different spatial scales: among islands, between hydrosystems within islands and within hydrosystems. In addition, an overall estimate of F_{ST} (θ) among the eleven hydrosystems was calculated using FSTAT v.2.9.4 (Weir & Cockerham, 1984). Pairwise F_{ST} were computed with GENETIX v.4.05 software (Belkhir *et al.*, 1996) using the W&C estimator for inter-island and inter-hydrosystem analyses. The Robertson and Hill estimator corrected by Raufaste and Bonhomme (RH') was used for within-hydrosystem comparisons because of the small size of populations at this scale. Indeed, the RH' estimator is more accurate at detecting genetic differentiation in very small populations, for which genetic drift is generally stronger and genetic differentiation weaker (Raufaste & Bonhomme, 2000). All p -values were assessed based on 3000 permutations.

An isolation by distance (IBD) analysis was carried out using the “*vegan*” package of R software (Oksanen *et al.*, 2024), using pairwise F_{ST} values among hydrosystems and the coastal distance between the mouths of the rivers studied. The IBD model was analyzed using linear regression of $F_{ST}/1-F_{ST}$ as a function of log (distance) following the method of Rousset (1997).

RESULTS

Overall, 244 brook charr were collected in Saint-Pierre ($n = 75$), Miquelon ($n = 79$), and Langlade ($n = 90$) from May to August 2022 (Table 5).

Genetic variability

Evidence of null alleles or large allele dropouts was detected for two *loci* (*SfoC88* and *Sfo177Lav*) with MICRO-CHECKER analyses hence those *loci* were discarded for further analyses. Linkage disequilibria were also detected in four hydrosystems (Annexe 6). As none of these *loci* showed a recurrence of linkage disequilibrium in all hydrosystems, all ten *loci* were kept for further analyses.

A total of 92 alleles over the ten microsatellite *loci* was found in the full data set. The most diverse *locus* (*Sfo308Lav*) had 18 alleles and the least diverse (*SfoC38*) had 4. Expected and observed heterozygosity (H_E and H_O) were moderate (mean $H_E = 0.424$; mean $H_O = 0.407$), from $H_E = 0.191$ and $H_O = 0.177$ in *Voiles Blanches* to $H_E = 0.559$ and $H_O = 0.550$ in *Savoyard* (Table 5). Similarly, the highest allelic richness was found in the *Savoyard* hydrosystem in Saint-Pierre ($Ar = 4.887$), and the lowest in the *Anse à Ross* hydrosystem in Langlade ($Ar = 1.796$; Table 5). F_{IS} estimates were positive in all hydrosystems (mean = 0.07, from 0.02 to 0.15) and significant in three of them (Table 5). Overall, comparison of allelic richness among islands revealed populations sampled in Saint-Pierre displayed significantly higher levels of allelic richness, followed by those in Miquelon and then Langlade ($Ar_{St.-Pierre} = 4.39$; $Ar_{Miquelon} = 3.33$; $Ar_{Langlade} = 2.58$; $p < 0.05$). Three hydrosystems showed a significant number of full sibs (see kinship results below). Computing the diversity

indices by excluding those individuals revealed minor changes in these estimates (Table 5), hence all individuals were retained for further analyses.

Table 5. Estimated genetic diversity for the brook charr populations of Saint-Pierre and Miquelon, including sample size (N), expected (H_E) and observed (H_O) heterozygosity, allelic richness (Ar) and Wright's inbreeding coefficient (F_{IS}). Significant F_{IS} values are indicated by an asterisk (*: $p < 0.05$; **: $p < 0.005$). Genetic diversity indices for *Bellevue* (Miquelon), *Voiles Blanches* and *Anse à Ross* (Langlade) shown in bold and in parentheses correspond to those calculated without related individuals (see Method section).

Island (N)	Hydrosystem (N)	Station (N)	H_E	H_O	Ar	F_{IS}
Saint-Pierre (75)	<i>Cap au diable</i> (26)	Étang du Cap au diable (10)				
		Marais (10)	0.503	0.504	4.16	0.02
		Ruisseau (6)				
	<i>Thélot</i> (29)	Pied de la montagne (9)				
		Thélot (10)	0.544	0.545	4.12	0.02
		Ruisseau (10)				
	<i>Savoyard</i> (20)	Étang de la Vigie (10)	0.559	0.550	4.89	0.04
		Savoyard (10)				
	<i>Mirande</i> (20)	Étang Mirande (10)	0.456	0.412	3.49	0.12*
		Terre-Grasse (10)				
Miquelon (79)	<i>Carcasse de l'ouest</i> (19)	Embouchure (6)				
		Étang de cuivre (3)	0.472	0.425	3.74	0.13**
		Carcasse de l'ouest (10)				
	<i>Sylvain</i> (30)	Étang des Outardes (10)				
		Ruisseau Sylvain (10)	0.508	0.494	3.68	0.05
		Embouchure (10)				
	<i>Bellevue</i> (10- 8)		0.321	0.330	2.40	0.02
			(0.343)	(0.338)	(2.40)	(0.08)
	<i>Debons</i> (28)	Mer (9)				
		Ruisseau Debons (10)	0.400	0.461	3.72	0.15**
		Fourche gauche (10)				
Langlade (90)	<i>Anse à Ross</i> (20- 14)	Étang Anse à Ross (10)	0.239	0.228	1.80	0.07
		Ruisseau (10)	(0.265)	(0.248)	(1.77)	(0.10)
	<i>Voiles Blanches</i> (26- 18)	Deuxième Étang (10)	0.191	0.177	1.86	0.09
		Étang Voiles Blanches (10)	(0.223)	(0.217)	(1.89)	(0.06)
		Ruisseau (7)				
	<i>Maquine</i> (16)		0.414	0.412	2.95	0.04

Kinship

The relatedness differed among islands as brook charr from Langlade were significantly more related to each other than in Miquelon and Saint-Pierre ($R_{St.-Pierre} = 0.05$; $R_{Miquelon} = 0.19$; $R_{Langlade} = 0.51$; p -value < 0.05). Analyses with COLONY revealed few full

sibling relationships (5 relationships; Table 6) except in three hydrosystems: *Bellevue* (Miquelon), *Voiles Blanches* and *Anse à Ross* (Langlade) where 6, 31 and 21 such relationships were detected respectively (Table 6).

Table 6. Results of the COLONY analysis of sibling relationships of Saint-Pierre and Miquelon brook charr according to their hydrosystems. (*N*) indicates the number of different individuals involved in the relationships; values indicate the number of full sibling relationships detected within and among sampling locations. Half sibling relationships are indicated by an asterisk.

Locations (<i>N</i>)	CCO (2)	BLL (4)	DB (4)	AR (12)	VB (20)	MQ (4)	SVY (1)	CAP (1)
Carcasse de l'Ouest (CCO, Miq.)	1							
Bellevue (BLL, Miq.)	-	6						
Debons (DB, Lang.)	-	-	2					
Anse à Ross (AR, Lang.)	-	-	-	21				
Voiles Blanches (VB, Lang.)	-	-	-	-	31			
Maquine (MQ, Lang.)	-	-	-	-	-	2		
Savoyard (SVY, Lang.)	-	-	-	-	-	-	-	
Cap au diable (CAP, St.-P.)	-	-	-	-	-	-	1*	-

Note: the sum of the sibling relationships can be larger than the sample sizes as individuals can have sibling relationships with more than one other individual.

Abbreviations: Lang.: Langlade ; Miq.: Miquelon; St.-P.: Saint-Pierre.

Population structure among hydrosystems and between islands

The highest level of genetic structure detected by STRUCTURE was $K = 4$ with two clusters corresponding roughly to Saint-Pierre and Miquelon islands, whereas the Langlade Island displayed two distinct clusters, and some individuals assigned to the Miquelon cluster (Figure 23; Annexe 7).

The AMOVA analysis revealed that only 2.56% of the total variance was attributed to (non-significant) differences among islands (Table 7) even if three genetic clusters were clearly highlighted by the DAPC analysis (Figure 24). The proportion of the variance explained by differences among hydrosystems within the islands was high (17.66%; Table 7) but most of the total genetic variance was found within hydrosystems (79.78%; Table 7).

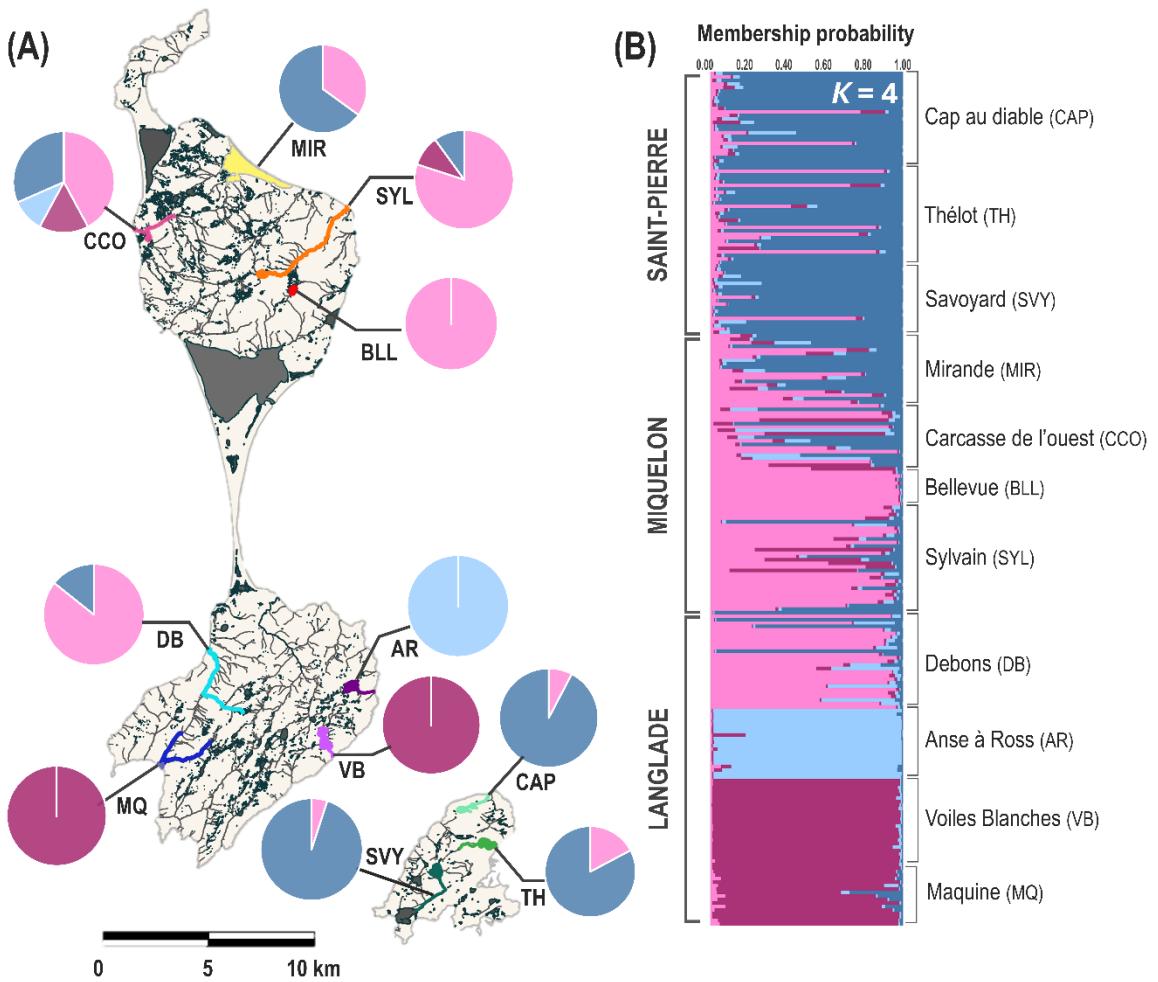


Figure 23. (A) Mapping charts of estimated group membership coefficients for all hydrosystems studied. Hydrosystem acronyms are shown next to the corresponding bar plot. Details of the acronyms are available on the STRUCTURE bar plots. (B) The colors correspond to the STRUCTURE bar plots obtained for all individuals as a function of their sampling hydrosystem for $K = 4$.

Table 7. AMOVA analysis with partitioning of genetic variance among islands, among hydrosystems within islands and within hydrosystems.

Source of variation	Degree of freedom	Sum of squares	Components of variance	Percentage of variation
Among islands	2	69.41	0.06	2.56 ^{NS}
Among hydrosystems within islands	8	180.00	0.47	17.66***
Within hydrosystems	477	1041.5	2.18	79.78 ***

Abbreviation: NS, not significant.

*** $p < 0.0001$.

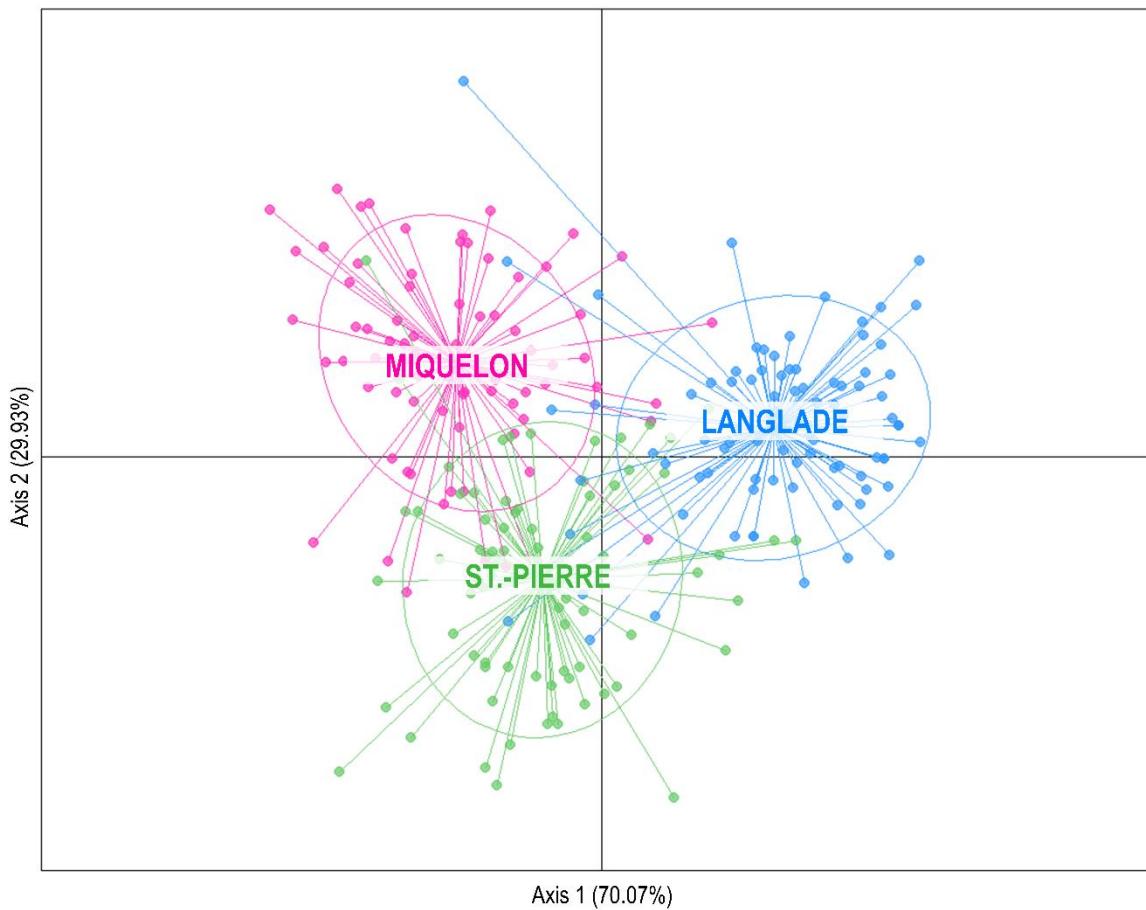


Figure 24. Ordination plots of Discriminant Principal Component Analysis (DAPC) comparing all individuals included in the study according to their island retaining 20 principal components. Inferred genetic clusters corresponding to each sampled island are shown using colors and inertia ellipses. Each dot represents an individual fish. The percentage of variance explained is indicated below each axis in parentheses.

Accordingly, the level of genetic differentiation between brook charr from the three islands was moderate with pairwise F_{ST} of 0.06 between Saint-Pierre and Miquelon, and between Miquelon and Langlade, to above 0.09 between Saint-Pierre and Langlade ($p < 0.0001$, Figure 25).

The overall F_{ST} (θ) among hydrosystems was high: 0.19 (95% CI: 0.15 – 0.24; pairwise F_{ST} : 0.01 to 0.57; Figure 25). Four hydrosystems from Langlade were highly differentiated from the others: *Bellevue Pond*, *Voiles Blanches*, *Anse à Ross*, and *Maquine*

(Figure 25). Finally, no pattern of isolation by distance was detected among hydrosystems ($p = 0.786$; Annexe 8).

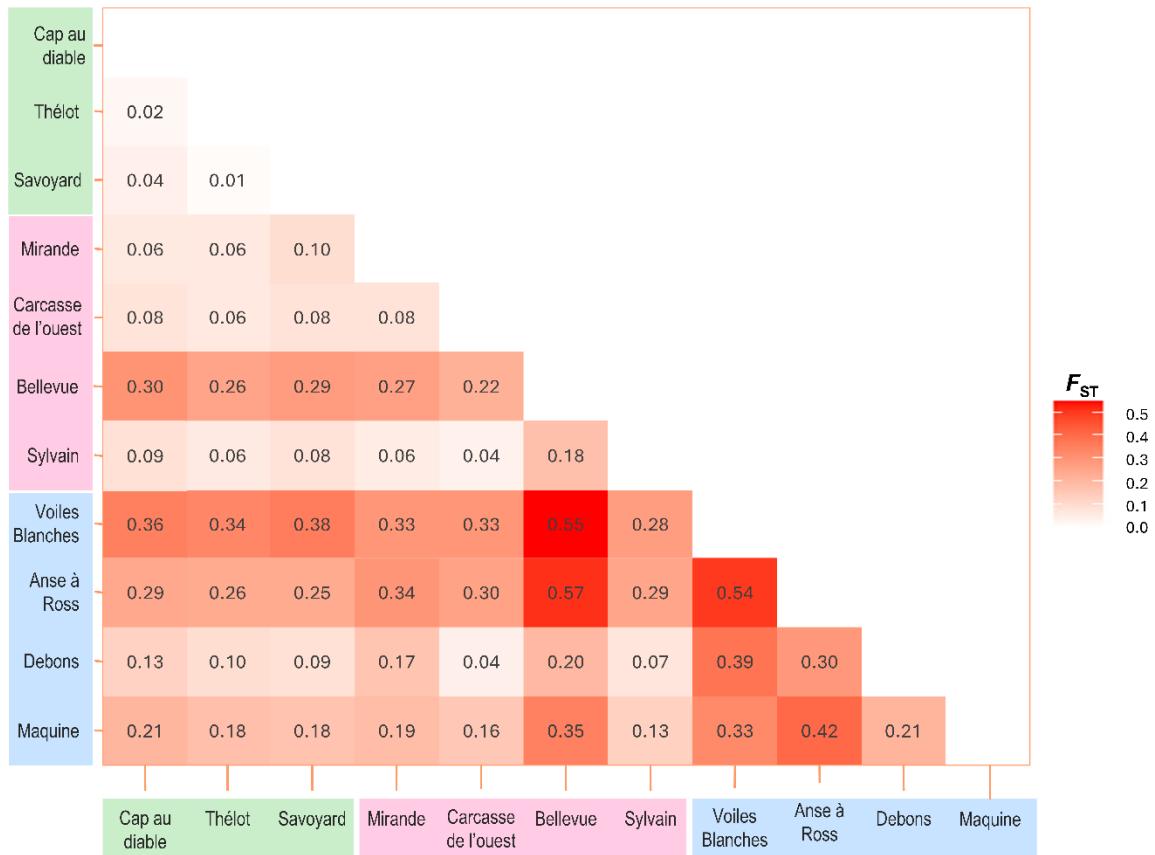


Figure 25. Pairwise F_{ST} values among all hydrosystems studied, calculated using Weir and Cockerham's unbiased F_{ST} estimator. All values presented here are significant ($p < 0.05$).

Population structure within hydrosystems

A significant genetic structure was detected within three hydrosystems: *Sylvain* (Miquelon), *Cap au diable* and *Thélot* (Saint-Pierre). In *Sylvain*, genetic differentiation was observed between *Étang des Outardes*, located upstream of the hydrosystem, and the river (median portion; $F_{ST} = 0.08$, $p < 0.05$), and between *Étang des Outardes* and the estuary sampling site, with an F_{ST} of 0.06 ($p < 0.05$). In *Cap au diable*, the marsh (middle section of the hydrosystem) and the river (downstream part) populations were differentiated, with an F_{ST} of 0.08 ($p < 0.05$). In *Thélot*, an F_{ST} of 0.06 ($p < 0.05$) was found between populations

from the middle part called *Étang du Pied de la Montagne* and the river (upstream of the hydrosystem).

DISCUSSION

The aim of this study was to assess the diversity and genetic structure of Saint-Pierre and Miquelon brook charr at three spatial scales to determine contemporary genetic connectivity and discuss the possible vulnerability of these small, isolated populations to climate change and other anthropogenic disturbances. Overall, we found 1) a limited genetic variability with significant differences among the three islands: the highest allelic richness was detected in the smallest island of Saint-Pierre and the lowest diversity in Langlade, and 2) a high genetic structure across all spatial scales: among islands, hydrosystems and even within hydrosystems despite the small size of Saint-Pierre and Miquelon archipelago.

Different levels of genetic diversity among islands

The average level of expected heterozygosity in these brook charr populations is in the lower portion of the spectrum of variability observed throughout the northeastern range (Angers & Bernatchez, 1998, $H_E = 0.762$; Adams & Hutchings, 2003, $H_E = 0.690$; Rogers & Curry, 2004, $H_E = 0.775$; Poissant *et al.*, 2005, $H_E = 0.380$; Pilgrim *et al.*, 2012, $H_E = 0.620$); yet such comparisons should be taken with caution, because we analyzed a different panel of microsatellite markers than the ones used in the former studies. Heterozygosity and allelic richness levels were particularly low in Langlade as well as in one hydrosystem of Miquelon (*Bellevue*). Accordingly, the highest level of relatedness was found in Langlade, especially in *Anse à Ross* and *Voiles Blanches* hydrosystems. These patterns of low diversity and high relatedness suggest low population size. These populations are also highly differentiated from other hydrosystems, indicating a low connectivity probably due to environmental factors.

The hydrosystems of *Mirande*, *Carcasse de l'ouest* (Miquelon), and *Debons* (Langlade), also show some degree of inbreeding, even though several of them have a connection to the ocean that could, in principle, allow potential exchanges with other populations. These significant F_{IS} values may also be explained by a Wahlund effect due to some sub-structure within those hydrosystems in relation to our sampling scheme in two or three sampling sites.

Overall, these results show a strong influence of genetic drift in probably small populations, which might reduce the effectiveness of natural selection (Ferchaud *et al.*, 2020).

The significant difference in allelic richness found among the three islands reflects significant variations in genetic composition across the archipelago, with higher allelic richness in Saint-Pierre, followed by Miquelon. This result might be due to historical stocking activities in the archipelago, which were conducted mainly in these two islands; in Miquelon, stocking was carried out until 1997 using broodstock originating from *Terre-Grasse* (*Mirande*), while on Saint-Pierre, fry production lasted at least until 2012, using broodstock from *Savoyard* and *Goéland* ponds (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022). Several studies carried out on brook charr populations in the southern Appalachians or in North Carolina have documented a higher genetic variation in stocked populations following the introduction of individuals from other spatially close wild populations (Létourneau *et al.*, 2018; Gossieaux *et al.*, 2019; White *et al.*, 2023; Smith *et al.*, 2024). In comparison, the Langlade populations were probably much less affected by these actions, which could explain their lower allelic richness. In addition, most of the hydrosystems in Langlade are unable to accommodate anadromous brook charr upstream.

Significant genetic structure among islands

The most striking result of this study is the occurrence of genetic structure at each spatial scale evaluated, including among the three islands. Each island is separated from the others by the marine environment: Saint-Pierre and Langlade are separated by an inlet 6 km

wide and over 50 m deep, Miquelon and Langlade are linked only by a sandy isthmus, with no freshwater habitat, and the distance between Saint-Pierre and Miquelon is more than double that between Saint-Pierre and Langlade (Cerema & DTAM, 2018). A significant genetic differentiation was therefore expected, as the species has a limited dispersal ability at sea (Castonguay *et al.*, 1982; O'Connell, 1982; Castric & Bernatchez, 2003). For example, Curry *et al.* (2006) studied the seasonal movements of anadromous brook charr populations in the Laval River (Quebec) for one year using acoustic telemetry. They showed that the movements of individuals were restricted to coastal areas (< 500m from shore), in shallow areas (< 1.7 m), and that the species high co-tolerance to temperature and salinity was involved in the dispersal capacity and current distribution of populations (Curry *et al.*, 2006).

These limited dispersal capacities in the marine environment suggest that contemporary gene flow could mainly be the result of recent anthropogenic actions (*i.e.*, stocking) rather than natural dispersal.

Variable levels of connectivity among hydrosystems

At the hydrosystem level, a significant genetic structure was observed, with F_{ST} similar to those of other brook charr populations in the east of their range (Angers & Bernatchez, 1998, $F_{ST} = 0.37$; Hébert *et al.*, 2000, $F_{ST} = 0.19$; Castric *et al.*, 2001, $F_{ST} = 0.22$; Castric & Bernatchez, 2003, $F_{ST} = 0.11$; Pilgrim *et al.*, 2012, $F_{ST} = 0.14$). This moderate structure indicates restricted gene flow, and it would be interesting to assess the impact of environmental and geographical parameters on the genetic differentiation of these populations.

A significant proportion of the overall genetic variation can be attributed to differences among hydrosystems (AMOVA results). As each of these hydrosystems is integrated into a distinct watershed, this result probably reflects the history of the species postglacial recolonization of the archipelago from the Acadian refugium. The importance of watersheds in the differentiation and genetic structuring of brook charr populations has

already been highlighted in previous studies (Perkins *et al.*, 1993; Danzmann *et al.*, 1998; Castric *et al.*, 2001; Kazyak *et al.*, 2018). Bruce *et al.* (2019), in particular, examined the spatial genetic structure of brook charr collected from 18 distinct watersheds in the Northeastern United States using 13 microsatellite *loci*. As here, they showed a strong subdivision of populations across different watersheds, with a significant proportion of overall genetic variation attributable to watershed boundaries or major drainage basins, reflecting the postglacial recolonization phase of these populations *via* oceanic routes (Bruce *et al.*, 2019).

Of the different clusters identified with STRUCTURE, two are located in Langlade (*i.e.*, *Anse à Ross*, *Voiles Blanches* and *Maquine* hydroystems) and are not admixed with other clusters, which indicates that the dispersal from other hydroystems is very low or non-existent. In fact, these three hydroystems are linked to the ocean by impassable waterfalls, preventing the natural return of fish to reproduce. Several studies have shown that physical barriers limit gene flow of brook charr (Poissant *et al.*, 2005; Torterotot *et al.*, 2014; Kelson *et al.*, 2015; Timm *et al.*, 2016; Nathan *et al.*, 2017), affecting the genetic connectivity of populations residing in different river systems. For instance, Gomez-Uchida *et al.* (2009) by studying the effects of landscape factors on neutral divergence and gene flow in brook charr in *Gros Morne* National Park (Newfoundland, Canada) have demonstrated the influence of waterfalls on genetic diversity and divergence between populations above and below them.

The clusters of Miquelon and Saint-Pierre are highly admixed which suggests an impact of stocking. In particular, the *Mirande* hydroystem in Miquelon is strongly admixed with the main cluster of Saint-Pierre, which makes sense given that the majority of strains used for restocking come from Saint-Pierre, and *Mirande* has been the subject of several restocking actions using these strains (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022).

Genetic differences within hydrosystems

Significant genetic differences were found within three of the archipelago hydrosystems: *Cap au Diable*, *Thélot* (Saint-Pierre) and *Sylvain* (Miquelon). At *Cap au Diable* and *Thélot*, genetic differentiation was found between freshwater habitats. At *Cap au Diable*, this includes a marsh (median portion) and a downstream river that flows into the ocean via an impassable waterfall. At *Thélot*, genetic differentiation was found between the upstream river and the median pond. In *Sylvain*, genetic differentiation was observed between brook charr located in a pond upstream and in the median part of the hydrosystem, as well as between this upstream pond and the most downstream site.

The brook charr is one of the most genetically structured animal species (Gyllensten, 1985; Ward *et al.*, 1994; Castric *et al.*, 2001). This may be explained by biological characteristics (*e.g.*, fidelity to the spawning site, low dispersion, phenotypes; Castonguay *et al.*, 1982; Castric and Bernatchez, 2003; Wilson *et al.*, 2008), the history of postglacial recolonization (Dyke & Prest, 1987; Pielou, 1991; Hewitt, 1996), and natural or anthropogenic habitat fragmentations (Pépino *et al.*, 2012). Observations of very fine-scale structuring have already been demonstrated in other native populations of the species (Angers & Bernatchez, 1998; Angers *et al.*, 1999). Hébert *et al.* (2000) studied the influence of hydrographic structure on the genetic organization of 24 brook charr populations from three Canadian national parks (Kouchibouguac, Fundy and Forillon). They showed that each of them mated non-randomly, even when they were in the same watershed and sometimes only a few kilometers apart, less than 5 km (Hébert *et al.*, 2000). These results, and those of our study, therefore, show that native populations of freshwater resident brook charr can develop distinct reproductive units even at a small spatial scale, which may have strong implications for their management (*e.g.*, regulation, protecting the genetic integrity of reproduction units).

CONCLUSION

Our results highlight a complex pattern of genetic structure among brook charr populations in a tiny archipelago. The lack of a clear pattern of isolation by distance, combined with predominantly inter-island gene flow and complete genetic isolation of some hydrosystems, suggest that this contemporary genetic structure is primarily the result of natural demographic processes during the species postglacial colonization altered by recent stocking actions.

It is crucial to integrate these results into future management decisions. The populations showing both isolation and low levels of diversity, as well as their associated habitats, should be protected in priority and restocking should be restricted as much as possible to preserve the local adaptive potential of this very important angling species in Saint-Pierre and Miquelon.

ACKNOWLEDGEMENTS

We are grateful to all colleagues who provided technical and scientific assistance in the field and the laboratory. Special thanks to the *Fédération Territoriale des Pêches de Saint-Pierre-et-Miquelon*, particularly Loïc Perrin, and several anglers for providing fishing equipment and invaluable help with sampling. Special thanks to Camille Levard, a local high school student and two-month intern on the project. This research was supported by the *Fondation de France*, the *Institut France-Québec Maritime* (IFQM), the European BEST project (BEST2.0+-2020-PO-86) and the *Ressources Aquatiques Québec* (RAQ) research network (*Regroupement stratégique, Fonds de Recherche du Québec Nature et Technologies*, grant no. 2020-RS4-265329).

CHAPITRE 3

PROFILAGE PHÉNOTYPIQUE DES POPULATIONS SAUVAGES D'OMBLE DE FONTAINE *SALVELINUS FONTINALIS* (MITCHILL, 1814) DE SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON À L'AIDE DE PUCES TRANSCRIPTOMIQUES

Ce dernier chapitre est écrit sous forme de dissertation et sera traduit pour publication après le dépôt de cette thèse. Les six auteurs sont : Julie Viana, Carol Best, Analisa Lazaro-Côté, Kenneth Jeffries, Fabrice Teletchea et Céline Audet. Il a été réalisé au sein de l’Institut des Sciences de la Mer (Rimouski, QC). En tant que premier auteur, ma contribution fut l’essentiel de l’état de l’art, la mise au point de la méthodologie, les prélèvements de terrain, les analyses en laboratoire, les statistiques, ainsi que la première version de ce chapitre. Carol Best, Analisa Lazaro-Côté et Kenneth Jeffries (deuxième, troisième et quatrième auteurs, respectivement) ont contribué au développement des puces transcriptomiques multi-espèces d’eau douce du projet GEN-FISH porté par le consortium *Genome Canada*. Fabrice Teletchea, cinquième auteur, a contribué à l’idée originale, la planification du terrain et la révision de l’article. Céline Audet, dernier auteur, a fourni l’idée originale et a contribué à la planification du terrain, au bon déroulement de la phase d’analyse en laboratoire et d’obtention des résultats, ainsi qu’à la rédaction et la révision de ce chapitre.

Une version abrégée de ce chapitre de thèse a été présentée à la *3^{ème} Assemblée Générale Annuelle GEN-FISH* en visioconférence en décembre 2023 et au *3^{ème} Congrès International des Sciences Aquatiques* à Saint-Pierre-et-Miquelon en octobre 2023.

RÉSUMÉ

Cette étude examine la variabilité transcriptomique des ombles de fontaine dans l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon en comparant les profils d'expression génique entre les îles et les hydrosystèmes intra-îles. Les résultats montrent des différences significatives, suggérant des réponses phénotypiques adaptées aux conditions environnementales spécifiques. À Saint-Pierre, une surexpression de gènes liés à la détoxicification et au stress oxydatif est observée, possiblement en réponse à une pollution anthropique accrue. À Langlade, l'expression de gènes impliqués dans la détoxicification cellulaire pourrait être attribuée aux influences géologiques naturelles. À l'échelle intra-île, certains hydrosystèmes présentent des profils phénotypiques distincts, notamment Bellevue, Anse à Ross et Voiles Blanches, où les conditions locales semblent exercer des pressions spécifiques sur les populations. L'étude met en évidence un lien possible entre les profils transcriptomiques et la structure génétique des populations, où la variabilité génétique pourrait influencer la réponse aux stress environnementaux. Les analyses révèlent une réponse transcriptomique plus marquée au niveau branchial qu'hépatique, soulignant le rôle des branchies comme interface sensible aux variations environnementales.

Ces résultats soulignent l'importance d'une approche intégrative combinant transcriptomique et analyses environnementales pour mieux comprendre l'adaptation des populations isolées aux contraintes locales.

INTRODUCTION

Une question essentielle en biologie de la conservation est de comprendre comment les facteurs biotiques (*e.g.*, prédation, compétition intraspécifique) et abiotiques (*e.g.*, température, salinité, pH, luminosité, concentrations en oxygène dissous, exposition à des contaminants) affectent les organismes et de déterminer s'ils seront capables de s'adapter à ces changements, parfois rapides (Lavergne *et al.*, 2010; Salamin *et al.*, 2010). Les facteurs de stress, lorsqu'ils sont chroniques, peuvent réduire les performances ou la condition physique individuelle sur le long terme (Jeffries *et al.*, 2022). Selon son intensité, le stress peut stimuler ou inhiber certaines fonctions physiologiques en perturbant la croissance ou la reproduction, prédisposer les organismes aux maladies et réduire leur tolérance à un stress supplémentaire (Adams, 1990). McGeer *et al.* (2000) ont, par exemple, montré qu'une exposition chronique au cuivre (Cu) chez la truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum 1792) augmentait l'appétit et entraînait une réduction de la vitesse de nage associée à une consommation accrue d'oxygène, ce qui indique un coût métabolique plus élevé sur le long terme pour les individus exposés (McGeer *et al.*, 2000). À l'échelle des populations, ces facteurs de stress peuvent réduire le recrutement et la réserve compensatoire, définie comme la capacité d'une population à se rétablir après une perturbation, comme après un épisode de forte mortalité (Ryan & Harvey, 1977; McFarlane & Franzin, 1978). Les activités humaines peuvent agir également comme des facteurs de stress sur les écosystèmes aquatiques (Häder & Barnes, 2019), notamment sur la perte de la biodiversité chez les poissons d'eau douce (Richter *et al.*, 1997; Arlinghaus *et al.*, 2002; Welcomme *et al.*, 2010; Cowx & Portocarrero Aya, 2011). La modification des hydrosystèmes (*e.g.*, barrages, régulation du débit), la dégradation générale de l'habitat (*e.g.*, eutrophisation, acidification) ou encore l'introduction d'espèces non indigènes ou de pathogènes comptent parmi les activités humaines qui affectent le plus ces organismes (*e.g.*, Dudgeon & Smith, 2006; Gozlan *et al.*, 2010; Welcomme *et al.*, 2010; Cowx & Portocarrero Aya, 2011).

Au sein des populations sauvages de poissons, les réponses des organismes aux facteurs de stress environnementaux, qu'ils soient anthropiques ou non, sont essentiellement

liées à la plasticité phénotypique (différents phénotypes exprimés à partir d'un même génome) et à l'adaptation locale (développement de traits spécifiques à un environnement) (Papakostas *et al.*, 2012; Crozier & Hutchings, 2014; Huang *et al.*, 2016). Chez les espèces introduites, par exemple, les changements phénotypiques qui surviennent à la suite de leur introduction pourraient renforcer leur potentiel invasif (*e.g.*, Phillips *et al.*, 2010). Cette plasticité s'exprime tant sur le plan morphologique, physiologique, comportemental (Chevin *et al.*, 2010) que transcriptomique (Alvarez *et al.*, 2015). En ce qui concerne cette dernière, l'expression génique reflète les niveaux d'ARNm ou de protéines produites par les gènes en réponse à des facteurs de l'environnement (Schulte, 2004). Elle peut ainsi être considérée comme un trait phénotypique, car des variations dans l'expression génique peuvent conduire à des différences fonctionnelles entre individus ou populations et traduirait ainsi une certaine variation adaptative parmi les populations naturelles (*e.g.*, Wellband *et al.*, 2018; Bugg *et al.*, 2023).

Au cours de la dernière décennie, le développement des technologies « omiques » a permis de mieux comprendre la physiologie du stress chez les poissons (López-Maury *et al.*, 2008) et d'évaluer le potentiel d'adaptation et la vulnérabilité des espèces sur le long terme (Scheffers *et al.*, 2016; Bay *et al.*, 2018). Parmi ces nouvelles technologies, le profilage transcriptionnel consiste à quantifier l'expression génique pour détecter une réponse coordonnée de multiples *loci* à des stimuli spécifiques, permettant ainsi d'évaluer l'état de santé et la capacité d'adaptation des populations de poissons sauvages (Connon *et al.*, 2018; Toews *et al.*, 2019). Best *et al.* (2024) ont par exemple réalisé le profilage transcriptionnel de l'omble à tête plate *Salvelinus confluentus* (Suckley 1859), qui habite principalement les cours d'eau de l'ouest de l'Amérique du Nord, pour évaluer la réponse des juvéniles à des augmentations de température et identifier le seuil thermique de cette espèce. Ils ont identifié un seuil critique aux alentours de 18°C, au-delà duquel la capacité d'adaptation thermique et la survie diminuent, tandis que des réponses de stress cellulaire et de suppression de la croissance sont activées (Best *et al.*, 2024).

Les espèces de salmonidés des genres *Salmo*, *Oncorhynchus*, *Salvelinus* et *Coregonus*, jouent un rôle économique majeur dans les secteurs de la pêche commerciale, récréative et de l'aquaculture (Cooke *et al.*, 2015; Glover *et al.*, 2017). Les modifications écologiques affectent gravement ces populations et un déclin lié à la dégradation des conditions environnementales est documenté dans les écosystèmes d'eau douce du monde entier (Reid *et al.*, 2019). La plupart de ces salmonidés présentent une grande diversité de traits comportementaux, physiologiques et de cycles de vie, avec des variations tant au sein qu'entre les espèces (Bernatchez *et al.*, 2010; Fraser *et al.*, 2011), ce qui souligne l'importance des études à fine échelle.

L'omble de fontaine *Salvelinus fontinalis* (Mitchill 1814) est endémique du nord-est de l'Amérique du Nord, avec une aire de répartition allant de la baie d'Hudson jusqu'à la province de Terre-Neuve-et-Labrador et du sud des Appalaches jusqu'à la Géorgie aux États-Unis (Haxton *et al.*, 2020). Des populations indigènes ou introduites se retrouvent dans la plupart des habitats d'eau froide de l'Amérique du Nord (Behnke, 1972) et l'espèce, considérée comme un indicateur d'un habitat de haute qualité (Dutil & Power, 1980), revêt également une grande importance économique dans les secteurs de la pêche récréative et de l'aquaculture (Quigley, 2015; Gagné, 2023). Néanmoins, un déclin des populations sauvages a été documenté au cours des dernières décennies (Hudy *et al.*, 2008; Stranko *et al.*, 2008; EPA, 2015) et devrait s'intensifier dans les prochaines années, car cette espèce, dépendante des eaux froides et claires, est particulièrement vulnérable aux altérations environnementales induites par les activités anthropiques (Ryther, 1997; Miller *et al.*, 2016; Caputo *et al.*, 2017) ou par le changement global (Jeppesen *et al.*, 2015; Al-Ghussain, 2019; Alfonso *et al.*, 2021). Face à ces nombreux facteurs de stress environnementaux, la variation génétique pourrait être insuffisante pour permettre une adaptation rapide (Møller & Merilä, 2004), tandis que la plasticité phénotypique pourrait offrir une réponse adaptative plus rapide par la mise en place de mécanismes de réponse adéquats (Merilä & Hendry, 2014).

Saint-Pierre-et-Miquelon, un archipel français situé à 25 km au sud-ouest de la province canadienne de Terre-Neuve (Teletchea, 2022), constitue la limite la plus à l'est de

l'aire de répartition indigène de l'omble de fontaine (Viana *et al.*, 2022). L'archipel d'une superficie totale de 242 km² compte trois principales îles soumises à des pressions anthropiques variables : Miquelon, qui subit des pressions modérées avec la présence d'un seul village de 600 personnes et de quelques aménagements humains ; Langlade, qui est relativement sauvage avec une population humaine saisonnière ; Saint-Pierre, qui est l'île la plus petite (25 km²) et la plus peuplée avec près de 5400 personnes et sur laquelle les hydrossystèmes ont subi d'importantes modifications anthropiques (*e.g.*, construction de barrages, destruction de bassins versants ; Briand *et al.*, 2021). Depuis les années 2000, plusieurs témoignages mentionnent un déclin des populations d'ombles sur l'ensemble de l'archipel (Champigneulle *et al.*, 2000; Gerdeaux, 2000; Cloutier *et al.*, 2003; Preynat, 2013), sans qu'un véritable plan de gestion de cette espèce patrimoniale n'ait été mis en place jusqu'à présent. Cette espèce est pourtant la seule qui présente un intérêt pour la pêche à la ligne parmi les sept poissons diadromes qui habitent cet archipel (Denys *et al.*, 2022). Néanmoins, des quotas ont été instaurés pour encadrer la pêche récréative, mais ils ne s'appuient pas sur des bases scientifiques solides (Briand *et al.*, 2021). De plus, quelques repeuplements ont été réalisés au cours des dernières décennies à Miquelon et à Saint-Pierre sans prise en compte de la population source ni de la localisation des zones de repeuplements (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022). Une analyse génétique récente a mis en évidence que malgré une faible variabilité génétique pour l'archipel, notamment sur Langlade, il existe une structure génétique marquée entre et au sein de la dizaine d'hydrossystèmes étudiés, probablement due aux faibles flux de gènes inter-îles et aux actions de repeuplement historiques (Viana *et al.*, 2025).

Dans cette étude exploratoire des réponses fonctionnelles de ces populations, nous avons testé l'hypothèse que le phénotype transcriptionnel des ombles diffère entre les trois îles de l'archipel et entre les différents hydrossystèmes échantillonnés sur chacune d'elles en réponse aux pressions anthropiques et environnementales hétérogènes exercées. Nous avons également émis l'hypothèse que les profils phénotypiques concordent avec les modèles de structuration génétique suggérés par Viana *et al.*, (2025). Un profilage transcriptomique a été réalisé à l'aide d'une puce transcriptomique conçue pour étudier la réponse au stress

environnemental et qui cible des gènes en lien avec huit fonctions biologiques (réponse au stress, hypoxie, croissance et métabolisme, fonction immune, osmorégulation, apoptose, rythme circadien, détoxicification ; Annexe 5). Cette puce a été développée dans le cadre du projet GEN-FISH (*Genomic Network for Fish Identification, Stress, and Health* ; <https://gen-fish.ca/>), dont l'objectif est d'évaluer les performances des espèces de poissons d'eau douce dans un contexte d'augmentation des facteurs de stress.

MÉTHODES

Sites d'étude et collecte des échantillons

Nous avons sélectionné dix hydrosystèmes appartenant à des bassins versants distincts et répartis sur les trois principales îles de l'archipel (Figure 26). À Miquelon, parmi les quatre hydrosystèmes sélectionnés, l'étang de Mirande était autrefois ouvert à l'océan, mais a été fermé suite à un aménagement routier dans les années 1960 (Briand *et al.*, 2021). Les autres hydrosystèmes ciblés sont Carcasse de l'ouest, Sylvain et l'étang de Bellevue, et peuvent être considérés comme relativement préservés des activités anthropiques (Figure 26). L'île de Langlade abrite des poissons qui semblent avoir développé des caractéristiques morphologiques particulières (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022). Les trois hydrosystèmes choisis sont l'Anse à Ross, où les individus semblent plus petits que sur le reste de l'archipel ; Voiles Blanches, où les spécimens ont une robe très colorée ; et Debons, où les plus grandes captures annuelles sont réalisées (Briand *et al.*, 2021; Viana *et al.*, 2022; Figure 26). À Saint-Pierre, plusieurs hydrosystèmes ont subi de fortes modifications (*e.g.*, construction de barrages, destruction de bassins versants), ce qui affecte la migration des ombles. Les trois hydrosystèmes retenus sont Savoyard (barrage dans la partie amont de l'hydrosystème), Thélot (deux anciens barrages hydroélectriques) et Cap au diable (chute d'eau infranchissable près de la zone côtière) (Figure 26).

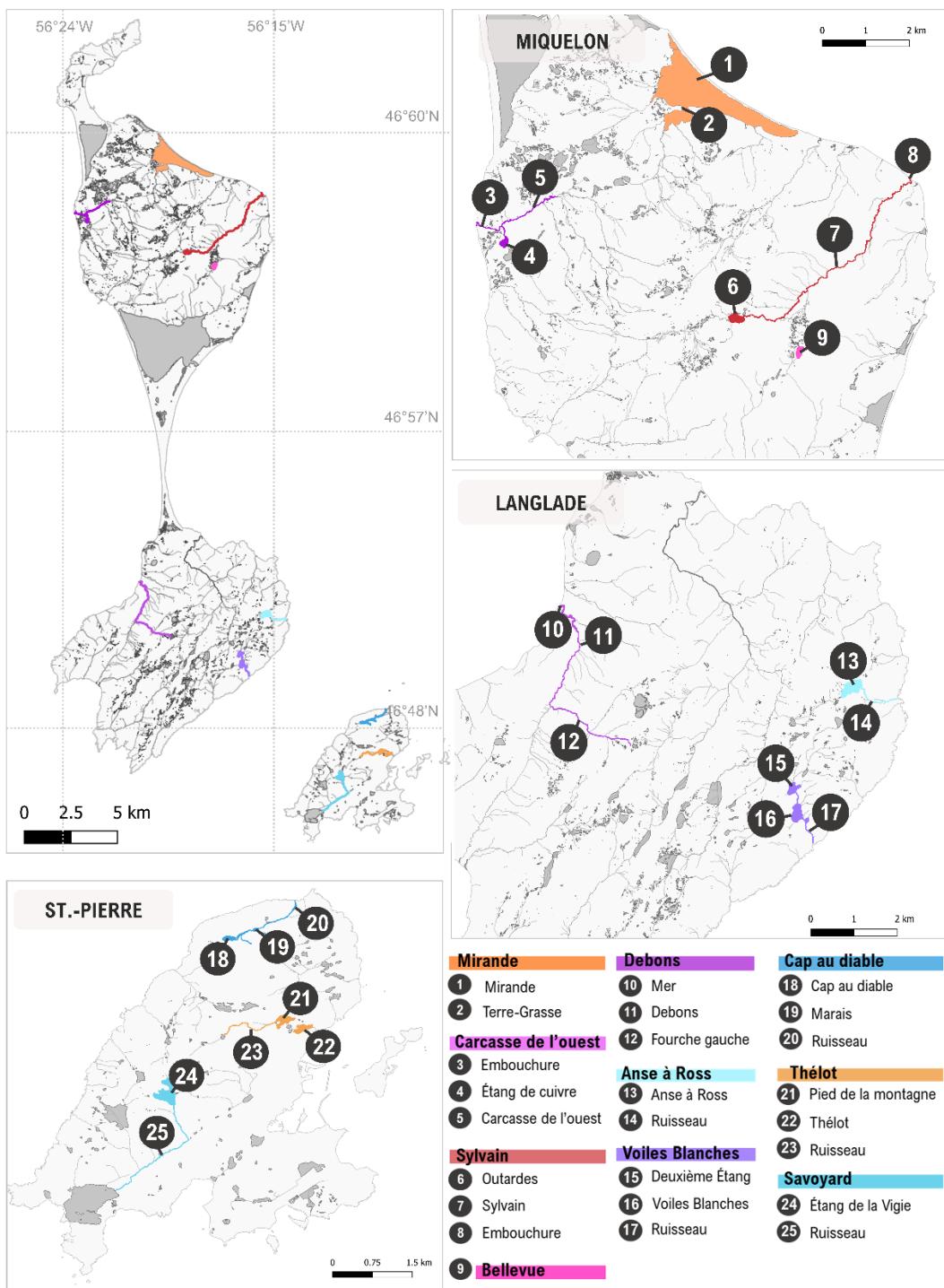


Figure 26. Saint-Pierre-et-Miquelon, France. Les 10 hydrosystèmes étudiés sont représentés en couleur dans les cartouches de leurs îles respectives. Les sites échantillonnés au sein de chaque hydrosystème sont numérotés de 1 à 25. Les noms de chaque hydrosystème et site sont détaillés dans la légende en bas à droite.

Nous avions pour objectif d'obtenir un total de 30 individus par hydrosystème : dix dans la partie amont, dix dans la partie médiane et dix dans la partie aval/estuarienne. Les captures ont été réalisées par pêche électrique ou par des techniques de pêche à la ligne traditionnelle (*i.e.*, pêche au bouchon, à la cuillère ou à la mouche). Ces échantillonnages ont été effectués conformément aux procédures avalisées par le Comité de protection des animaux de l'UQAR (UQAR CPA-89-22-246) et à l'arrêté préfectoral n°349. Après la capture, les poissons ont été anesthésiés à l'eugénol 100% (Lotus Aroma, Sainte-Julie, QC, Canada) et sacrifiés par sectionnement de la moelle épinière. Les foies ainsi qu'une partie du deuxième arc branchial gauche ont été prélevés et immédiatement conservés dans du *RNALater* (Invitrogen, Waltham, MA, USA) à -20°C pour les analyses moléculaires ultérieures. La taille et la masse de chaque individu ont également été obtenues et une photographie a été prise. Les individus échantillonnés dans le cadre de cette étude sont les mêmes que ceux utilisés lors d'une précédente étude portant sur la génétique (voir Viana *et al.*, 2025).

Plusieurs paramètres physico-chimiques de l'eau ont été mesurés dans chaque site échantillonné (soit trois sites par hydrosystème) grâce à la sonde multi-paramètres Hanna HI98194 (Vénétie, Italie ; Tableau 8). Ces données permettront de mieux comprendre quels facteurs environnementaux influencent les réponses d'expression génique des organismes.

État physiologique des poissons

Le facteur de condition de Fulton (K) a été calculé pour chaque poisson pour définir sa condition physiologique grâce à la formule suivante :

$$K = 100 \frac{W}{L^3}$$

Où W = masse du corps entier en g et L = longueur totale en cm. Pour le calcul du facteur de condition, nous avons supposé une croissance isométrique puisque des individus de taille similaire ont été utilisés.

Tableau 8. Descriptif des paramètres physico-chimiques mesurés sur chaque station d'échantillonnage.

Paramètres	Définition
pH	Mesure de l'acidité ou de l'alcalinité d'une solution sur une échelle de 0 (acide) à 14 (basique)
Température (°C)	Mesure de la température de l'eau
%OD	Concentration d'oxygène dissous dans l'eau
USP (g/L)	Quantité de sels dissous dans l'eau (gamme de salinité)
Conductivité ($\mu\text{S}/\text{cm}$)	Mesure de la capacité de l'eau à conduire un courant électrique, proportionnelle à la concentration en ions dissous
SDT	Estimation de la concentration totale des solides dissous (minéraux, sels, métaux)

Abréviations : %OD : pourcentage d'Oxygène Dissous ; USP : Unité de salinité ; SDT : Solides Dissous Totaux

Pour chaque spécimen, les ARNs totaux ont été extraits à partir de 50 mg de foie et de 30 mg de branchie en utilisant la trousse d'extraction « RNeasy Fibrous Tissue » (Qiagen, Mississauga, Ontario). Les extractions ont été conduites selon les recommandations du fournisseur et les dilutions ont été réalisées pour obtenir une concentration finale de 200 ng μL^{-1} . La pureté, la qualité et la concentration en ARN ont été mesurées pour chaque échantillon par électrophorèse sur gel d'agarose à 2,0 % et par détermination du rapport d'absorbance (A260/280 ; spectrophotomètre NanoVue Plus, GE Healthcare, Pittsburgh, PA, USA) pour tester le succès de l'extraction. L'ensemble des échantillons a ensuite été conservé à -80°C jusqu'à la réalisation de la rétrotranscription de l'ARN.

Les ARNs extraits ont été transformés en ADNs complémentaires (ADNc) par rétrotranscription grâce à la trousse « Quantitect Reverse Transcription » (QIAGEN, Mississauga, ON, Canada) en suivant les recommandations du fournisseur. L'efficacité de la rétrotranscription a été vérifiée grâce à une PCR quantitative (qPCR). Les concentrations en ADNc ont été quantifiées à l'aide du spectrophotomètre Nanovue Plus et de la mesure du

ratio d'absorbance (A260/280). La concentration en ADNc de chaque échantillon a été normalisée par dilution pour obtenir une concentration finale de 150 ng μL^{-1} et les échantillons ont été conservés à -20°C pour la suite des analyses.

Pour l'ensemble des échantillons d'ADNc, 10 μL de chaque échantillon ont été envoyés au *Great Lakes Institute for Environmental Research* (GLIER) de l'université de Windsor (<https://www.uwindsor.ca/glier/>; Ontario, Canada) pour analyse en utilisant des puces transcriptomiques mises au point par le consortium GEN-FISH (Thermo Scientific, Burlington, ON, Canada). Chaque puce permet l'analyse simultanée de l'expression de 52 gènes candidats (en duplicité) impliqués dans huit fonctions physiologiques : la fonction immunitaire, la croissance et le métabolisme, la réponse au stress, l'apoptose cellulaire, la détoxicification, l'hypoxie, l'osmorégulation et le rythme circadien (Annexe 5). Certains des gènes sélectionnés ont des fonctions multiples. Les puces incluent également quatre gènes de référence (*EF-1a* ; *RPL13A* ; *RPL7* ; *RPS9* ; se référer à l'Annexe 5 pour les noms complets des gènes), utilisés pour normaliser les niveaux d'expression des gènes candidats et s'assurer que les variations observées sont dues à des différences biologiques et non à des biais techniques (Annexe 5). La stabilité des gènes de référence a été vérifiée grâce au calcul d'un classement à l'aide du logiciel *R* et de la fonction *genorm* disponible dans le package « *ctrlGene* » (RStudio Team, 2020; Zhong, 2019). Le classement est une mesure de la stabilité des gènes dans l'analyse qPCR, qui peut varier en fonction du tissu : plus la valeur obtenue est basse, plus l'expression est stable. La meilleure combinaison pour les gènes de référence a été conservée pour les branchies et pour les foies analysés dans cette étude. Pour un calcul précis de la moyenne des gènes de référence, nous avons utilisé la moyenne géométrique plutôt que la moyenne arithmétique, car la première permet de mieux contrôler les éventuelles valeurs aberrantes et les différences d'abondance entre les différents gènes (Vandesompele *et al.*, 2002).

La méthode du $\Delta\Delta N_0$, qui est fondée sur une méthode similaire au $\Delta\Delta C_T$ (Livak & Schmittgen, 2001; Tuomi *et al.*, 2010), mais qui se réfère spécifiquement aux valeurs N_0 (*i.e.*, qui correspondent aux quantités initiales du gène cible dans une réaction de PCR en temps

réel) a été utilisée pour calculer la différence de ΔN_0 entre les échantillons traités et le groupe calibrateur définit :

$$\Delta\Delta N_0 = \Delta N_0, \text{échantillon} - \Delta N_0, \text{groupe calibrateur}$$

Avec $\Delta N_0, \text{échantillon} = \frac{N_0, \text{échantillon}}{N_0, \text{moyenne des gènes de référence}}$,

Et $\Delta N_0, \text{groupe calibrateur} = \frac{N_0, \text{échantillon}}{N_0, \text{moyenne du groupe calibrateur}}$.

Le groupe calibrateur sélectionné dans notre étude correspond au site considéré comme le moins anthropisé soit Voiles Blanches (Langlade), car cet hydrosystème est localisé sur l'île la plus sauvage et est accessible uniquement par l'océan.

Pour obtenir la différence d'expression de chaque gène entre les différentes échelles spatiales étudiées, le rapport relatif de l'expression de chaque gène a ensuite été calculé :

$$\text{Rapport d'expression relatif} = 2^{-\Delta\Delta N_0}$$

Analyses statistiques

Pour analyser les patrons d'expression génique pour l'ensemble des gènes candidats en fonction des différentes échelles spatiales étudiées, des Analyses de Variances Multivariées non paramétriques PERmutationnelles (PERMANOVAs; Anderson, 2017) à deux facteurs ont été conduites à partir d'une matrice de dissimilarité de Bray-Curtis (Legendre & Legendre, 2012) en analysant chaque organe séparément. Les deux facteurs fixes ont été les îles (niveaux = 3) et les hydrosystèmes (niveaux = 10). Les données manquantes (environ 0,5% ; foie : 48 sur 8160 ; branchie : 38 sur 9121) ont été remplacées par la moyenne du sous-échantillon du groupe calibrateur pour chaque gène candidat concerné (García *et al.*, 2015). Lorsque les tests PERMANOVAs se sont avérés significatifs pour l'effet factoriel considéré ($p\text{-valeur} < 0,05$; 999 permutations), des comparaisons par paires ont été réalisées. Enfin, pour visualiser et interpréter la relation entre l'échelle spatiale

considérée et l'expression relative des gènes candidats étudiés, des ordinations d'échelles multidimensionnelles non paramétriques (nMDS) ont été menées. Pour déterminer la contribution relative de chaque gène dans la différenciation observée au sein d'un facteur, une analyse des pourcentages de similarité (SIMPER) a été effectuée. Toutes ces analyses ont été réalisées à l'aide du logiciel R (Oksanen *et al.*, 2024) et du package « *vegan* » (Oksanen *et al.*, 2024). Lorsqu'un gène apparaissait différentiellement exprimé entre les groupes comparés, des Analyses de Covariances (ANCOVAs ; $\alpha = 0,05$) à trois facteurs *a posteriori* ont été réalisées pour définir les interactions entre les échelles spatiales étudiées (*i.e.*, îles, hydrosystèmes), la masse (en g) et l'expression relative du gène. Selon les observations de ces premières analyses, des Analyses de Variances (ANOVA) ou des ANCOVAs *a posteriori* ont été conduites en simplifiant les modèles. La normalité des données a été vérifiée grâce au test de Kolmogorov-Smirnov. En cas de significativité (p -valeur $< 0,05$), l'homoscédasticité des variances a été testée à l'aide d'un test de Levene et du test *post-hoc* HSD de Tukey (STATISTICA v6.1.478, Statsoft). En cas d'hétéroscédasticité des variances, un test *post-hoc* de LSD sur les rangs a été appliqué.

RÉSULTATS

Des échantillons ont été écartés en raison d'un manque d'expression au niveau des gènes de références (Branchie : 6 sur 219 ; Foie : 2 sur 206 ; Annexe 9). Au total, 213 échantillons de branchies et 204 foies ont été analysés (Tableau 9).

Tableau 9. Détails des échantillons de branchies et de foies obtenus par île, par hydrosystème et par station. Le premier nombre entre parenthèses correspond aux échantillons de branchies, le second à celui de foies. Les moyennes et écarts-types des masses (en g), des longueurs (en cm) et de l'indice de condition de Fulton (K) pour l'ensemble des individus ($N = 230$) sont indiqués.

Île (N)	Hydrosystème (N)	Masse (g)	Longueur (cm)	Indice de condition (K)
Miquelon (74 ; 63)	Mirande (19 ; 19)	112,0 ± 66,3	21,6 ± 3,9	1,00 ± 0,20
	Carcasse de l'Ouest (17 ; 17)	70,9 ± 26,9	19,4 ± 2,7	0,95 ± 0,20
	Bellevue (9 ; 10)	80,4 ± 24,6	19,7 ± 2,2	1,02 ± 0,10
Langlade (70 ; 68)	Sylvain (29 ; 17)	47,3 ± 18,2	17,2 ± 2,1	0,89 ± 0,10
	Debons (28 ; 25)	162,0 ± 98,3	24,9 ± 5,0	0,96 ± 0,20
	Voiles Blanches (27 ; 24)	106,1 ± 31,0	21,8 ± 2,4	1,00 ± 0,10
Saint-Pierre (69 ; 73)	Anse à Ross (15 ; 19)	70,6 ± 53,2	18,6 ± 3,6	0,96 ± 0,10
	Cap au diable (24 ; 24)	70,0 ± 34,7	19,0 ± 1,9	0,96 ± 0,24
	Thélot (27 ; 29)	57,8 ± 14,7	17,9 ± 1,7	1,00 ± 0,10
	Savoyard (18 ; 20)	94,4 ± 48,0	20,8 ± 3,0	0,99 ± 0,20

Conditions physiologiques des poissons

Des différences significatives dans la masse et la longueur sont apparues entre les individus des trois îles, Langlade présentant les individus avec la masse et la longueur moyenne la plus importante (masse : $118,7 \pm 77,9$ g ; longueur : $22,2 \pm 4,6$ cm) en comparaison des individus de Miquelon (masse : $73,5 \pm 45,7$ g ; longueur : $19,2 \pm 3,3$ cm) et de Saint-Pierre (masse : $71,8 \pm 36,0$ g ; longueur : $19,0 \pm 2,4$ cm) (ANOVA : Figure 27). Cependant, le facteur de condition n'a montré aucune différence significative des individus entre les trois îles.

À l'échelle des hydrosystèmes, des différences significatives sont également apparues au sein de chaque île. Pour les individus de Miquelon, la masse et la longueur moyenne les plus importantes sont trouvées à Mirande, tandis que les individus de Sylvain présentent les moyennes les plus faibles pour ces deux paramètres (Tableau 9 ; Figure 27). À Langlade, les individus de l'Anse à Ross possèdent une masse et une longueur significativement plus faible que pour les individus de Debons et des Voiles Blanches (Tableau 1 ; Figure 27).

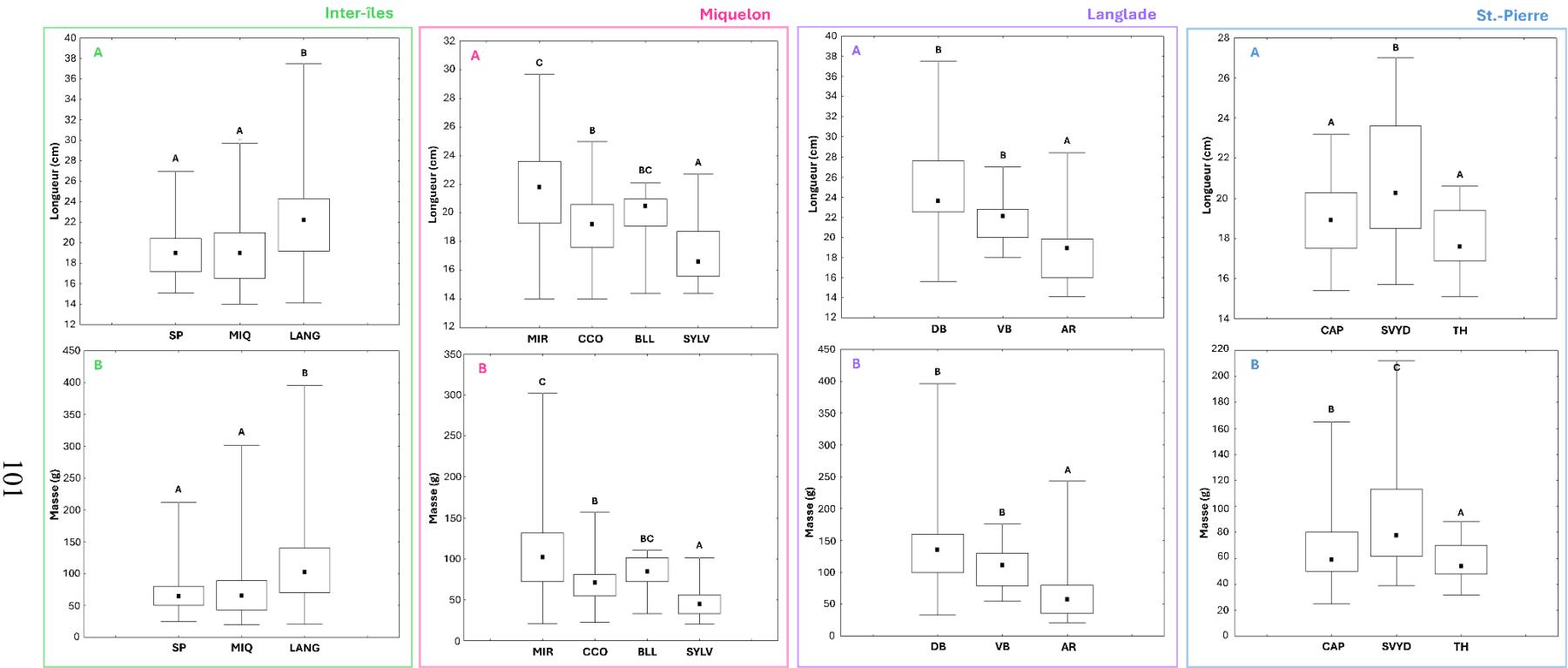


Figure 27. (A) Taille (cm) et (B) masse (g) des omble de fontaine à l'échelle inter-île (encadré vert) et intra-île (encadrés rose, violet et bleu). Les lettres indiquent les différences significatives (p -valeur < 0,05). Au centre, le carré noir indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Abréviations : SP : Saint-Pierre ; MIQ : Miquelon ; LANG : Langlade ; MIR : Mirande ; CCO : Carcasse de l'Ouest ; BLL : Bellevue ; SYLV : Sylvain ; DB : Debons ; VB : Voiles Blanches ; AR : Anse à Ross ; CAP : Cap au diable ; SVYD : Savoyard ; TH : Thélot.

À Saint-Pierre, les individus de Savoyard montrent une masse et une longueur moyenne supérieure à ceux de Cap au Diable et de Thélot (Tableau 9 ; Figure 27). Les individus de Cap au diable ont également une longueur significativement supérieure aux individus de Thélot (Figure 27). L'indice de condition de Fulton n'a montré aucune différence significative entre les hydrosystèmes de chacune des îles.

Profils phénotypiques à l'échelle des îles

Au niveau hépatique, on observe des dissimilarités importantes entre les individus de Langlade en comparaison de ceux de Saint-Pierre et de Miquelon (nMDS ; Figure 28A). Les dissimilarités pour les individus de Miquelon et de Langlade semblent plus importantes qu'avec les individus de Saint-Pierre (Figure 28A). De façon plus spécifique, on peut différencier les individus de Langlade de ceux de Miquelon et de Saint-Pierre (PERMANOVA ; Tableau 10). La masse (contribution = 0,16 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 28A) et l'expression relative de *CYP1A* (Détoxicification [D] ; contribution : 0,004 ; *p-valeur* = 0,005 ; Figure 28A) expliquent le mieux la différenciation significative entre les individus de Saint-Pierre et ceux de Langlade, alors que ceux de Miquelon et de Langlade sont principalement différenciés par la masse (contribution = 0,17 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 28A) et l'expression relative de *IGF1* (Croissance et métabolisme [CM]) et *HSP7C* (Réponse au stress [RS] ; contributions respectives : 0,011 et 0,006 ; *p-valeurs* : 0,045 et 0,024 ; Figure 28A). En explorant plus avant avec des ANOVAs, seule l'expression relative de *CYP1A* (Figure 29A) s'est avérée significative, avec une surexpression chez les individus capturés à Saint-Pierre en comparaison de ceux de Langlade et Miquelon.

Pour les branchies, l'analyse nMDS a montré un paramètre de stress supérieur au-delà du seuil de 0,20 nécessaire à une bonne représentation des données dans l'espace multidimensionnel (stress = 0,23 ; Figure 28B). Cependant, comme les résultats obtenus avec les analyses PERMANOVA et SIMPER étaient significatifs, nous avons conservé cette représentation. On peut observer que les individus de Langlade se différencient encore une fois des deux autres îles (PERMANOVA ; Tableau 10). La différenciation entre les individus

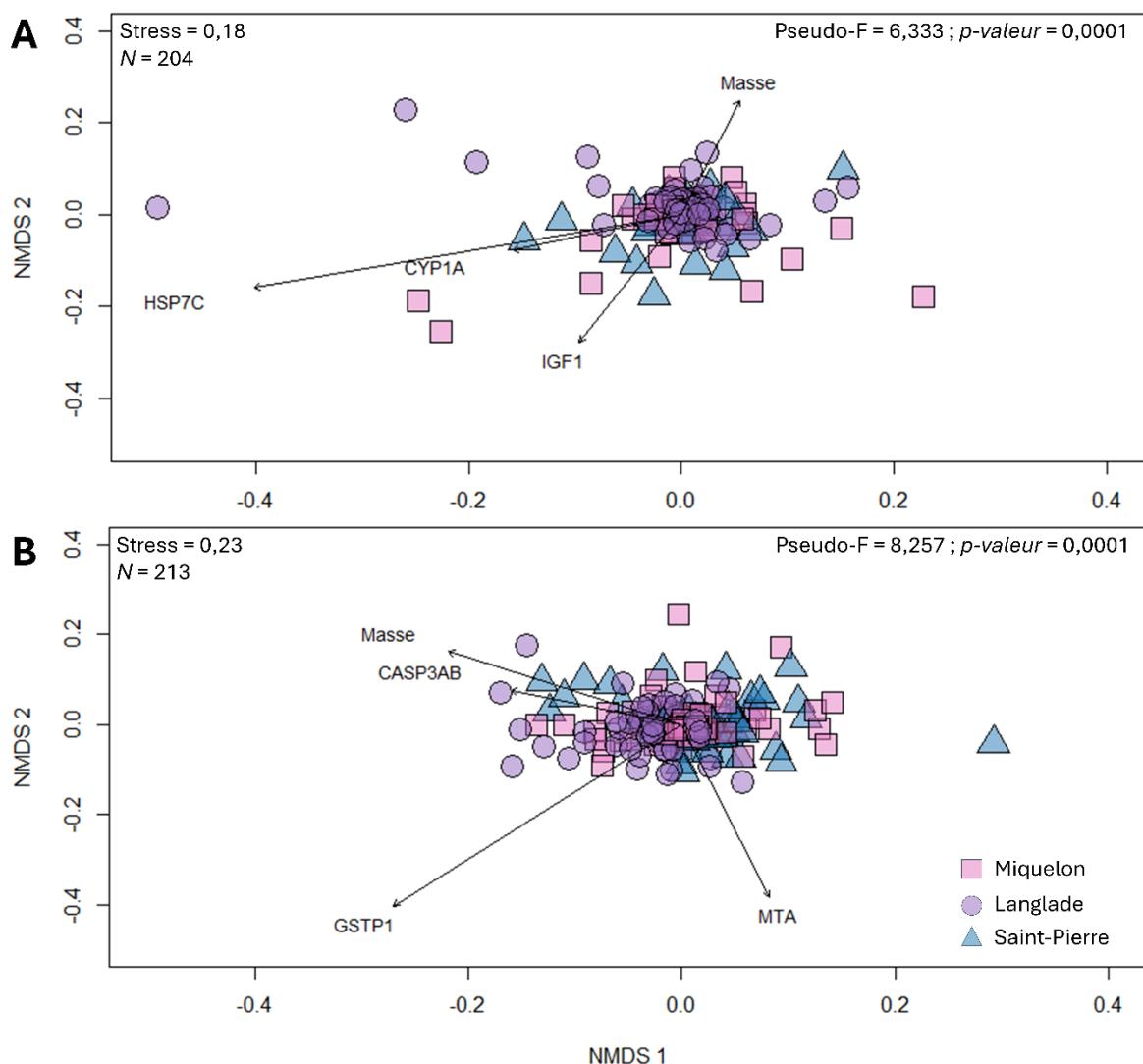


Figure 28. Ordination de l'échelle multidimensionnelle non paramétrique (nMDS) et résultats PERMANOVA (Pseudo-F et *p*-valeur) de la différenciation entre les îles **A** au niveau des foies ($N = 204$) et **B** au niveau des branchies ($N = 213$), basées sur la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis. Les valeurs de stress indiquent le niveau de significativité de la représentation. Les gènes présentés illustrent les variables impliquées significativement dans les dissimilarités observées avec la PERMANOVA (analyses SIMPER).

de Saint-Pierre et de Langlade s'explique tout particulièrement par la masse (contribution = 0,16 ; *p-valeur* = 0,006 ; Figure 28B) et par l'expression relative de *MTA* [RS] (contribution = 0,004 ; *p-valeur* = 0,005 ; Figure 28B). La masse (contribution = 0,17 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 28B) et l'expression relative de *CASP3AB* (Apoptose cellulaire [AP]) et *GSTP1* [D] (contributions respectives : 0,002 et 0,001 ; *p-valeurs* : 0,018 et 0,001 ; Figure 28B) expliquent celle entre les individus de Miquelon et de Langlade. Les analyses *a posteriori* montrent que *MTA* est significativement surexprimé chez les poissons de Saint-Pierre (Figure 29B) alors que *GSTP1* est significativement surexprimé chez les individus de Langlade (Figure 29C).

Tableau 10. Analyse PERMANOVA avec comparaison multivariée par paires entre les îles. Les analyses pour les foies (en haut) et les branchies (en bas) sont séparées par une ligne pointillée. La *p-valeur* ajustée correspond à une correction de Bonferroni.

Degré de liberté	Sommes des carrés	Pseudo-F	<i>p-valeur</i> ajustée
SP-MIQ	1	0,127	2,26
SP-LANG	1	0,629	11,58
MIQ-LANG	1	0,349	5,28
<hr/>			
SP-MIQ	1	0,114	2,00
SP-LANG	1	0,705	12,05
MIQ-LANG	1	0,637	10,60

p-valeur* < 0,05 ; *p-valeur* < 0,005

Abréviations : SP : Saint-Pierre, MIQ : Miquelon, LANG : Langlade.

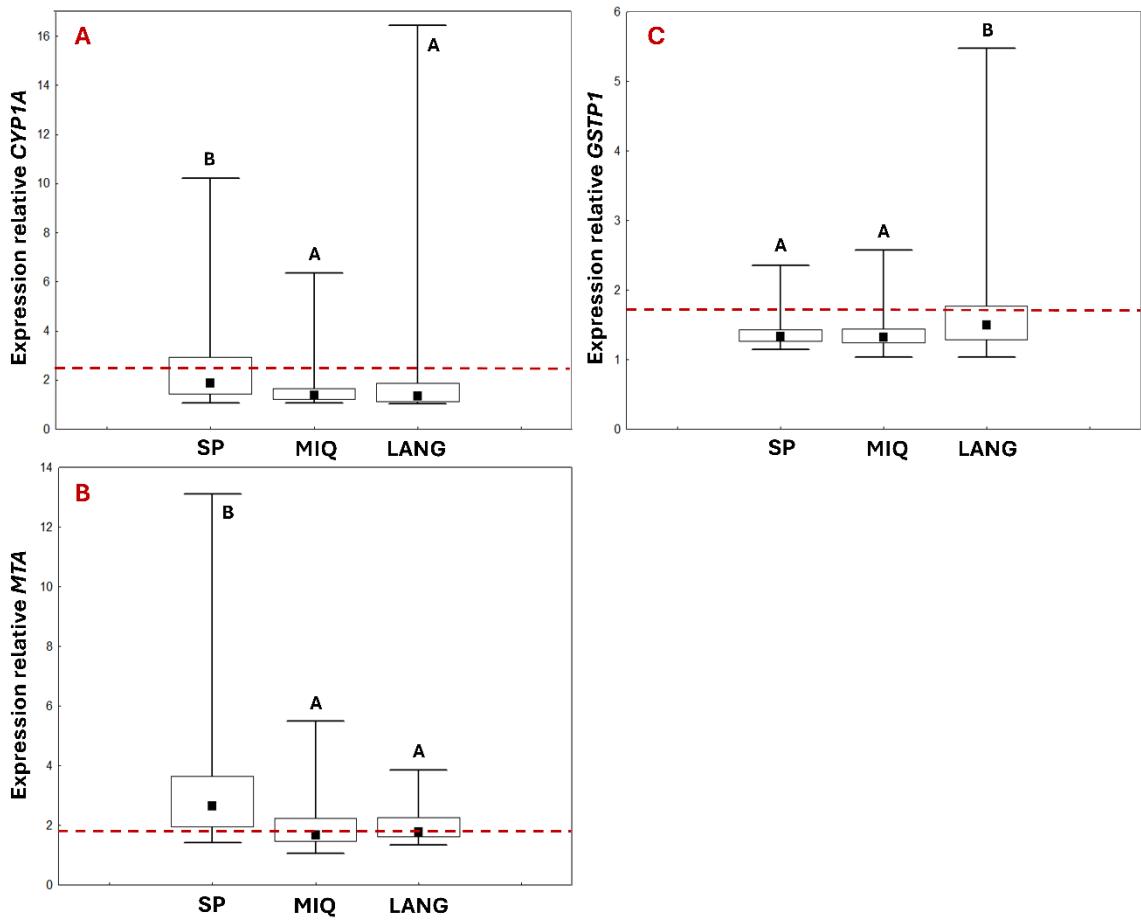


Figure 29. Profils de l'expression relative de *CYP1A* (A) dans le foie et de *MTA* (B) et *GSTP1* (C) dans les branchies des ombles de fontaines capturés à Saint-Pierre (SP), Miquelon (MIQ) et Langlade (LANG). La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (p -valeur < 0,05). Pour l'ensemble des graphiques (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums.

Profils phénotypiques des hydrosystèmes à l'échelle intra-île

Au sein de chacune des trois îles, on a également observé des différences entre les hydrosystèmes tant au niveau du foie qu'au niveau des branchies.

Miquelon

Sur Miquelon, les différences au niveau des foies semblent plus importantes entre les individus de Mirande et de Bellevue qu'entre les individus de Carcasse de l'Ouest ou de Sylvain (nMDS ; Figure 30A). Plus précisément, on peut distinguer les poissons de Carcasse de l'Ouest de ceux de Mirande et de Bellevue et les individus de Sylvain de tous les hydrosystèmes de l'île (PERMANOVA ; Tableau 11). La différenciation observée entre les individus de Carcasse de l'Ouest et de Mirande s'explique essentiellement par des différences de masse (contribution = 0,16 ; *p-valeur* = 0,021 ; Figure 30A). Les individus de Carcasse de l'Ouest et de Bellevue se différencient par les niveaux d'expression relative de *CASP9* [AC] (contribution = 0,046 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 30A), *IGF1* [CM] (contribution = 0,033 ; *p-valeur* = 0,047 ; Figure 30A), *ALDOAA* (Hypoxie [H] ; contribution = 0,003 ; *p-valeur* = 0,047 ; Figure 30A) et de *MTA* et *MTB* [RS] (contributions respectives : 0,0009 et 0,003 ; *p-valeurs* : 0,002 et 0,041 ; Figure 30A). La masse (contribution = 0,20 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 30A) et l'expression relative de *NFE2L2A* [D] (contribution = 0,022 ; *p-valeur* = 0,039 ; Figure 30A) et de *AMPKAI* et *CS* [CM] (contributions respectives : 0,007 et 0,004 ; *p-valeurs* : 0,019 et 0,045 ; Figure 30A) expliquent la différenciation entre les individus de Sylvain et de Mirande. La différence entre les poissons de Sylvain et de Carcasse de l'Ouest s'explique principalement par l'expression relative de *PCK1* et *GHR* [CM] (contributions respectives : 0,024 et 0,001 ; *p-valeurs* : 0,046 et 0,047 Figure 30A), *GSTP1* [D] (contribution = 0,008 ; *p-valeur* = 0,008 ; Figure 30A), *VEGFC* [H] (contribution = 0,0007 ; *p-valeur* = 0,011 ; Figure 30A) et *CASP3AB* [AC] (contribution = 0,0007 ; *p-valeur* = 0,043 ; Figure 30A). Enfin, l'expression relative de *CASP9* [AC] (contribution = 0,048 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 30A), *IGFI* et *GHR* [CM] (contributions respectives : 0,036 et 0,001 ; *p-valeurs* : 0,021 et 0,037 ; Figure 30A), *CLOCK1A* (Rythme circadien [RC] ; contribution = 0,011 ; *p-valeur* = 0,040 ; Figure 30A), *ALDOAA* [H]

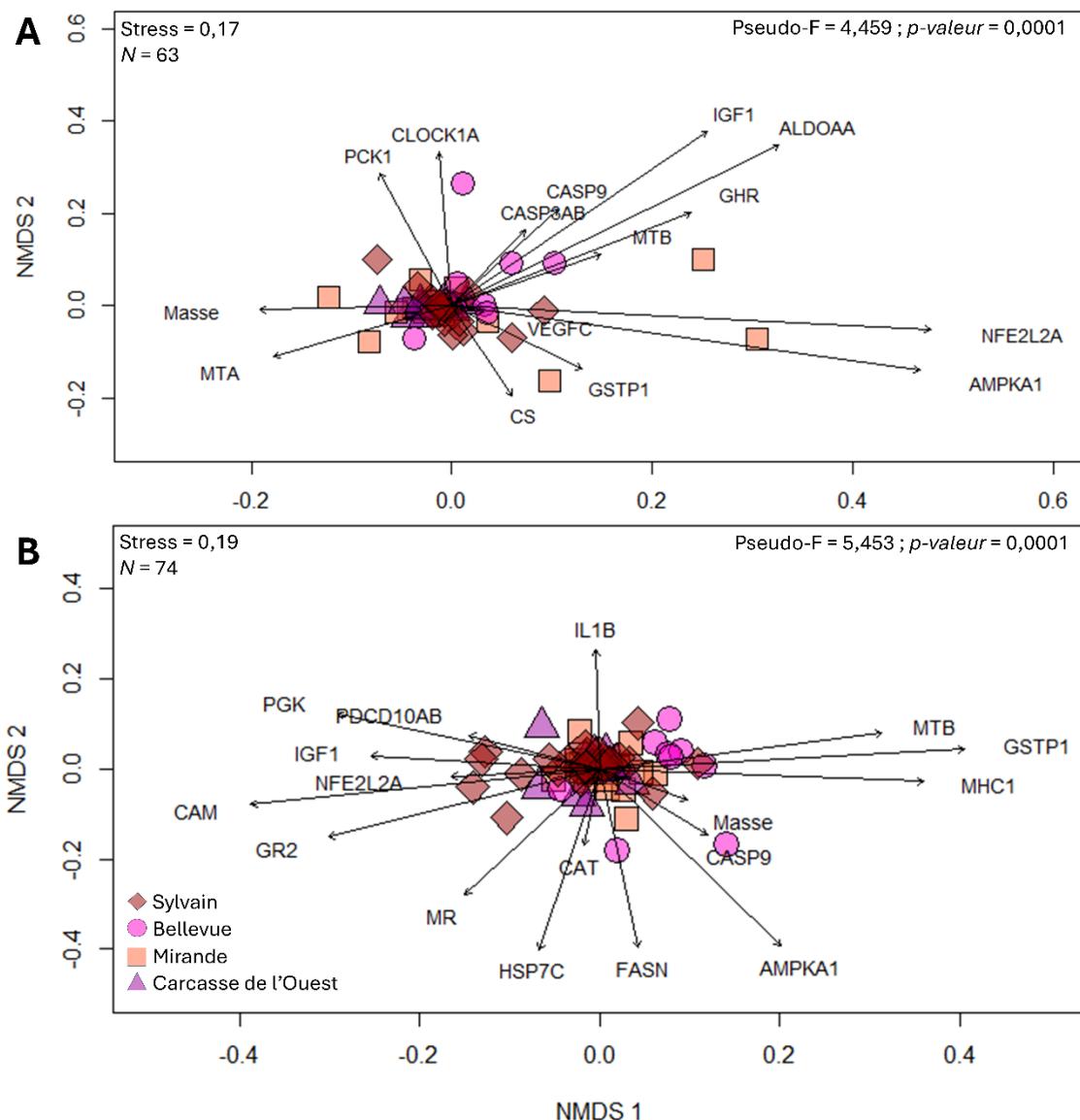


Figure 30. Ordination de l'échelle multidimensionnelle non paramétrique (nMDS) et résultats PERMANOVA (Pseudo-F et *p-valeur*) de la différenciation entre les hydro systèmes de Miquelon (A) au niveau des foies ($N = 63$) et (B) au niveau des branchies ($N = 74$), basée sur la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis. Les valeurs de stress indiquent le niveau de significativité de la représentation. Les gènes présentés illustrent les variables impliquées significativement dans les dissimilarités observées avec la PERMANOVA (analyses SIMPER).

Tableau 11. Analyse PERMANOVA avec comparaison multivariée par paires entre les hydrosystèmes de Miquelon. Les analyses pour les foies (en haut) et les branchies (en bas) sont séparées par une ligne pointillée. La *p-valeur* ajustée correspond à une correction de Bonferroni.

	Degré de liberté	Sommes des carrés	Pseudo-F	<i>p-valeur</i> ajustée
MIR-CCO	1	0,247	4,06	0,024*
MIR-BLL	1	0,135	1,67	0,744
MIR-SYLV	1	0,503	7,27	0,006**
CCO-BLL	1	0,171	3,84	0,012*
CCO-SYLV	1	0,165	4,14	0,030*
BLL-SYLV	1	0,309	5,51	0,012*
<hr/>				
MIR-CCO	1	0,170	3,75	0,060
MIR-BLL	1	0,159	2,72	0,132
MIR-SYLV	1	0,576	11,24	0,006**
CCO-BLL	1	0,100	2,15	0,282
CCO-SYLV	1	0,183	4,11	0,006**
BLL-SYLV	1	0,287	5,33	0,006**

p-valeur* < 0,05 ; *p-valeur* < 0,005.

Abréviations : MIR : Mirande, CCO : Carcasse de l’Ouest, BLL : Bellevue, SYLV : Sylvain.

(contribution = 0,003 ; *p-valeur* = 0,022 ; Figure 30A) et *MTB* [RS] (contribution = 0,003 ; *p-valeur* = 0,047 ; Figure 30A) explique les différences observées entre les individus de Bellevue et de Sylvain. Les analyses *a posteriori* montrent une sous-expression chez les individus de Carcasse de l’Ouest et de Sylvain en comparaison de ceux de Mirande pour *NFE2L2A* (Figure 31A). On observe également une surexpression de *ALDOAA* et de *MTB* chez les individus de Bellevue par rapport à ceux de Carcasse de l’Ouest (Figure 31B) et de Mirande (Figure 31C). Enfin, les poissons de Carcasse de l’Ouest ont une surexpression relative significative pour *MTA* en comparaison de ceux de Bellevue (Figure 31D).

Pour les branchies, les individus de l’ensemble des hydrosystèmes présentent d’importantes dissimilarités (nMDS ; Figure 30B). De façon plus précise, les individus de Sylvain apparaissent significativement différents de ceux de Mirande, Carcasse de l’Ouest et de Bellevue (PERMANOVA ; Tableau 11). La masse (contribution = 0,20 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 30B) et l’expression relative de *IGF1* [CM] (contribution = 0,003 ; *p-valeur* =

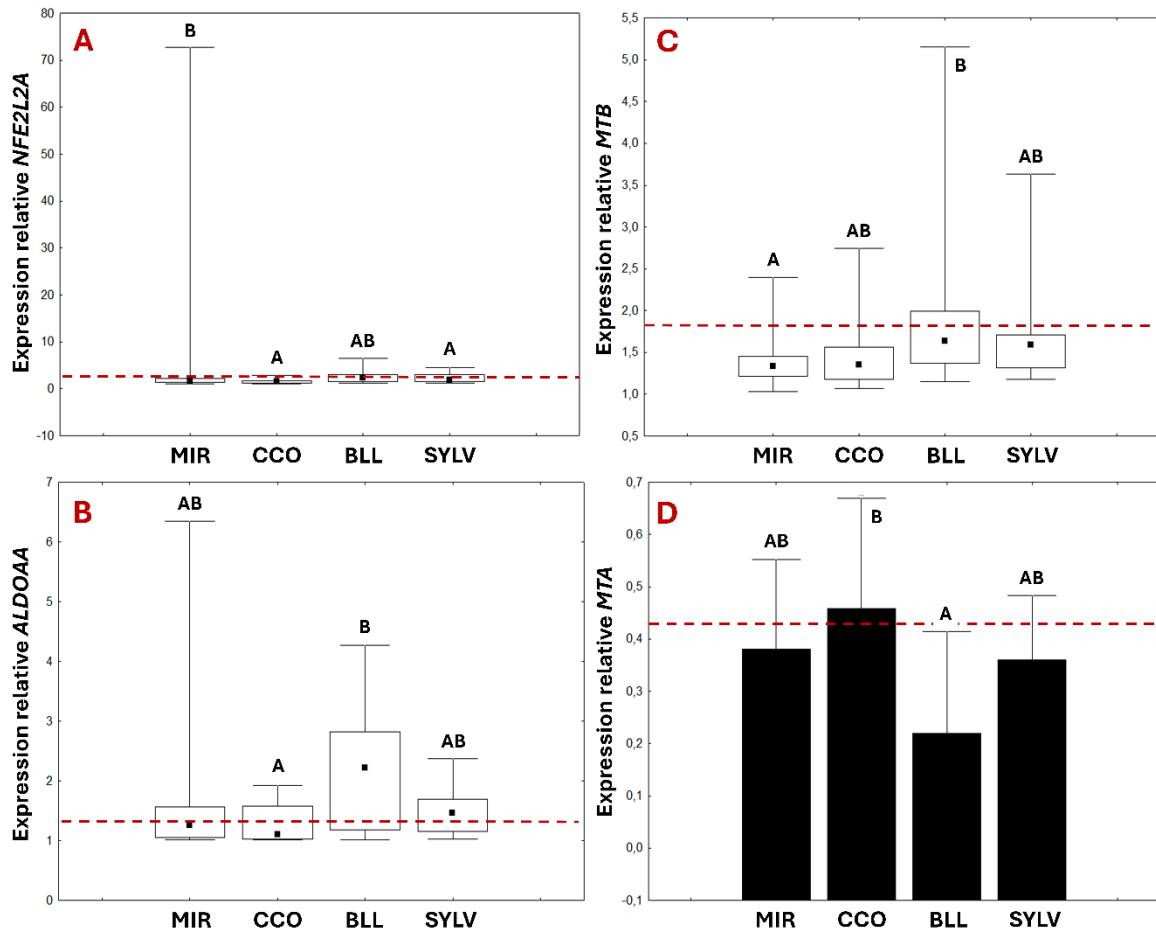


Figure 31. Profils de l'expression relative des gènes *NFE2L2A* (**A**), *ALDOAA* (**B**), *MTB* (**C**), *MTA* (**D**) dans le foie des ombles de fontaines capturés à Miquelon. La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches, Langlade) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (p -valeur < 0,05). Abréviations : MIR : Mirande, CCO : Carcasse de l'Ouest, BLL : Bellevue, SYLV : Sylvain. Pour les graphiques A, B et C (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Pour le graphique D, les données sont présentées sous forme de moyenne et la moustache indique l'écart-type supérieur.

0,010 ; Figure 30B) expliquent essentiellement les différences observées entre les individus de Sylvain et de Mirande. Entre Sylvain et Carcasse de l’Ouest, les poissons expriment des niveaux d’expression relative différents pour *CAM* et *MHC-1* (Fonction immunitaire [FI] ; contributions respectives : 0,002 et 0,0002 ; *p-valeurs* : 0,008 et 0,031 ; Figure 30B), *PGK* [H] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,036 ; Figure 30B), *NFE2L2A* [D] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,005 ; Figure 30B), *GR2* [RS] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,033 ; Figure 30B) et *PDCD10AB* [AC] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,002 ; Figure 30B). Enfin, les individus de Sylvain et de Bellevue se différencient par l’expression relative d’un nombre important de gènes : *IL-1B* [FI] (contribution = 0,02 ; *p-valeur* = 0,039 ; Figure 30B), *AMPKA1*, *FASN*, *CPT1A* [CM] (contributions respectives : 0,02, 0,01 et 0,01 ; *p-valeurs* : 0,010, 0,001 et 0,032 ; Figure 30B), *MR*, *MTB*, *HSP7C* [RS] (contributions respectives : 0,01, 0,003 et 0,003 ; *p-valeurs* : 0,007, 0,008 et 0,035 ; Figure 30B), *CASP9* [AC] (contribution = 0,01 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 30B) et de *CYP1A*, *GSTP1* et *CAT* [D] (contributions respectives : 0,003, 0,002 et 0,002 ; *p-valeur* : 0,001 ; Figure 30B).

Les analyses *a posteriori* montrent une surexpression de Sylvain par rapport à Mirande et Carcasse de l’Ouest pour *NFE2L2A* (Figure 32A) tandis que *IGF1* apparaît surexprimé chez les poissons de Sylvain et de Mirande en comparaison de ceux de Carcasse de l’Ouest (Figure 32B). Les individus de Bellevue montrent, quant à eux, une sur- et une sous-expression relative significative pour *GSTP1* et *CAM* par rapport aux trois autres hydrossystèmes (Figure 32C ; Figure 32D) et une surexpression de *MHC-1* et *CAT* en comparaison des individus de Sylvain (Figure 32E) et de ceux de Carcasse de l’Ouest respectivement (Figure 32F). Chez les individus de Mirande, *PDCD10AB* et *MR* sont sous-exprimés par rapport à ceux de Sylvain (Figure 32G ; Figure 32H). L’expression relative de *CYP1A* est apparue significativement exprimée à la baisse chez les individus de Mirande en comparaison de ceux de Carcasse de l’Ouest et de Sylvain, qui présentaient eux-mêmes une sous-expression par rapport à Bellevue (Figure 32I), tandis que *MTB* est apparu sous-exprimé chez les individus de Mirande et de Carcasse de l’Ouest en comparaison de ceux de Sylvain, qui ont eux-mêmes une sous-expression de ce gène par rapport à ceux de Bellevue (Figure 32J).

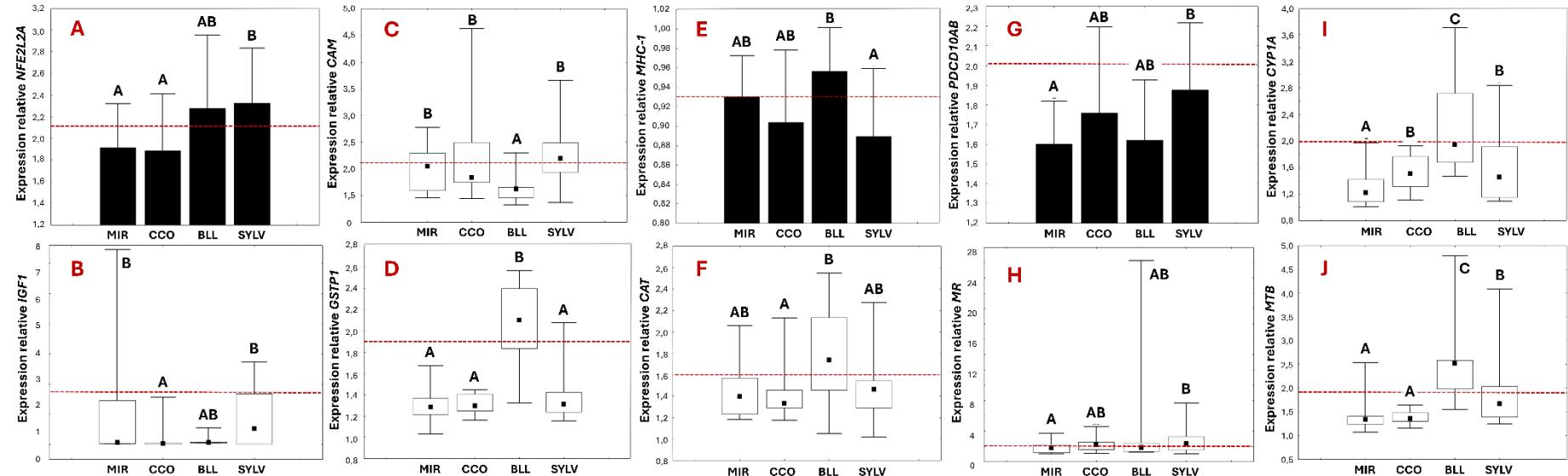


Figure 32. Profils de l'expression relative des gènes *NFE2L2A*, *IGF1*, *GSTP1*, *CAM*, *MHC-1*, *CAT*, *PDCD10AB*, *MR*, *CYP1A*, *MTB* dans les branchies des ombles de fontaine capturés à Miquelon. La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches, Langlade) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (p -valeur < 0,05). Abréviations : MIR : Mirande, CCO : Carcasse de l'Ouest, BLL : Bellevue, SYLV : Sylvain. Pour les graphiques B, C, D, F, H, I et J (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Pour les graphiques A, E et G, les données sont présentées sous forme de moyenne et la moustache indique l'écart-type supérieur.

Langlade

Sur Langlade, les comparaisons inter-hydrosystèmes indiquent des dissimilarités significatives entre les individus de l’Anse à Ross et ceux de Debons et des Voiles Blanches pour le foie (nMDS, Figure 33A ; PERMANOVA ; Tableau 12). La masse (contribution = 0,24 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 33A) et l’expression relative de *HSP70A* [RS] (contribution = 0,013 ; *p-valeur* = 0,035 ; Figure 33A), *NFE2L2A* [D] (contribution = 0,005 ; *p-valeur* = 0,039 ; Figure 33A), *PDCD10AB* [AC] (contribution = 0,005 ; *p-valeur* = 0,040 ; Figure 33A) et *ALDOAA* [H] (contribution = 0,001 ; *p-valeur* = 0,002 ; Figure 33A) expliquent la différenciation significative entre les individus de l’Anse à Ross et de Debons, tandis que celle entre l’Anse à Ross et les Voiles Blanches est essentiellement expliquée par l’expression relative de *CYP1A* et *SOD1* [D] (contributions respectives : 0,005 et 0,001 ; *p-valeurs* : 0,014 et 0,015 ; Figure 33A) et de *ALDOAA* [H] (contribution = 0,001 ; *p-valeur* = 0,015 ; Figure 33A). Les analyses *a posteriori* montrent une sous-expression de *CYP1A* et *ALDOAA* chez les individus de Debons (Figure 34A ; Figure 34B) et une surexpression de *SOD1* chez les individus de l’Anse à Ross en comparaison des poissons des deux autres hydrosystèmes (Figure 34C).

Pour les branchies, la nMDS a indiqué un paramètre de stress supérieur à la limite de 0,20 nécessaire à une bonne représentation des données dans l'espace multidimensionnel (stress = 0,23 ; Figure 33B). Cependant, comme les résultats obtenus avec les analyses PERMANOVA et SIMPER étaient significatifs, nous avons conservé cette représentation. Des dissimilarités significatives sont visibles entre les trois hydrosystèmes de l’île (PERMANOVA ; Tableau 12). Les expressions relatives de *CRYIAB* [RC] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,012 ; Figure 33B), *CYP1A* [D] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,011 ; Figure 33B) et *MMP2* [RS] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,003 ; Figure 33B) expliquent l’essentiel de la différenciation entre les individus de Debons et des Voiles Blanches. La distinction entre les poissons de Debons et de l’Anse à Ross s’explique quant à elle par la masse (contribution = 0,24 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 33B) et par l’expression relative de *SOD1* et *NFE2L2A* [D]

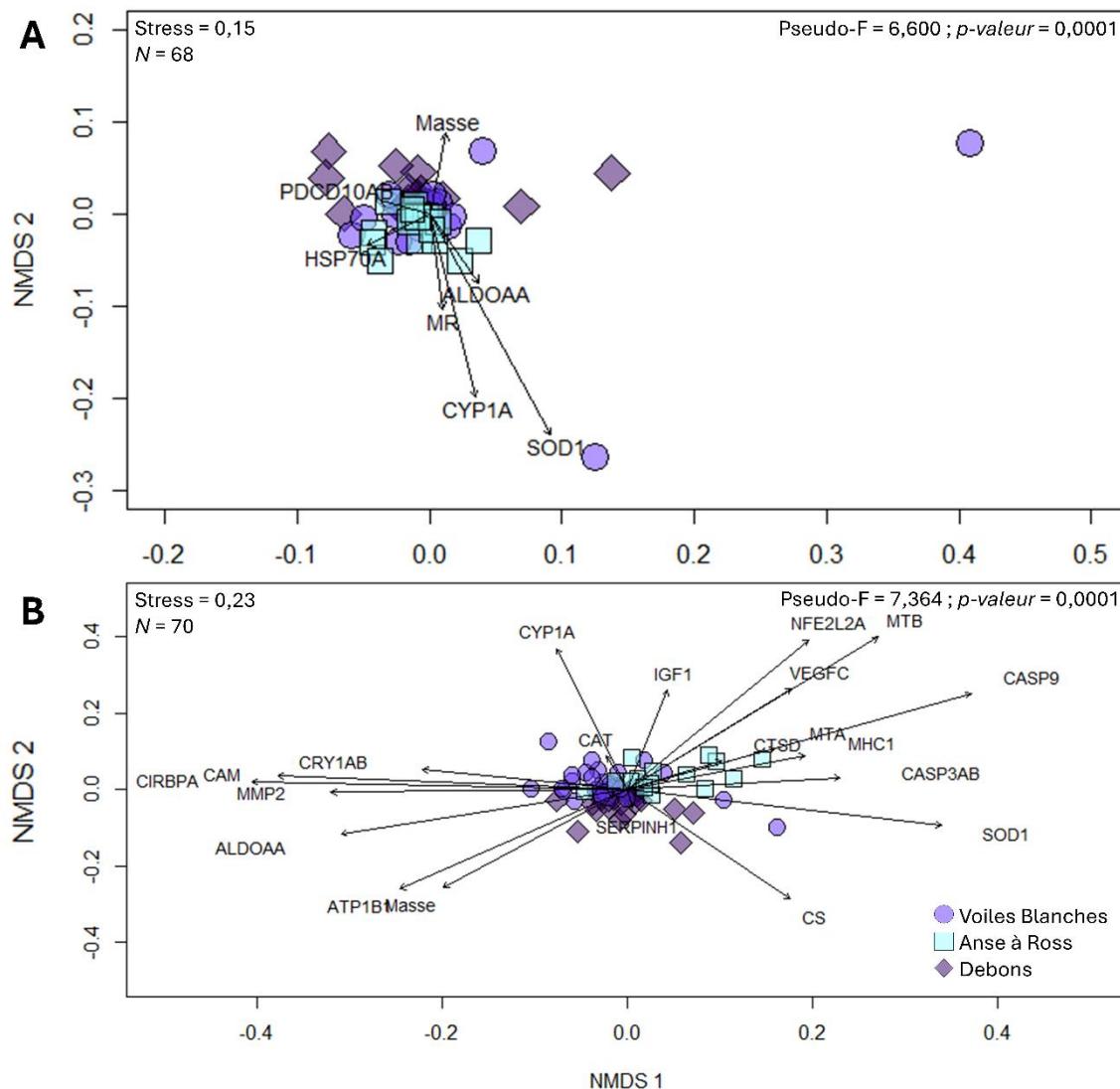


Figure 33. Ordination de l'échelle multidimensionnelle non paramétrique (nMDS) et résultats PERMANOVA (Pseudo-F et *p*-valeur) de la différenciation entre les hydro systèmes de Langlade (A) au niveau des foies ($N = 68$) et (B) au niveau des branchies ($N = 70$), basée sur la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis. Les valeurs de stress indiquent le niveau de significativité de la représentation. Les gènes présentés illustrent les variables impliquées significativement dans les dissimilarités observées avec la PERMANOVA (analyses SIMPER).

Tableau 12. Analyse PERMANOVA avec comparaison multivariée par paires entre les hydrossystèmes de Langlade. Les analyses pour les foies (en haut) et les branchies (en bas) sont séparées par une ligne pointillée. La *p-valeur* ajustée correspond à une correction de Bonferroni.

Degré de liberté	Sommes des carrés	Pseudo-F	<i>p-valeur</i> ajustée
DB-VB	1	0,135	2,57
DB-AR	1	0,602	10,01
VB-AR	1	0,376	7,19
<hr/>			
DB-VB	1	0,221	4,73
DB-AR	1	0,607	9,75
VB-AR	1	0,368	7,53

p-valeur* < 0,05 ; *p-valeur* < 0,005.

Abréviations : DB : Debons, VB : Voiles Blanches, AR : Anse à Ross.

(contributions respectives : 0,008 et 0,004 ; *p-valeurs* : 0,049 et 0,001 ; Figure 33B), *MTA* et *MTB* [RS] (contributions respectives : 0,002 et 0,002 ; *p-valeurs* : 0,034 et 0,001 ; Figure 33B), *CASP9* [AC] (contribution = 0,014 ; *p-valeur* = 0,047 ; Figure 33B), *ATP1B1* (Osmorégulation [O] ; contribution = 0,001 ; *p-valeur* = 0,023 ; Figure 33B) et *MHC-1* [FI] (contribution = 0,0001 ; *p-valeur* = 0,004 ; Figure 33B). Enfin, la différenciation des individus des Voiles Blanches et de l'Anse à Ross implique de nombreux gènes : *CASP9* et *CASP3AB* [AC] (contributions respectives : 0,02 et 0,004 ; *p-valeurs* : 0,008 et 0,040 ; Figure 33B), *VEGFC* et *ALDOA* [H] (contributions respectives : 0,01 et 0,002 ; *p-valeurs* : 0,039 et 0,005 ; Figure 33B), *IGF1*, *CTSD* et *CS* [CM] (contributions respectives : 0,01, 0,003 et 0,003 ; *p-valeurs* : 0,024, 0,004 et 0,022 ; Figure 33B), *NFE2L2A* et *CAT* [D] (contributions respectives : 0,004 et 0,001 ; *p-valeurs* : 0,001 et 0,006 ; Figure 33B), *MMP2*, *MTB*, *SERPINH1*, *CIRBPA* et *MTA* [RS] (contributions respectives : 0,002, 0,002, 0,002, 0,002 et 0,002 ; *p-valeurs* : 0,0001, 0,007, 0,001, 0,001 et 0,018 ; Figure 33B), *CAM* et *MHC-1* [FI] (contributions respectives : 0,002 et 0,0001 ; *p-valeurs* : 0,001 et 0,001 ; Figure 33B) et *ATP1B1* [O] (contribution = 0,001 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 33B).

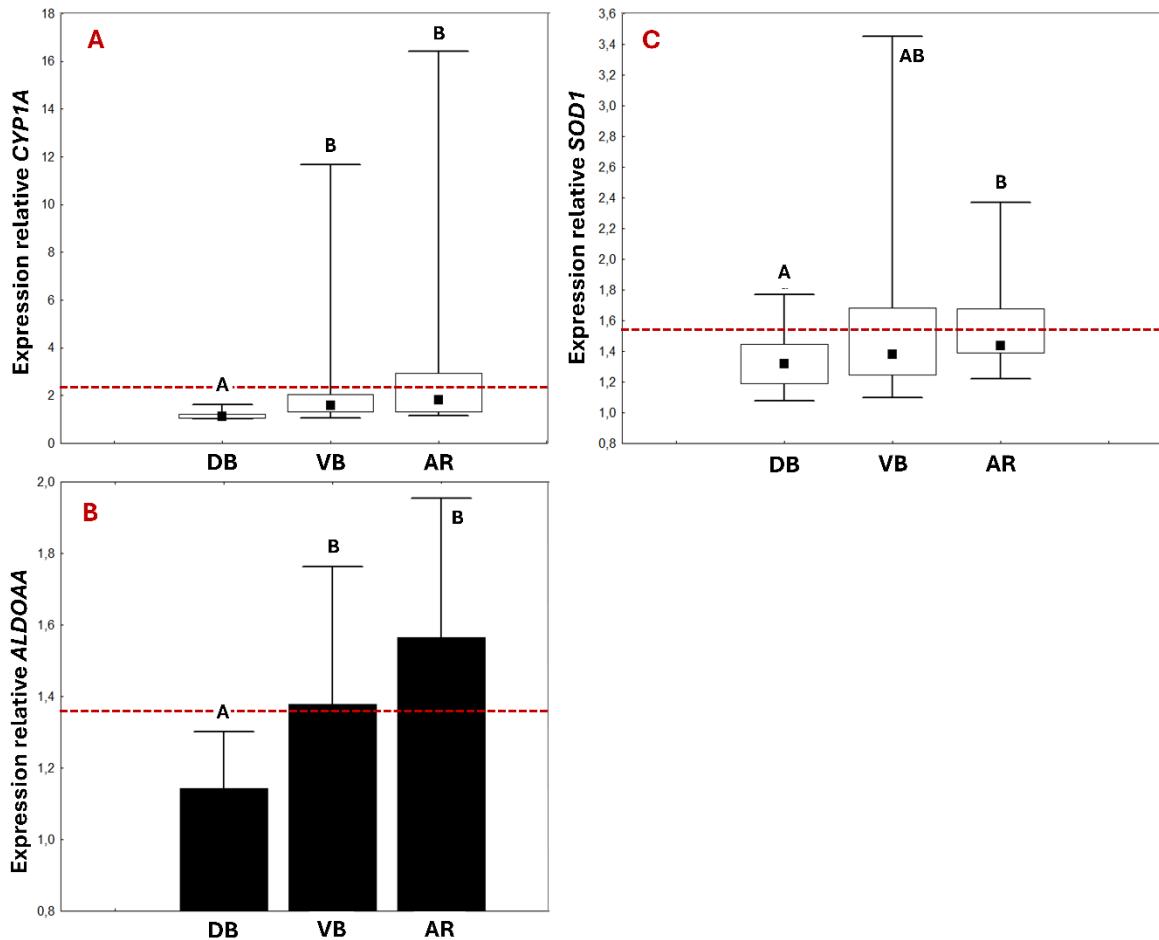


Figure 34. Profils de l'expression relative des gènes *CYP1A*, *ALDOAA*, *SOD1* dans le foie des ombles de fontaines capturés à Langlade. La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches, Langlade) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (*p-valeur* < 0,05). Abréviations : DB : Debons, VB : Voiles Blanches, AR : Anse à Ross. Pour les graphiques A et C (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Pour le graphique B, les données sont présentées sous forme de moyenne et la moustache indique l'écart-type supérieur.

Les analyses *a posteriori* montrent une sous-expression relative de *CYP1A* chez les individus de Debons en comparaison de ceux des Voiles Blanches et Anse à Ross (Figure 35A), ainsi qu'une sous-expression de *CASP9*, *MHC-1* et *NFE2L2A* chez les poissons de Debons et Voiles Blanches par rapport à ceux de l'Anse à Ross (Figure 35B ; Figure 35C ; Figure 35D). Les gènes *SERPINH1* et *CS* présentent respectivement une sur- et une sous-expression relative significative pour les individus de l'Anse à Ross en comparaison de ceux de Debons (Figure 35E) et des Voiles Blanches (Figure 35F), tandis que *ATP1B1* se trouve sous-exprimé dans l'Anse à Ross par rapport aux deux autres hydro-systèmes (Figure 35G). Les individus des Voiles Blanches montrent également une surexpression de *MMP2* et *CRYIAB* en comparaison de ceux de Debons et Anse à Ross (Figure 35H ; Figure 35I). Enfin, les trois hydro-systèmes ont présenté des niveaux d'expression relative distincts les uns des autres pour *CIRBPA* et *MTB*, avec respectivement une sous-expression chez les individus de l'Anse à Ross par rapport à ceux de Debons suivi de ceux des Voiles Blanches, et une sous-expression chez les poissons de Debons en comparaison de ceux des Voiles Blanches suivi de ceux de l'Anse à Ross.

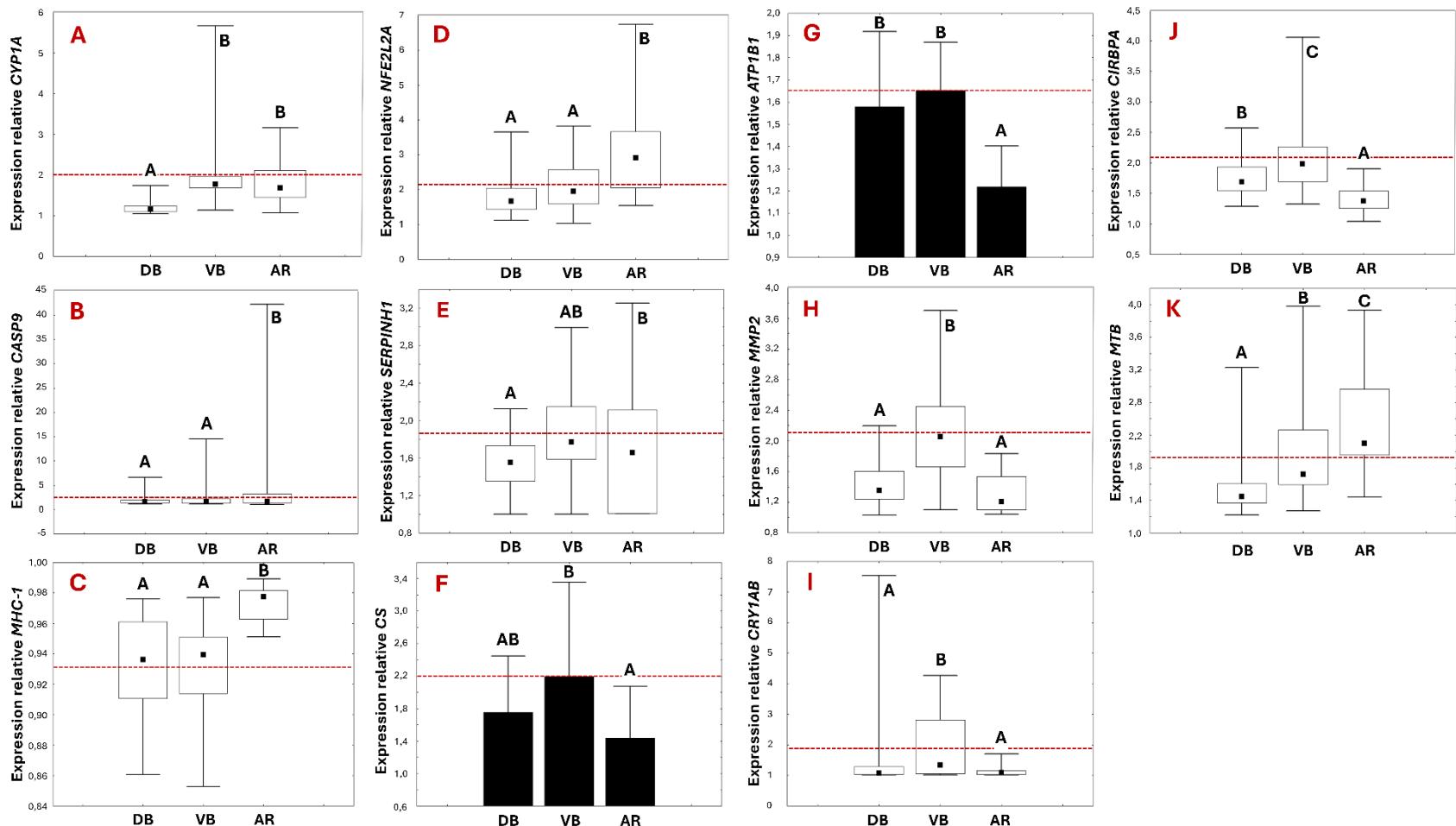


Figure 35. Profils de l'expression relative des gènes *CYP1A*, *CASP9*, *MHC-1*, *NFE2L2A*, *SERPINH1*, *CS*, *ATP1B1*, *MMP2*, *CRY1AB*, *CIRBPA*, *MTB* dans les branchies des ombles de fontaines capturés à Langlade. La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches, Langlade) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (p -valeur < 0,05). Abréviations : DB : Debons, VB : Voiles Blanches, AR : Anse à Ross. Pour les graphiques A, B, C, D, E, H, I, J et K (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Pour les graphiques F et G, les données sont présentées sous forme de moyenne et la moustache indique l'écart-type supérieur.

Saint-Pierre

À Saint-Pierre, les comparaisons entre les hydrosystèmes indiquent des différences significatives entre les individus de Savoyard et de Thélot (nMDS, Figure 36A ; PERMANOVA ; Tableau 13) pour le foie. Cette différenciation s'explique essentiellement par des différences de masse (contribution = 0,13 ; *p-valeur* = 0,011).

Pour les branchies, les dissimilarités les plus marquées soulignent des différences pour les individus issus de Thélot (nMDS, Figure 36B ; PERMANOVA ; Tableau 13). Les individus de Cap au diable et de Thélot se différencient par l'expression relative de *SLC2A1A* [H] (contribution = 0,005 ; *p-valeur* = 0,006 ; Figure 36B), *CLOCK1A* [RC] (contribution = 0,005 ; *p-valeur* = 0,017 ; Figure 36B), *CPT1A* [D] (contribution = 0,005 ; *p-valeur* = 0,044 ; Figure 36B), *HSP7C* [RS] (contribution = 0,004 ; *p-valeur* = 0,006 ; Figure 36B), *PGK* [H] (contribution = 0,003 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 36B), *CYP1A* [D] (contribution = 0,002 ; *p-valeur* = 0,001 ; Figure 36B), *GSTP1* [D] (contribution = 0,0007 ; *p-valeur* = 0,047 ; Figure 36B). Les analyses *a posteriori* montrent une sous-expression significative de *CYP1A* et une surexpression significative de *PGK* chez les individus de Thélot (Figure 37A ; Figure 37B). Les individus de Cap au diable sont caractérisés par une sous-expression significative de *HSP7C* (Figure 37C).

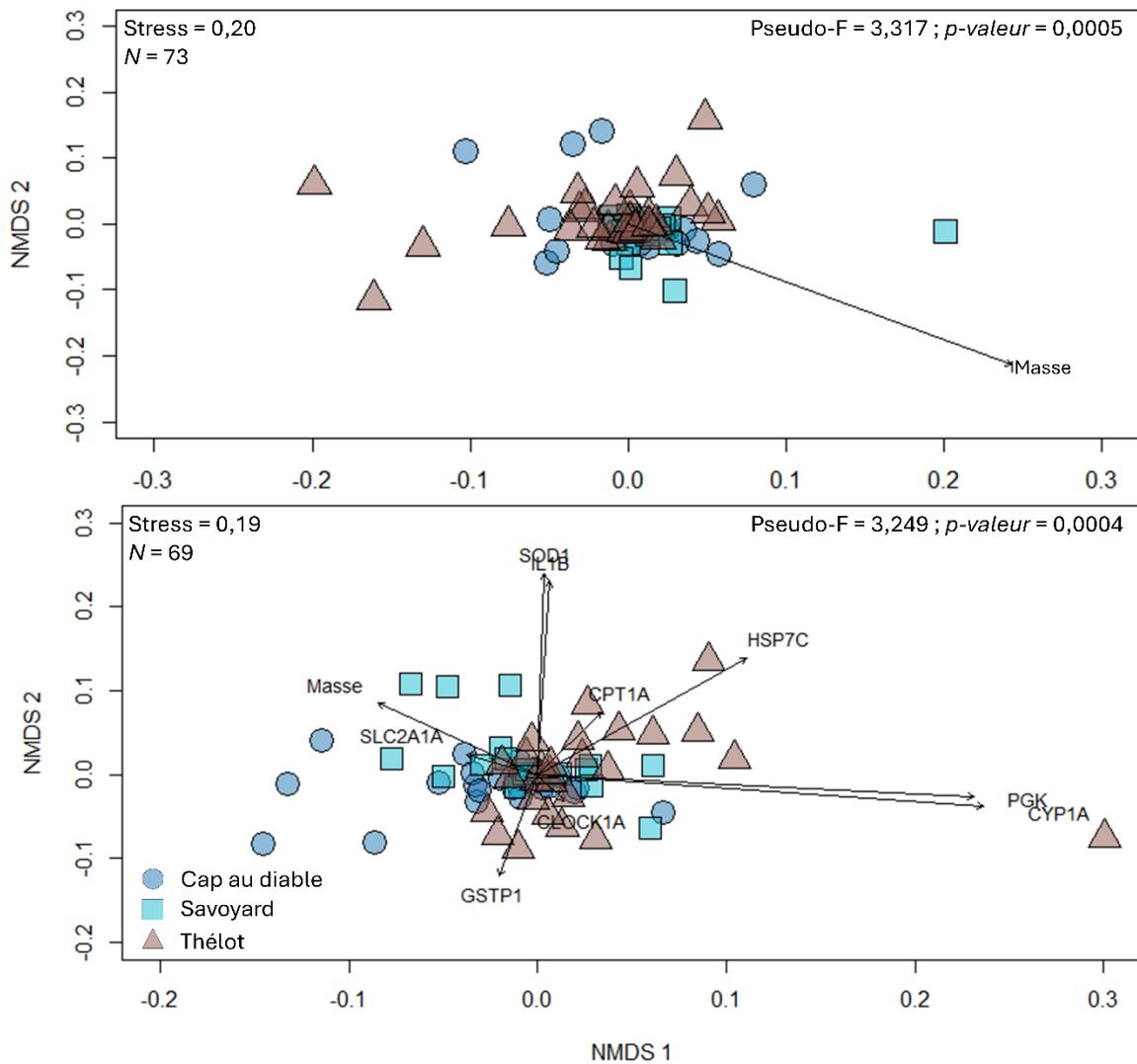


Figure 36. Ordination de l'échelle multidimensionnelle non paramétrique (nMDS) et résultats PERMANOVA (Pseudo-F et p -valeur) de la différenciation entre les hydro systèmes de Saint-Pierre (**A**) au niveau des foies ($N = 73$) et (**B**) au niveau des branchies ($N = 69$), basée sur la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis. Les valeurs de stress indiquent le niveau de significativité de la représentation. Les gènes présentés illustrent les variables impliquées significativement dans les dissimilarités observées avec la PERMANOVA (analyses SIMPER).

Tableau 13. Analyse PERMANOVA avec comparaison multivariée par paires entre les hydro-systèmes de Saint-Pierre. Les analyses pour les foies (en haut) et les branchies (en bas) sont séparées par une ligne pointillée. La *p-valeur* ajustée correspond à une correction de Bonferroni.

	Degré de liberté	Sommes des carrés	Pseudo-F	<i>p-valeur</i> ajustée
CAP-SVYD	1	0,113	2,58	0,141
CAP-TH	1	0,071	1,67	0,282
SVYD-TH	1	0,243	5,85	0,003**
CAP-SVYD	1	0,117	2,29	0,117
CAP-TH	1	0,149	2,88	0,015*
SVYD-TH	1	0,241	4,49	0,003**

p-valeur* < 0,05 ; *p-valeur* < 0,005.

Abréviations : CAP : Cap au diable, SVYD : Savoyard, TH : Thélot.

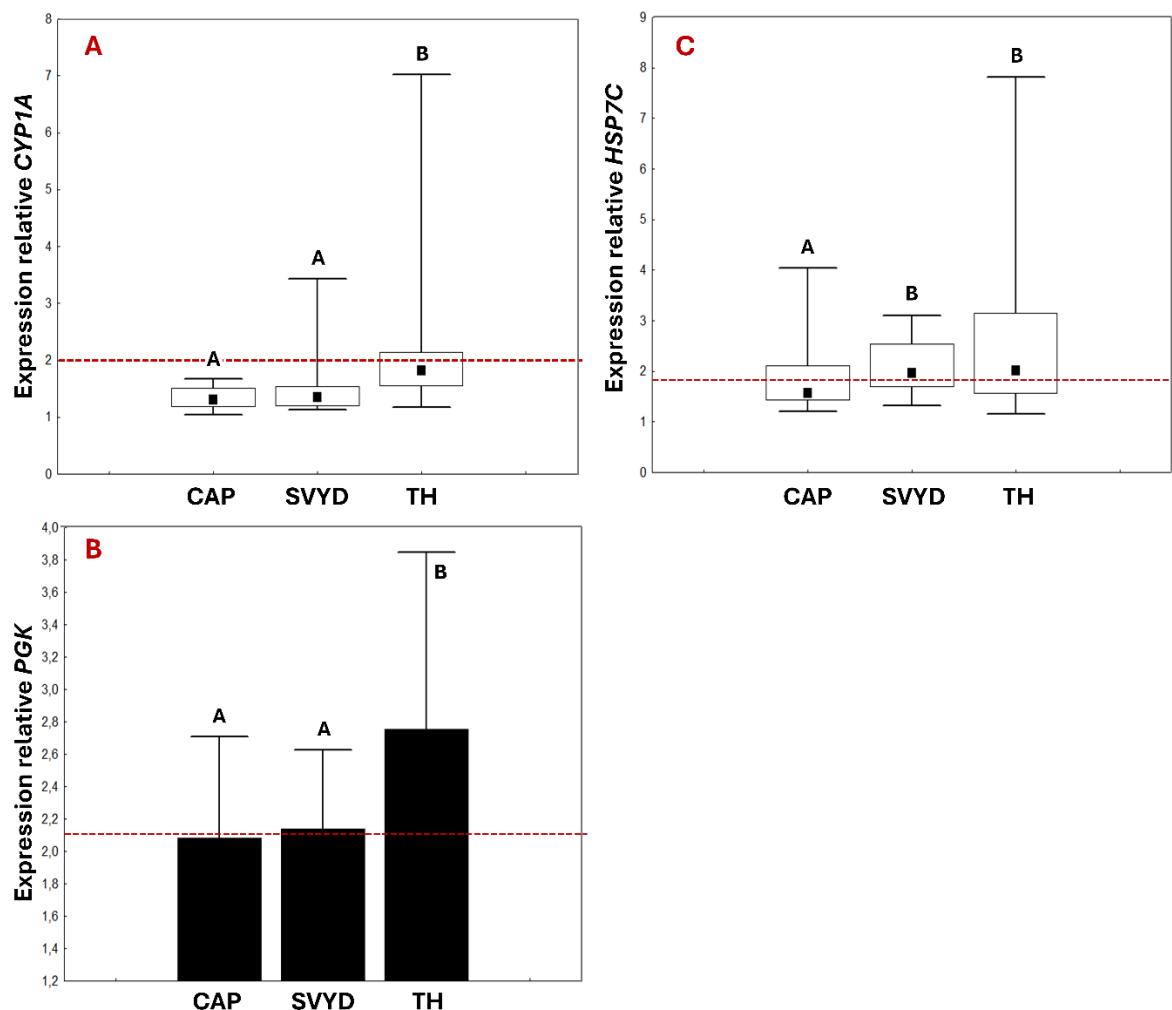


Figure 37. Profils (médiane \pm écart-type) de l'expression relative des gènes *CYP1A*, *PGK* et *HSP7C* dans les branchies des ombles de fontaines échantillonés à Saint-Pierre. La ligne rouge pointillée indique le niveau d'expression relative du groupe calibrateur (Voiles Blanches, Langlade) pour ces gènes. Les lettres indiquent le degré de différenciation d'expression relative (p -valeur $< 0,05$) entre les hydro-systèmes étudiés. Abréviations : CAP : Cap au diable, SVYD : Savoyard, TH : Thélot. Pour les graphiques A et C (analyses non paramétriques), le carré noir au centre indique la médiane, les rectangles indiquent les centiles et les moustaches indiquent les minimums et maximums. Pour le graphique B, les données sont présentées sous forme de moyenne et la moustache indique l'écart-type supérieur.

DISCUSSION

Le principal objectif de cette étude était de déterminer si le phénotype transcriptomique des ombles différait entre les trois îles de l'archipel et entre les différents hydrosystèmes échantillonnés sur chacune d'elles. Un deuxième objectif était d'examiner si les profils phénotypiques concordaient avec les modèles de structuration génétique suggérés par Viana *et al.* (2025). L'ensemble de nos résultats a montré des différences dans l'expression des gènes entre les îles et les hydrosystèmes, ce qui suggère l'existence de profils phénotypiques distincts possiblement en réponse à des conditions environnementales locales. De plus, des liens peuvent être établis entre nos analyses transcriptomiques et génétiques, particulièrement pour les poissons de Langlade.

Phénotypes morphométriques et transcriptionnels inter-îles

Bien que la masse et la longueur moyenne des ombles de Saint-Pierre soient plus faibles par rapport aux individus de Langlade, il est important de souligner que l'âge des poissons pêchés est inconnu et que leur sexe et la période de pêche n'ont pas été inclus dans l'analyse. Ces facteurs, connus pour influencer directement la croissance et la masse des organismes (Zargar *et al.*, 2012; De Giosa *et al.*, 2014; Ravikumar *et al.*, 2023), pourraient jouer un rôle clé dans les différenciations observées. Il est également possible d'émettre l'hypothèse d'une réallocation de l'énergie initialement dédiée à la croissance vers des mécanismes de réponse aux stress. Dans ce cas, il serait possible d'observer une taille à maturité plus faible, sans que cela implique nécessairement une diminution de l'indice de condition de Fulton pour ces individus. La valeur de cet indice, proche de un pour chaque hydrosystème, indique par ailleurs une condition physique moyenne (Stevenson & Woods, 2006) et homogène chez les ombles de l'archipel. Par ailleurs, les indices de condition de Fulton ne présentent aucune différenciation entre les îles. Cela suggère que les différences de masses et de longueurs pourraient davantage être liées à des facteurs intrinsèques aux organismes plutôt qu'à une réelle disparité dans l'état de santé des individus à cette échelle spatiale. La valeur de ces indices, proche de un, indique une condition physique moyenne (Stevenson & Woods, 2006) et homogène chez les ombles de l'archipel.

Les données transcriptomiques indiquent une expression relative accrue de gènes normalement associés à la présence de contaminants chez les poissons échantillonnés à Saint-Pierre en comparaison de ceux échantillonnés sur Langlade et Miquelon. Cette réponse se traduit par une surexpression du gène *CYP1A* au niveau hépatique, un biomarqueur reconnu de l'exposition à différents polluants environnementaux chez les poissons, tels que les composés organochlorés ou les hydrocarbures aromatiques polycycliques (Arukwe, 2002; McClain *et al.*, 2003; Quirós *et al.*, 2007; McLimans *et al.*, 2022). On observe également une surexpression du gène *MTA* au niveau des branchies. Ce gène code pour un biomarqueur du stress oxydatif qui a déjà été associé à une surexposition aux métaux lourds chez les organismes aquatiques (Achard *et al.*, 2004; Kim & Kang, 2016; Pastorino *et al.*, 2020). Le contexte anthropique de Saint-Pierre pourrait être associé à une pression environnementale accrue sur les écosystèmes aquatiques. Les nombreux aménagements urbains, en particulier autour des masses d'eau, dégradent la qualité des hydrossystèmes locaux. Selon la Direction des Territoires, de l'Alimentation et de la Mer (DTAM) de Saint-Pierre-et-Miquelon, les étangs et cours d'eau de cette île sont affectés par l'envasement, l'eutrophisation, des pollutions diffuses (qui résultent de la non-conformité des réseaux d'assainissement), ainsi que par des pollutions accidentelles liées à l'urbanisation résidentielle ou économique (Cerema & DTAM, 2018). Ainsi, ces pressions humaines spécifiques à Saint-Pierre pourraient expliquer la réponse transcriptionnelle plus élevée associée à des mécanismes de détoxicification.

Sur Langlade, bien que l'analyse SIMPER ait identifié les gènes *HSP7C*, *CASP3AB* et *IGF1* comme étant des contributeurs potentiels de la différenciation entre les îles, les ANOVAs n'ont pas permis de le confirmer. Cette absence de signal robuste pourrait être associée à des différences très peu marquées et donc possiblement non signifiantes biologiquement. La surexpression dans les branchies des individus de Langlade de *GSTP1*, un gène impliqué dans la détoxicification cellulaire et la réponse au stress oxydatif pourrait refléter une pression environnementale particulière. Contrairement aux îles de Saint-Pierre et de Miquelon, où les pressions anthropiques sont importantes à faibles, ici c'est l'influence de facteurs géologiques naturels qui pourraient expliquer ces résultats. Langlade est en effet

caractérisée par des formations de siltites, quartzites et grès (Blein *et al.*, 2015) qui peuvent naturellement contenir des éléments traces métalliques (*e.g.*, cadmium, arsenic, plomb, zinc). L’altération et l’érosion des roches, sous l’effet de conditions climatiques locales, pourraient lessiver ces éléments dans les hydrosystèmes (Kolarova & Napiórkowski, 2021). Une fois libérés, ces éléments peuvent induire un stress oxydatif chez les organismes vivants (Patra *et al.*, 2011; Ramachandra *et al.*, 2018; Zhang & Reynolds, 2019; Saad *et al.*, 2023). Cette hypothèse reste toutefois à déterminer par des analyses en chimie environnementale. Les branchies, en tant qu’interface entre l’environnement externe et interne, sont particulièrement sensibles aux modifications de l’environnement chimique, ce qui pourrait expliquer la surexpression localisée de ce gène.

Phénotypes morphométriques et transcriptionnels intra-îles

Des différenciations morphométriques et transcriptionnelles observées chez les ombles de fontaine de l’archipel se retrouvent également à l’intérieur de chaque île et permettent de dresser des profils phénotypiques pour plusieurs hydrosystèmes. De même que pour l’analyse inter-îles, bien que les analyses SIMPERs aient identifié certains gènes comme des contributeurs potentiels aux différenciations observées, seules les observations des ANOVAs *a posteriori* sont discutées ici, car elles constituent le signal le plus robuste pour définir les variabilités inter-hydrosystèmes.

Miquelon

Sur cette île, les ombles de Bellevue et de Sylvain sont apparus les plus différenciés. En revanche, les poissons de Mirande et de Carcasse de l’Ouest n’ont montré que peu de surexpression génique spécifique, quel que soit l’organe étudié, ce qui ne permet pas de définir de profils phénotypiques propres à ces deux hydrosystèmes.

Les poissons de Bellevue sont caractérisés par la surexpression d’un cortège de gènes normalement associés à des mécanismes de réponses aux stress environnementaux au niveau hépatique (gènes liés à la réponse hypoxique ou à la détoxicification) et branchial (gènes

associés à la fonction immunitaire ou à la détoxication). Cela suggère la présence de contraintes environnementales plus fortes, bien qu'une caractérisation physico-chimique plus précise de cet étang soit nécessaire pour définir les causes précises de ces réponses transcriptionnelles. Il est tout de même intéressant de noter que Bellevue est un étang de tourbière situé en tête de bassin versant. Ces environnements sont généralement caractérisés par des conditions environnementales particulières, telles qu'un pH acide et un milieu oligotrophe (Banaś, 2013), qui sont définies comme peu favorables pour l'espèce (Gunn & Noakes, 1986; Cole *et al.*, 2001). Ces conditions semblent être présentes à Bellevue (Annexe 10).

À Sylvain, les différenciations d'expression génique se trouvent au niveau branchial et concernent principalement les comparaisons avec les individus de Mirande et de Carcasse de l'Ouest. Les faibles tailles et masses des individus, combinées à la surexpression de gènes liés au stress oxydatif, à la croissance, au métabolisme, à l'apoptose et à l'osmorégulation dans les branchies, suggèrent un environnement contraignant. La forte diversité d'habitats de cet hydrosystème (étang en tête de bassin versant, rivière avec de nombreux embâcles, embouchure), couplée à des conditions environnementales similaires à celles de Bellevue (Annexe 10) pourraient exposer les omble à des défis tels que l'hypoxie, les variations de salinité ou encore la compétition alimentaire.

Langlade

Parmi les trois hydrosystèmes échantillonnés sur Langlade, les poissons de l'Anse à Ross ont montré le plus de différences d'expression génique relative. Les spécimens de Debons et des Voiles Blanches ont également montré une surexpression génique relative, ce qui a permis de définir des profils phénotypiques propres à ces hydrosystèmes.

Les poissons de l'Anse à Ross présentent un profil phénotypique qui suggère une exposition à plusieurs stress environnementaux. La surexpression de gènes liés au stress oxydatif au niveau hépatique (*SOD1*) et branchial (*NFE2L2A*, *MTB*) pourrait indiquer une réponse de détoxication à des conditions locales. *NFE2L2A* est notamment impliqué dans

l'activation des voies antioxydantes (Mukaigasa *et al.*, 2012; Wang & Gallagher, 2013), tandis que *SOD1* et *MTB* sont généralement activés en réaction à un excès d'Espèces Réactives à l'Oxygène (ERO) ou à des métaux lourds (Walker *et al.*, 2008; Mukaigasa *et al.*, 2012; Mills & Gallagher, 2017). De plus, la surexpression de gènes associés à la fonction immunitaire (*MHC-I*) et à l'apoptose (*CASP9*) dans les branchies pourrait refléter des défis immunitaires spécifiques ou la nécessité d'éliminer des cellules endommagées (Landis *et al.*, 2008; Zeng *et al.*, 2021). Si l'apoptose est un mécanisme de protection cellulaire important pour les organismes, son activation excessive peut nuire aux fonctions branchiales essentielles, comme l'osmorégulation (Xiao *et al.*, 2024). La sous-expression de *ATP1B1*, qui code pour une sous-unité de la pompe Na⁺-K⁺ ATPase, pourrait également signaler une capacité réduite à s'adapter à des variations chimiques de l'environnement (Wang *et al.*, 2014; Albecker *et al.*, 2021), tandis que la surexpression de *SERPINH1* par rapport aux poissons de Debons, un gène qui code pour une protéine chaperonne impliquée dans le repliement des protéines, pourrait indiquer un stress cellulaire important, possiblement lié à des facteurs chimiques (Nuez-Ortín *et al.*, 2018; Ham *et al.*, 2024). L'isolement de l'Anse à Ross des activités humaines rend peu probable une contamination anthropique directe. Les réponses observées pourraient être attribuées à des paramètres physico-chimiques naturels (milieu oligotrophe acide ; Annexe 10), mais des analyses supplémentaires sont nécessaires pour valider ces interprétations.

Les ombles des Voiles Blanches présentent des réponses transcriptomiques uniques (surexpression combinée de gènes liés au stress thermique, au rythme circadien, à la croissance et au métabolisme) au niveau branchial. Cela pourrait refléter des adaptations à leur environnement isolé (*i.e.*, cascade qui se jette dans l'océan), où les conditions environnementales pourraient être relativement stables, mais contraignantes (pH acide ; Annexe 10). La surexpression de *CIRBPA*, un gène associé à la réponse au froid (Liu *et al.*, 2023) et de *CRYIAB*, impliqué dans la régulation du rythme circadien (Kobayashi *et al.*, 2000; Lahiri *et al.*, 2005; Lazado *et al.*, 2014), suggère que ces poissons pourraient avoir développé des mécanismes pour gérer des variations environnementales spécifiques. La surexpression de CS, une enzyme mitochondriale clé dans le cycle de l'acide citrique et la

régulation du métabolisme énergétique (Couture *et al.*, 1998), pourrait indiquer une demande énergétique accrue par rapport aux individus de l’Anse à Ross. Chez les poissons, son activité semble influencée par divers facteurs environnementaux, tels que l’hypoxie, la température ou la pollution (Pollino & Holdway, 2003; White *et al.*, 2012). Enfin, la surexpression de *MMP2*, impliquée dans le remodelage de la matrice extracellulaire et la réparation tissulaire (Hsu *et al.*, 2006; Johnson *et al.*, 2014), pourrait indiquer que ces poissons ont développé des réponses transcriptionnelles adaptées à des conditions environnementales potentiellement stressantes (*e.g.*, température froide, flux ou débit d’eau importants, pH acide) qui nécessitent la réparation des branchies.

Saint-Pierre

De façon générale, les individus pêchés à Saint-Pierre ont montré peu de différenciation d’expression génique relative entre les hydrosystèmes. Ce faible signal, qui n’a été observé qu’au niveau branchial, ne permet pas de dresser des profils phénotypiques spécifiques à chacun de ces hydrosystèmes et pourrait indiquer que leurs conditions environnementales sont relativement similaires (voir Annexe 10).

Liens entre structure génétique et profils transcriptomiques

L’omble de fontaine est connu pour exprimer une très grande plasticité phénotypique (McGlade & MacCrimmon, 1979; Stauffer & King, 2015; Kazyak *et al.*, 2015, 2022; Weathers *et al.*, 2019; White *et al.*, 2023) et pour être l’une des espèces les plus génétiquement structurées des espèces animales (Gyllensten, 1985; Ward *et al.*, 1994; Castric *et al.*, 2001). Les résultats combinés de notre analyse transcriptomique et d’une précédente analyse génétique conduite sur ces mêmes individus (Viana *et al.*, 2025) révèlent des schémas différenciés de ces ombles aux échelles inter et intra-îles. Cela souligne les influences distinctes des pressions environnementales et anthropiques, ainsi que des dynamiques évolutives propres à chaque île ou hydrosystème.

À Saint-Pierre, la richesse allélique plus élevée pourrait favoriser une plus grande plasticité phénotypique, ce qui permettrait aux ombles de répondre plus efficacement à des pressions anthropiques élevées, comme cela semble être le cas à la vue de la surexpression d'un nombre important de gènes possiblement indicateurs de réponse à une pollution anthropique. À l'échelle intra-île, la présence marquée d'un groupe génétique, possiblement en lien avec l'historique de repeuplement sur cette île, pourrait être liée à la faible différenciation de réponses transcriptionnelles entre les hydrosystèmes. À l'inverse, à Langlade, la consanguinité élevée et la faible variabilité génétique observées à l'Anse à Ross ou aux Voiles Blanches pourraient limiter cette plasticité et exacerber les impacts des stress environnementaux en augmentant les risques d'expression d'allèles délétères récessifs et en diminuant les chances pour un individu de pouvoir faire face aux défis environnementaux imposés par leur habitat (Lynch *et al.*, 1995; Fagan & Holmes, 2006). Enfin à Miquelon, la pression anthropique modérée semble maintenir un équilibre sans perturbations phénotypiques notables, à l'exception des ombles de Bellevue qui expriment à la fois une consanguinité importante et des gènes associés à la détoxicification et la réponse au stress oxydatif. L'ensemble de ces observations suggèrent une interaction possible entre les contraintes génétiques (dépression consanguine) et les pressions environnementales (pollution, isolement géographique) qui pourraient influencer la capacité des populations à répondre aux perturbations locales et à persister sur le long terme dans leur environnement.

Réponse transcriptomique branchiale et hépatique

Une réponse transcriptomique plus prononcée au niveau des branchies a été observée comparativement au niveau hépatique. Les branchies jouent un rôle dans de nombreuses fonctions physiologiques (*e.g.*, respiration, osmorégulation, équilibre acido-basique, excréptions des déchets métaboliques) et agissent également comme l'une des premières barrières immunitaires chez les poissons (Islam *et al.*, 2024). En revanche, bien que le foie soit un organe clé pour la régulation de la croissance, de l'entreposage de réserves énergétiques, de la détoxicification et de la vitellogenèse (Escobar-Sierra *et al.*, 2024; Mackey *et al.*, 2021), il n'est pas en première ligne pour les échanges avec le milieu extérieur. Ces

différences fonctionnelles pourraient expliquer la sensibilité accrue des branchies aux signaux environnementaux et expliquer les changements transcriptomiques plus marqués observés dans cet organe.

CONCLUSION

Nos résultats révèlent une variabilité transcriptomique significative chez les ombles de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon, malgré des facteurs de conditions similaires.

À l'échelle inter-îles, les différences d'expression génique pourraient refléter des réponses spécifiques aux conditions locales, avec une pression anthropique accrue à Saint-Pierre et une influence potentielle de pressions géologiques naturelles à Langlade. À Miquelon, les conditions environnementales sont apparues probablement plus stables ou moins contraignantes.

À l'échelle intra-île, les divergences transcriptionnelles mettent en évidence des environnements contraignants à Bellevue (Miquelon), Anse à Ross et Voiles Blanches (Langlade), déjà identifiés comme différenciés par leur structure génétique spécifique.

Cette étude illustre l'importance d'approches intégratives pour comprendre les dynamiques écologiques et évolutives des populations insulaires isolées. Des études complémentaires, incluant des analyses physico-chimiques détaillées des hydrosystèmes, permettraient de préciser les mécanismes sous-jacents aux réponses phénotypiques observées.

DISCUSSION GÉNÉRALE

Les îles sont confrontées à des défis environnementaux et socio-économiques uniques, ce qui les place parmi les régions les plus vulnérables au monde face au changement global (Baldaçchino & Niles, 2011; Walker & Bellingham, 2011; Connell, 2013), alors même qu'elles possèdent une richesse biologique exceptionnelle et souvent endémique, qui est essentielle pour les populations humaines locales (Royle, 2014; Kueffer & Kinney, 2017). La mise en place d'une gestion durable de la biodiversité dans les îles offre un double bénéfice : le maintien de la diversité adaptative des espèces, par la préservation des adaptations uniques des petites populations isolées (Gilpin & Soulé, 1986) et le soutien de l'économie locale. En accompagnant les communautés insulaires humaines vers une meilleure connaissance de leur biodiversité, il est ainsi possible de créer des opportunités économiques, telles que l'écotourisme et le développement de filières aquacoles.

Les habitants de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon ont un lien très étroit avec leurs ressources naturelles, comme le montre l'exemple historique de la pêche à la morue (*Gadus morhua*), l'une des plus importantes pêcheries au monde à la fin des années 1960, mais qui a connu un arrêt brutal dans la région en 1992, à la suite d'une baisse dramatique de la biomasse de cette espèce (Hamilton & Butler, 2001; Palomares & Pauly, 2022). Depuis cet événement, le secteur de la pêche et de la valorisation de ces produits, qui étaient auparavant les principales activités économiques de l'archipel (Bultel & Zylich, 2015), peinent à se relever (Teletchea, 2022). C'est dans ce contexte que le projet OMBLESPM, dans lequel s'inscrit cette thèse, a été initié en 2018. Il s'intéresse à l'omble de fontaine, une espèce patrimoniale des eaux douces de l'archipel et qui possède un intérêt économique considérable dans la région, aussi bien pour l'aquaculture que pour la pêche sportive (Gagné, 2023).

Les connaissances sur l'état actuel des populations d'omble de l'archipel sont parcellaires, bien qu'elles semblent en déclin depuis plusieurs décennies (Briand *et al.*, 2021) et qu'elles devront faire face à une augmentation des pressions qui s'exercent sur elles dans

les années à venir, notamment à cause du changement global. Cette espèce clé occupe la position trophique la plus élevée dans les cours d'eau de l'archipel et elle est également représentative de cours d'eau de grande qualité (Dutil & Power, 1980). Elle peut ainsi être considérée à la fois comme une espèce clé de voûte et comme une espèce parapluie, car son rôle écologique est essentiel pour la structure et le fonctionnement du reste de la cascade trophique (Tzilkowski, 2005) et que sa préservation profite à l'écosystème dans son ensemble.

La détermination du potentiel adaptatif de ces populations permettrait la priorisation des actions de gestion et de conservation (Taylor *et al.*, 2011) et la mise en place de programmes de restauration ou de valorisation adaptés (Hendry *et al.*, 2003). Cette thèse visait ainsi à réaliser un bilan des connaissances acquises localement, puis à évaluer la diversité génétique neutre et la variabilité phénotypique de ces populations pour guider les futures mesures de gestion et de valorisation de cette espèce.

CONTEXTE ET ENJEUX DE L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON

Le premier chapitre de cette thèse établit le contexte de l'étude des populations d'omble de fontaine dans l'archipel. Il expose les bases écologiques et biologiques de ces populations, tout en retracant l'historique des recherches locales et des expérimentations en aquaculture menées depuis les années 1980, grâce à l'analyse de la littérature grise disponible. Il aborde également les enjeux liés à l'élevage et à la domestication des poissons, notamment les risques pour la diversité génétique et l'adaptabilité des populations sauvages, qui pourraient compromettre le succès des programmes de repeuplement, quel que soit leur objectif.

L'omble de fontaine est une espèce patrimoniale de l'archipel qui fait face à plusieurs pressions, notamment la surpêche et les impacts du changement climatique. Les différents niveaux d'anthropisation des îles sont également soulignés, Saint-Pierre étant l'île avec le plus d'impacts humains sur les milieux aquatiques et Langlade, l'île la plus préservée. Au

niveau écologique, l'étude des ombles de fontaine dans l'archipel révèle une coexistence de populations résidentes et migratrices, ces dernières effectuant des déplacements entre les cours d'eau côtiers et l'océan ou au sein du système Mirande. L'archipel abrite également des populations d'ombles de fontaine aux caractéristiques morphologiques et phénotypiques particulières, comme celles de l'Anse à Ross, rappelant le capelan, ou celles des Voiles Blanches, marquées par une coloration très orangée ; des différences probablement dues aux spécificités des habitats et des ressources alimentaires. La présence de parasites est également signalée, sans qu'on sache exactement leurs impacts sur les populations.

À partir des années 1980, l'ensemencement de certaines masses d'eau a été réalisé, avec des ombles élevés en captivité et issus de géniteurs de Miquelon ou de Saint-Pierre. Ces pratiques ont cependant soulevé des préoccupations concernant l'introgression génétique. De plus, tous les projets aquacoles ont échoué, principalement en raison de facteurs économiques et environnementaux défavorables. Cela souligne les difficultés de développer l'aquaculture dans un environnement isolé comme celui de l'archipel.

Ce chapitre fournit ainsi un cadre solide pour interpréter les résultats des chapitres suivants et relier les nouvelles données expérimentales au contexte historique de la gestion de cette espèce sur l'archipel. Il met en avant la nécessité de caractériser ces populations à travers leurs composantes génétiques et phénotypiques pour guider des mesures de gestion durable de l'espèce et souligne l'importance de développer des stratégies adaptées pour la conserver, en prenant en compte les contraintes écologiques, économiques et historiques propres à l'archipel.

VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE À FINE ÉCHELLE DE L’OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON

Le deuxième chapitre de la visait à évaluer la diversité et la structure génétique de l’omble de fontaine à Saint-Pierre-et-Miquelon à trois échelles spatiales (île, hydrosystème, amont-aval), en génotypant dix *loci* microsatellites chez 244 individus. L’objectif était de déterminer le patron génétique contemporain de cette espèce sur l’archipel et de discuter de la vulnérabilité de ces petites populations face aux pressions environnementales et anthropiques.

Lors des analyses préliminaires en laboratoire, la détermination des températures optimales d’hybridation, essentielle pour la création des multiplexes des amorces microsatellites présentés au chapitre 2, fut complexe et six couples d’amorces microsatellites ont dû être écartés des analyses, malgré les efforts déployés. Sur les huit individus sélectionnés aléatoirement pour les tests, plusieurs présentaient des profils multi-bandes à une température donnée pour ces couples non retenus, suggérant la présence d’amplifications non spécifiques. Ces résultats pourraient s’expliquer par plusieurs facteurs, comme une spécificité imparfaite des amorces qui favoriserait l’appariement à plusieurs régions du génome. La complexité du génome des ombles de fontaine, qui est marqué par un polymorphisme élevé ou d’éventuelles duplications géniques, pourrait également contribuer à expliquer ces amplifications multiples. Des résultats similaires ont déjà été montrés chez plusieurs espèces de poissons (Chistiakov *et al.*, 2006; David *et al.*, 2003). Il est important de noter qu’il s’agit ici de la toute première étude génétique sur les populations d’omble de Saint-Pierre-et-Miquelon. Les couples d’amorces utilisés ont été développés pour des populations éloignées géographiquement (Angers *et al.*, 1995; Dehaan & Ardren, 2005; King *et al.*, 2012; O'Reilly *et al.*, 1996; Perry *et al.*, 2005b) et issues de refuges glaciaires probablement distincts (Danzmann *et al.*, 1998; Dyke & Prest, 1987; Dyke *et al.*, 2002; Schmidt, 1986). Par conséquent, les populations de Saint-Pierre-et-Miquelon et celles utilisées pour le développement des amorces pourraient présenter une légère différenciation au niveau du génome.

Nos résultats ont révélé une variabilité génétique limitée dans l'archipel, avec une diversité génétique particulièrement faible sur Langlade. Une différence dans la composition allélique à travers l'archipel a également été détectée, avec une richesse allélique plus élevée à Saint-Pierre. Du point de vue structurel, une différenciation génétique significative a été montrée entre les hydrosystèmes (F_{ST} global = 0,19), en suivant le patron défini par les différents bassins versants, ce qui est en accord avec de précédentes études menées sur d'autres populations d'omble de fontaine d'Amérique du Nord (Perkins *et al.*, 1993; Danzmann *et al.*, 1998; Castric *et al.*, 2001; Kazyak *et al.*, 2018; Bruce *et al.*, 2019). Dans certains cas, une structure génétique a également été observée à l'intérieur de ces hydrosystèmes, ce qui pourrait indiquer que les individus résidents en eau douce peuvent développer des unités de reproduction distinctes des individus migrants, même à très petite échelle spatiale (Angers & Bernatchez, 1998; Angers *et al.*, 1999; Hébert *et al.*, 2000). Enfin, l'association d'un flux de gènes inter-îles prédominant et d'un isolement génétique complet pour plusieurs hydrosystèmes suggère l'influence d'événements historiques liés au processus de recolonisation postglaciaire de l'espèce et d'actions récentes de repeuplement sur l'archipel.

Un des éléments particulièrement intéressants de cette étude est la mise en évidence du « paradoxe génétique » engendré par les actions d'ensemencements sur l'archipel. Sur les îles de Saint-Pierre et de Miquelon, où les actions d'ensemencements ont été les plus fréquentes, la richesse allélique est plus élevée que celle détectée à Langlade. Cependant, dans un même temps, ces repeuplements semblent avoir entraîné une homogénéisation génétique qui a modifié les unités génétiques locales. Ceci est particulièrement visible à Saint-Pierre. À l'inverse, les populations d'omble de Langlade, moins affectées par ces interventions, montrent une diversité génétique plus faible et des niveaux de parenté élevés à l'Anse à Ross et aux Voiles Blanches, bien qu'on y trouve davantage de groupes génétiquement distincts. Cela souligne la vulnérabilité des populations sauvages isolées et soumises à la dérive génétique et pose la question de la gestion la plus appropriée pour les préserver sur le long terme.

Cette étude constitue la toute première analyse génétique des populations d'omble de fontaine de Saint-et-Miquelon. L'ensemble des résultats obtenus souligne l'importance de considérer la diversité et la structure génétique à fine échelle dans les stratégies de conservation et de gestion des espèces piscicoles, en intégrant les spécificités génétiques locales de ces populations. Les populations de Langlade et de Bellevue (Miquelon) qui présentent une faible diversité génétique et des niveaux de consanguinité élevés doivent faire l'objet d'une gestion proactive, car elles pourraient se révéler particulièrement vulnérables aux perturbations environnementales et aux introductions génétiques extérieures.

APPROCHE TRANSCRIPTOMIQUE MULTI-ÉCHELLES DE L'OMBLE DE FONTAINE À SAINT-PIERRE-ET-MIQUELON

Dans le troisième chapitre de thèse, nous avons utilisé une puce transcriptomique multi-espèces d'eau douce qui cible des gènes liés à huit fonctions biologiques pour étudier la réponse des omble de fontaine face aux facteurs de stress présents dans leur environnement. L'objectif principal était de déterminer si le phénotype transcriptionnel des omble de l'archipel différait entre les îles et entre les hydrosystèmes à l'intérieur de chacune d'elles possiblement en réponse aux pressions environnementales et anthropiques exercées.

Nos résultats ont révélé une variabilité des réponses transcriptomiques significative chez les omble de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon, à la fois entre les îles et au sein de celles-ci. À l'échelle inter-îles, les réponses observées reflètent des facteurs de stress potentiellement distincts. À Saint-Pierre, la surexpression accrue de gènes associés à la réponse détoxifiante chez les omble pourrait résulter de la plus forte urbanisation de l'île et de la possible dégradation de la qualité de certaines masses d'eau (eutrophisation, envasement, pollution diffuse). Pour vérifier cette hypothèse, il pourrait être intéressant de réaliser un suivi physico-chimique des masses d'eau de l'île, ou encore de définir un indice d'urbanisation pour chaque hydrosystème étudié. À Langlade, la différence d'expression génique de *GSTP1*, associée à la réponse au stress oxydatif et à la détoxicification pourrait davantage être liée à la présence naturelle d'éléments traces métalliques dans les

hydrosystèmes. L'homogénéité des indices de condition de Fulton, qui indique l'état d'embonpoint général des poissons, indique une condition physiologique moyenne qui ne permet pas de diagnostiquer des problèmes aigus dans une population. Enfin, à l'échelle intra-île, des hydrosystèmes situés à Miquelon (Bellevue) et à Langlade (Anse à Ross), se sont distingués par des réponses transcriptionnelles marquées, suggérant des environnements particulièrement contraignants pour les ombles de fontaine.

Cette étude a également montré une réponse transcriptomique plus prononcée au niveau branchial qu'au niveau hépatique, avec vingt gènes exprimés différemment dans les branchies et quatre dans les foies. Les branchies, au même titre que la peau ou les intestins, font partie des principales muqueuses en contact avec l'environnement extérieur (Cabillon & Lazado, 2019). Chez les poissons téléostéens, cet organe multifonctionnel est impliqué dans de nombreux processus physiologiques, comme l'absorption de l'oxygène, l'équilibre ionique ou l'excrétion de l'ammoniac et agit comme une barrière immunitaire (Daoust & Ferguson, 1983; Islam *et al.*, 2024). Le foie, quant à lui, est davantage associé à la réponse secondaire au stress et agit en régulant le métabolisme énergétique (mobilisation des glucides et des lipides) et en soutenant la réponse immunitaire (Hernández-Pérez *et al.*, 2019). La différence de réponse d'expression génique révélée dans notre étude entre ces deux organes pourrait ainsi s'expliquer par leurs différences fonctionnelles. L'analyse de plusieurs organes est donc précieuse pour obtenir une approche intégrée de la réponse systémique des poissons face aux stress environnementaux et anthropiques.

Cette analyse transcriptomique constitue l'une des toutes premières réalisées à partir des puces transcriptomiques multi-espèces d'eau douce développées par le consortium *Genome Canada* dans le cadre du projet GEN-FISH (Best *et al.*, 2024; Islam *et al.*, 2024) et la toute première conduite avec succès sur des populations sauvages d'ombles de fontaine. Elle a permis la validation de cette technologie pour l'évaluation des performances des populations sauvages de cette espèce, dans un contexte d'augmentation des facteurs de stress environnementaux et anthropiques.

UNE APPROCHE MULTIDISCIPLINAIRE POUR UNE COMPRÉHENSION APPROFONDIE DES PETITES POPULATIONS SAUVAGES

Au cours des dernières décennies, l'intégration des études de la diversité génétique neutre et de la diversité adaptative des populations sauvages dans les plans de gestion et de conservation est devenue de plus en plus répandue. Elles permettent d'identifier les forces évolutives à l'œuvre dans les populations (Moritz, 2002) et de définir la variation phénotypique existante à une échelle de temps réduite (McKay & Latta, 2002; van Tienderen *et al.*, 2002). Elles évaluent donc le potentiel d'adaptation des populations et permettent de prioriser les actions de gestion et de conservation (Taylor *et al.*, 2011) et de guider la mise en place de programmes de restauration adaptés (Hendry *et al.*, 2003). Il est cependant encore rare que ces études soient menées conjointement et sur les mêmes individus, ce qui est l'une des originalités de la présente thèse.

En mobilisant ces deux domaines de recherche, nous avons pu mieux comprendre les populations d'ombles de fontaine de l'archipel. À l'échelle inter-îles, les ombles de Saint-Pierre ont montré une richesse allélique supérieure et une homogénéisation de leur structure génétique. Associées à une réponse transcriptomique qui pourrait révéler une exposition accrue à des contaminants environnementaux (Figure 38), ces observations révèlent le niveau d'anthropisation plus élevé de l'île, qui affecte la qualité des milieux aquatiques et les populations animales qui s'y trouvent. Sur Langlade, les résultats obtenus indiquent une richesse allélique réduite, une diversité de signal génétique (trois groupes génétiques identifiés parmi les quatre hydrosystèmes étudiés), ainsi qu'une surexpression d'un gène possiblement en lien avec la présence de métaux lourds d'origine géologique (Figure 38). Cela pourrait rendre compte de l'influence de l'environnement et des processus démographiques naturels dans la structuration génétique et le développement d'adaptation locale de ces populations.

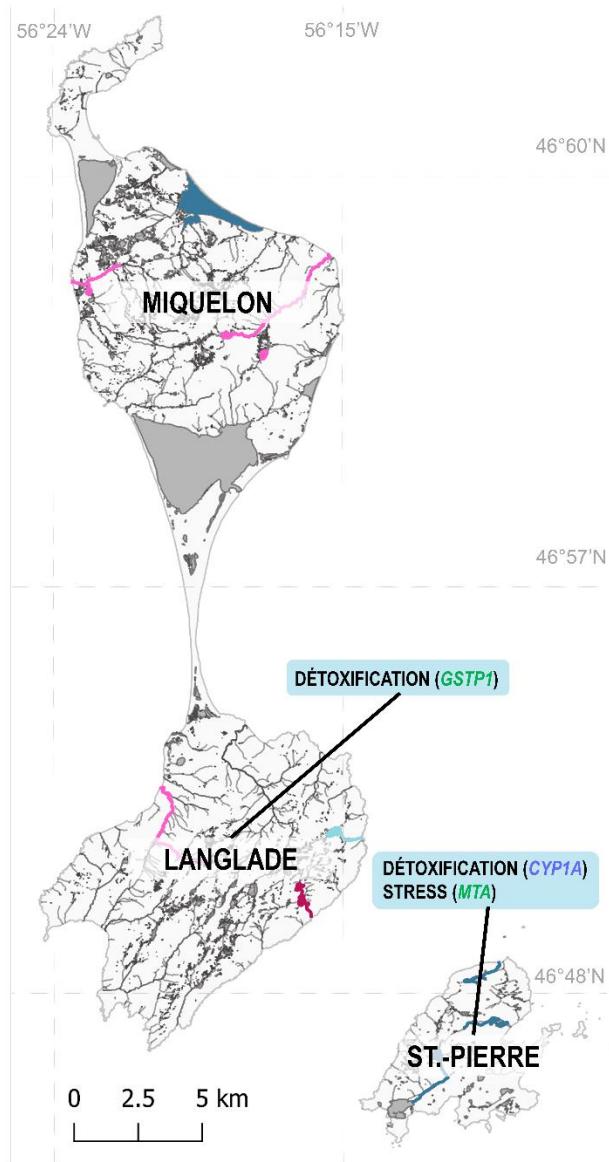


Figure 38. Représentation spatialisée des profils transcriptomiques inter-îles des ombles de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon. Les fonctions physiologiques et les gènes surexprimés par rapport aux autres îles sont présentés. Gènes en vert : surexpression branchiale ; gène en violet : surexpression hépatique.

Il est intéressant de noter que les populations de Bellevue (Miquelon) et de l’Anse à Ross (Langlade) sont mises en avant par les études de la diversité génétique neutre et adaptative (Figure 39). Ces populations présentent à la fois une faible diversité génétique neutre, avec une consanguinité élevée et une absence de signal génétique extérieur, ainsi

qu'une réponse d'expression génique relative spécifique (Figure 39). Cela soulève des questionnements sur la capacité de ces populations à s'adapter aux changements environnementaux futurs et à persister sur le long terme et fait craindre l'apparition d'une dépression consanguine. Cela indique également que ces ombles sont soumis à des environnements très contraignants et qui nécessitent le développement d'adaptations locales pour survivre. Ces observations montrent le besoin de la mise en place rapide d'une gestion et/ou d'une restauration de ces deux populations et de leurs habitats associés, pour favoriser leurs résiliences et leurs potentiels adaptatifs.

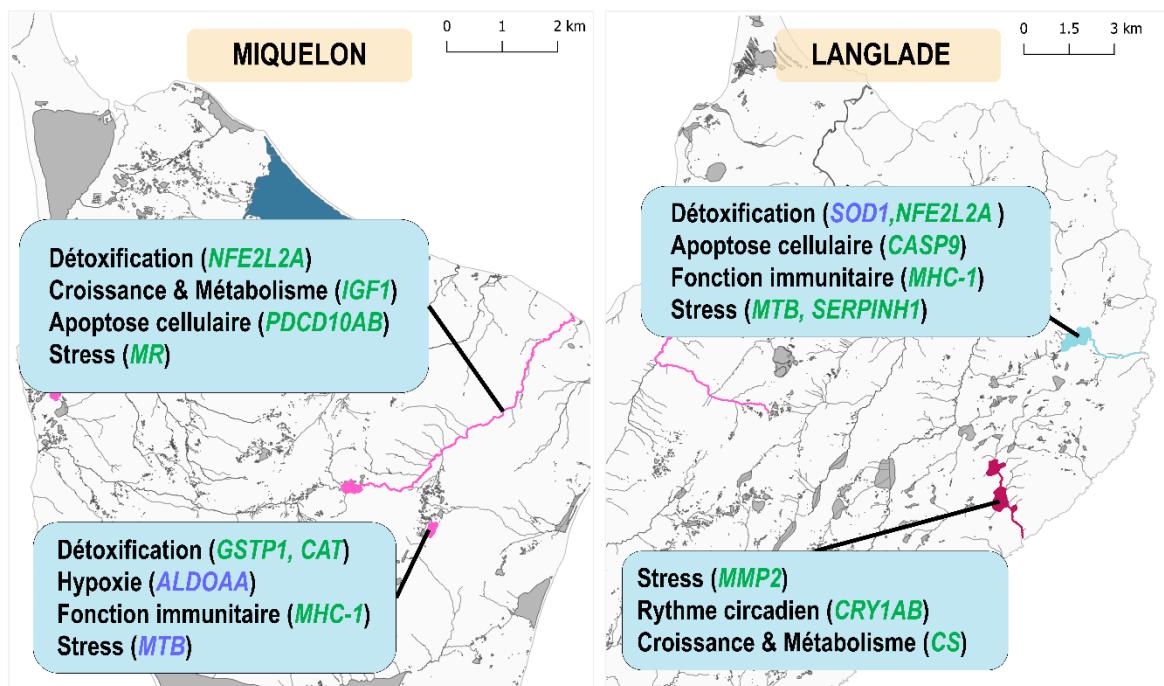


Figure 39. Représentation spatialisée des profils transcriptomiques intra-îles des ombles de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon. Les fonctions physiologiques et les gènes surexprimés par rapport aux autres hydrossystèmes sont présentés. Gènes en vert : surexpression branchiale ; gènes en violet : surexpression hépatique.

VERS UNE GESTION DIFFÉRENCIÉE DES POPULATIONS LOCALES

La combinaison des résultats de ces deux études ouvre la voie à une gestion plus éclairée, qui intègre la nécessité de limiter les facteurs qui exacerbent la perte de diversité

génétique et la connectivité des populations et qui tient compte des pressions spécifiques à chaque hydrosystème.

La structuration génétique en mosaïque, ainsi que l’isolation génétique de certains hydrosystèmes (Bellevue, Anse à Ross, Maquine et Voiles Blanches), suggèrent que chaque groupe génétique devrait être considéré comme une unité de gestion à part entière. Dans ce contexte, les actions de repeuplement, même entre sites situés sur une même île, doivent être envisagées avec prudence et être précédées d’une évaluation génétique approfondie pour ne pas altérer les signatures génétiques propres à ces groupes. Il reste également à déterminer s’il serait davantage bénéfique de sélectionner la population donneuse qui présente le plus de diversité génétique ou bien celle qui présente le moins de différenciation génétique avec la population receveuse.

L’hétérogénéité des profils transcriptomiques observée entre les hydrosystèmes témoigne de réponses différentes aux stress environnementaux et anthropiques. Bien que l’origine de ces stress reste à confirmer, ces réponses pourraient constituer la base d’un dispositif de biosurveillance local. Une telle approche permettrait de suivre l’évolution de la condition physiologique des populations dans le temps, en lien avec les dynamiques environnementales propres à chaque hydrosystème.

Enfin, les hydrosystèmes qui présentent à la fois une richesse allélique élevée et des caractéristiques phénotypiques singulières, méritent aussi une attention particulière. Leur préservation implique la mise en œuvre de mesures ciblées, notamment sur la qualité de l’habitat, avec la lutte contre l’envasement, le maintien des régimes hydrologiques naturels, la limitation des perturbations d’origine humaine, ou encore l’amélioration ou la restauration des zones d’intérêts pour le cycle de vie de l’espèce (*e.g.*, zone de frai).

UN ANCRAGE LOCAL FORT : GAGE DE RÉUSSITE POUR LA CONSERVATION ET LE DÉVELOPPEMENT INSULAIRE

L’élaboration de stratégies de gestion et de valorisation des ressources naturelles nécessite de concilier les besoins écologiques avec les enjeux socio-économiques des populations locales. Le cas des milieux insulaires est unique, car les communautés humaines qui y vivent font face à des défis environnementaux et socio-économiques qui leur sont propres. La richesse et la fragilité de leurs écosystèmes, associées à leur problématique de sécurité alimentaire et de développement économique, nécessitent une compréhension fine de l’état de ces écosystèmes et des besoins des communautés locales.

La mise en place d’une approche de recherche holistique offre le bénéfice de révéler des dynamiques des populations animales parfois complexes et de permettre la mise en place d’un plan de gestion et de restauration adapté, qui concilie les besoins des espèces et les objectifs de développement insulaire des populations humaines. Cela implique également d’intégrer les acteurs locaux de la conception à la mise en œuvre des projets. Dans cette étude, la mise à disposition de la littérature grise issue du travail de plusieurs locaux, ainsi que l’implication très forte des pêcheurs et gestionnaires à la collecte des échantillons, illustre la volonté des habitants de l’archipel à collaborer activement avec les scientifiques pour le développement d’une gestion éclairée de leur population d’omble de fontaine.

Grâce à leur soutien, nous avons pu réaliser un effort de pêche conséquent et sans précédent sur l’archipel. Néanmoins, malgré l’implication locale très forte, les efforts de pêche sur certains sites présélectionnés à Saint-Pierre (étang de Savoyard) et à Miquelon (rivière et lagune du Grand Barachois connectées à Bellevue) n’ont pas toujours donné les résultats escomptés. L’étang de Savoyard est très étendu avec une dynamique de courants particulière et il est difficile de prévoir si l’endroit sélectionné est propice pour la capture d’individus à un instant donné. Dans le cas de la rivière et de la lagune du Grand Barachois, un bloom algal très important (dont l’origine n’est pas encore identifiée) a entraîné une modification des conditions chimiques de l’eau.

PERSPECTIVES

Cette thèse de doctorat ouvre la voie à de futurs travaux qui pourront permettre de caractériser encore davantage les populations d'omble de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon. Cela permettra d'affiner le nouveau plan de gestion et d'accroître notre compréhension des mécanismes qui façonnent ces petites populations insulaires.

Tout d'abord, le recours aux puces transcriptomiques multi-espèces d'eau douce, développées par le consortium *Genome Canada*, offre la possibilité d'étudier 52 gènes impliqués dans de nombreuses fonctions physiologiques possiblement affectées par les différents facteurs de stress présents dans l'environnement. Cela pose néanmoins le défi du traitement d'un nombre conséquent de données. Dans le cadre du chapitre 3 de cette thèse, les analyses inter et intra-îles des expressions géniques relatives dans le foie et les branchies ont été présentés. Les analyses inter-hydrosystèmes à l'échelle de l'archipel, ainsi que celles intra-hydrosystème, ont également été réalisées, mais n'ont pas été présentées en raison du temps important de lecture et d'interprétation des résultats. Des données issues de l'analyse de la photothèque établie durant le prélèvement des échantillons et portant sur le sexe et la coloration de la robe des individus pourraient également être valorisées pour établir un lien entre phénotype et conditions environnementales locales. Toutes ces informations sont à disposition et pourront servir à des travaux ultérieurs.

L'utilisation de nouvelles approches de génotypage à haute résolution, telles que les marqueurs SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), pourrait également constituer une perspective prometteuse. Contrairement aux microsatellites, les SNPs permettent une couverture génomique beaucoup plus large et offrent la possibilité d'analyser simultanément des variations génétiques neutres et adaptatives (Kardos *et al.*, 2021). Une telle approche faciliterait l'identification des *loci* potentiellement soumis à la sélection, tout en affinant la compréhension des patrons de structuration génétique à fine échelle. Cela renforcerait considérablement les capacités de diagnostic et d'aide à la décision pour la gestion durable des populations.

Une meilleure compréhension des structures en âge des populations d’omble de l’archipel pourrait aussi permettre l’ajustement des mesures de gestion et de conservation aujourd’hui appliquée localement. Chez les poissons téléostéens, l’approche la plus courante et la plus fiable pour estimer l’âge des individus est l’analyse des anneaux de croissance des otolithes (Morat *et al.*, 2020). Dans cet objectif, une étude préliminaire a été initiée en mars 2024 pour permettre la collecte des paires de *sagittae*, l’otolithe le plus gros chez l’omble de fontaine et par conséquent le plus utilisé pour les analyses d’estimation d’âge. La grande majorité des prélèvements sont issus des pêches réalisées par des pêcheurs de l’archipel pour leur consommation personnelle. L’ensemble des échantillons est en cours de traitement à la station marine de Dinard (France), sous la supervision de Laure-Sarah Virág, responsable du pôle de sclérochronologie.

Plusieurs autres études complémentaires, axées sur les régimes alimentaires ou encore le parasitisme chez ces populations, seraient également d’intérêt. La définition des ressources alimentaires à disposition dans chacun des hydrosystèmes étudiés pourrait potentiellement être associée aux mesures morphométriques (taille, poids, indice de condition) et aux différences de mesures d’expression génique. L’identification précise des différents parasites trouvés chez les omble de l’archipel pourrait également amener à une meilleure compréhension de leurs impacts sur ces populations.

CONCLUSION GÉNÉRALE

Cette thèse de doctorat constitue le tout premier travail de recherche sur la diversité génétique et phénotypique des populations d'omble de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon. Elle a permis de mettre en lumière la complexité de la gestion et de la conservation de cette espèce patrimoniale face à des pressions multiples, qu'elles soient liées aux activités humaines ou aux changements environnementaux. En retracant l'historique des recherches locales et des initiatives en aquaculture menées sur l'archipel et en caractérisant la diversité génétique et phénotypique des différentes populations étudiées, cette thèse fournit des bases solides pour guider les gestionnaires vers des stratégies de préservation durable de cette ressource.

L'analyse de la littérature grise acquise autour de cette espèce informe sur les enjeux liés à l'introduction de poissons élevés en captivité et révèle les spécificités écologiques et biologiques observées sur ces populations. Les échecs des projets aquacoles réalisés sur l'archipel soulignent l'importance d'une approche prudente, fondée sur une meilleure compréhension des spécificités locales de l'omble de fontaine et sur la prise en compte des contraintes insulaires. Le recours à la génétique des populations et à la transcriptomique pour caractériser les populations d'ombles de l'archipel a, quant à lui, permis de souligner l'influence des contraintes liées à des évènements historiques et à des pressions environnementales ou anthropiques actuelles dans la structuration des populations. La faible variabilité génétique et la forte consanguinité observées dans plusieurs hydrosystèmes (Bellevue, Anse à Ross et Voiles Blanches) pourraient limiter la capacité des populations concernées à s'adapter à des environnements changeants et à persister sur le long terme. Dans un même temps, les différences transcriptomiques aux différentes échelles spatiales étudiées suggèrent une plasticité adaptative significative de plusieurs de ces populations, révélant une réponse fonctionnelle aux pressions locales.

Au-delà des nouvelles connaissances scientifiques acquises à travers ces différents travaux de recherche, cette thèse souligne la nécessité d'une gestion intégrée et concertée de la ressource piscicole dans des territoires isolés, qui prend en compte les dynamiques écologiques, les contraintes économiques et les particularités historiques des milieux d'étude. Elle met en évidence l'importance de l'intégration des acteurs locaux (*e.g.*, pêcheurs bénévoles, organismes de gestion et de protection des milieux) dans la création et la mise en place des projets de recherche, car sans leur aide, le prélèvement des individus utilisés dans cette thèse n'aurait pas été possible. Il est également important de rappeler que ce projet de thèse a vu le jour à la suite des inquiétudes soulevées par les gestionnaires locaux concernant le déclin de cette espèce patrimoniale. Il est essentiel que les scientifiques prennent appui et intègrent ces différentes parties prenantes tout au long de leur projet pour faciliter leur implication active dans la gestion et la conservation de leurs ressources.

Cette thèse, par son approche pluridisciplinaire, a permis d'apporter une vision plus éclairée de l'état des populations sauvages d'omble de fontaine de Saint-Pierre-et-Miquelon. Les informations obtenues permettront la mise en place d'une gestion de ces populations qui prend en compte les enjeux de conservation et de valorisation économique de cette espèce emblématique de l'Amérique du Nord. Elle ouvre également la voie à de futures recherches permettant d'approfondir notre compréhension des besoins de ces populations uniques, notamment en étudiant davantage les interactions entre génétique, phénotype et environnement, dans le but de développer des stratégies innovantes et adaptées de gestion pour garantir la pérennité de cette espèce et des activités humaines associées.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Abbe, T., & Brooks, A. (2011). Geomorphic, engineering, and ecological considerations when using wood in river restoration. In *Stream Restoration in Dynamic Fluvial Systems*, Simon, A., Bennett, S. J., & Castro, J. M. (Eds.). *American Geophysical Union*, 194, 419–451.
- Abell, R. (2002). Conservation biology for the biodiversity crisis: a freshwater follow-up. *Conservation Biology*, 16, 1435–1437.
- Achard, M., Baudrimont, M., Boudou, A., & Bourdineaud, J. P. (2004). Induction of a multixenobiotic resistance protein (MXR) in the Asiatic clam *Corbicula fluminea* after heavy metals exposure. *Aquatic Toxicology*, 67, 347–357.
- Adams, B. K., & Hutchings, J. A. (2003). Microgeographic population structure of brook charr: a comparison of microsatellite and mark-recapture data. *Journal of Fish Biology*, 62, 517–533.
- Adams, M. A. (1990). Status and use of biological indicators for evaluating the effects of stress on fish. *American Fisheries Society Symposium*, 8, 1–8.
- Albecker, M. A., Stuckert, A. M. M., Balakrishnan, C. N., & McCoy, M. W. (2021). Molecular mechanisms of local adaptation for salt-tolerance in a treefrog. *Molecular Ecology*, 30, 2065–2086.
- Alfonso, S., Gesto, M., & Sadoul, B. (2021). Temperature increases and its effects on fish stress physiology in the context of global warming. *Journal of Fish Biology*, 98, 1496–1508.
- Al-Ghussain, L. (2019). Global warming: review on driving forces and mitigation. *Environmental Progress & Sustainable Energy*, 38, 13–21.
- Alvarez, M., Schrey, A. W., & Richards, C. L. (2015). Ten years of transcriptomics in wild populations: what have we learned about their ecology and evolution? *Molecular Ecology*, 24, 710–725.
- Anderson, T. W., & Lewis, C. F. M. (2007). Climatic influences of deglacial drainage changes in southern Canada at 10 to 8 ka suggested by pollen evidence. *Géographie physique et Quaternaire*, 46, 255–272.

- Anderson, M. J. (2017). Permutational Multivariate Analysis of Variance (PERMANOVA). *Wiley StatsRef: Statistics Reference Online*, 1-15.
- Angers, B., & Bernatchez, L. (1998). Combined use of SMM and non-SMM Methods to infer fine structure and evolutionary history of closely related brook charr (*Salvelinus fontinalis*, Salmonidae) populations from microsatellites. *Molecular Biology and Evolution*, 15, 143–159.
- Angers, B., Magnan, P., Plante, M., & Bernatchez, L. (1999). Canonical correspondence analysis for estimating spatial and environmental effects on microsatellite gene diversity in brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology*, 8, 1043–1053.
- Angers, B., Bernatchez, L., Angers, A., & Desgroseillers, L. (1995). Specific microsatellite loci for brook charr reveal strong population subdivision on a microgeographic scale. *Journal of Fish Biology*, 47, 177–185.
- Angers, B., Castonguay, E., & Massicotte, R. (2010). Environmentally induced phenotypes and DNA methylation: how to deal with unpredictable conditions until the next generation and after. *Molecular Ecology*, 19, 1283–1295.
- Annett, B., Gerlach, G., King, T. L., & Whiteley, A. R. (2012). Conservation genetics of remnant coastal brook trout populations at the southern limit of their distribution: population structure and effects of stocking. *Transactions of the American Fisheries Society*, 141, 1399–1410.
- Araki, H., Berejikian, B. A., Ford, M. J., & Blouin, M. S. (2008). Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary Applications*, 1, 342–355.
- Arlinghaus, R., Mehner, T., & Cowx, I. G. (2002). Reconciling traditional inland fisheries management and sustainability in industrialized countries, with emphasis on Europe. *Fish and Fisheries*, 3, 261–316.
- Arulkwe, A. (2002). Complementary DNA cloning, sequence analysis and differential organ expression of β -naphthoflavone-inducible cytochrome P4501A in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Comparative Biochemistry and Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology*, 133, 613–624.
- Ash, E., Cushman, S., Kaszta, Z., Landguth, E., Redford, T., & Macdonald, D. W. (2023). Female-biased introductions produce higher predicted population size and genetic

diversity in simulations of a small, isolated tiger (*Panthera tigris*) population. *Scientific Reports*, 13, 11199.

Aubin-Horth, N., & Renn, S. C. P. (2009). Genomic reaction norms: using integrative biology to understand molecular mechanisms of phenotypic plasticity. *Molecular Ecology*, 18, 3763–3780.

Avise, J. C. (2004). Molecular Markers, Natural History, and Evolution, 2nd edition. *Sinauer Associates*, 511 pp.

Baldacchino, G. (2007). A world of islands: an islands studies reader. *Luqa, Malta: Agenda Academic Publishers*, 634.

Baldacchino, G., & Niles, D. (2011). Island futures: conservation and development across the asia-pacific region. *Springer Science & Business Media*, 200.

Banaś, K. (2013). The hydrochemistry of peatland lakes as a result of the morphological characteristics of their basins. *Oceanological and Hydrobiological Studies*, 42, 28–39.

Barrett, R. D. H., & Schluter, D. (2008). Adaptation from standing genetic variation. *Trends in Ecology & Evolution*, 23, 38–44.

Bassar, R. D., Letcher, B. H., Nislow, K. H., & Whiteley, A. R. (2016). Changes in seasonal climate outpace compensatory density-dependence in eastern brook trout. *Global Change Biology*, 22, 577–593.

Bay, R. A., Harrigan, R. J., Underwood, V. L., Gibbs, H. L., Smith, T. B., & Ruegg, K. (2018). Genomic signals of selection predict climate-driven population declines in a migratory bird. *Science*, 359, 83–86.

Beckman, B. R. (2011). Perspectives on concordant and discordant relations between insulin-like growth factor 1 (*IGF1*) and growth in fishes. *General and Comparative Endocrinology*, 170, 233–252.

Beer, S. D., Cornett, S., Austerman, P., Trometer, B., Hoffman, T., & Bartron, M. L. (2019). Genetic diversity, admixture, and hatchery influence in brook trout (*Salvelinus fontinalis*) throughout western New York State. *Ecology and Evolution*, 9, 7455–7479.

- Behnke, R. J. (1972). The systematics of salmonid fishes of recently glaciated lakes. *Journal of the Fisheries Board of Canada*, 29, 639–671.
- Bélanger-Deschênes, S., Couture, P., Campbell, P. G. C., & Bernatchez, L. (2013). Evolutionary change driven by metal exposure as revealed by coding SNP genome scan in wild yellow perch (*Perca flavescens*). *Ecotoxicology*, 22, 938–957.
- Belkir, K., Borsig, P., Chikhi, L., Raufaste, N., & Bonhomme, F. (1996). GENETIX 4.05 Logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Bellard, C., Bertelsmeier, C., Leadley, P., Thuiller, W., & Courchamp, F. (2012). Impacts of climate change on the future of biodiversity. *Ecology Letters*, 15, 365–377.
- Bernatchez, L. (2016). On the maintenance of genetic variation and adaptation to environmental change: considerations from population genomics in fishes. *Journal of Fish Biology*, 89, 2519–2556.
- Bernatchez, L., Renaud, S., Whiteley, A. R., Derome, N., Jeukens, J., Landry, L., Lu, G., Nolte, A. R., Østbye, K., Rogers, S. M., St-Cyr, J. (2010). On the origin of species: insights from the ecological genomics of lake whitefish. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365, 1783–1800.
- Bertrand, M., Marcogliese, D. J., & Magnan, P. (2008). Trophic polymorphism in brook charr revealed by diet, parasites and morphometrics. *Journal of Fish Biology*, 72, 555–572.
- Besner, M., & Pelletier, D. (1991). Adaptation of the brook trout, *Salvelinus fontinalis*, to direct transfer to sea water in spring and summer. *Aquaculture*, 97, 217–230.
- Best, C., Durhack, T. C., Chapelsky, A. J., Aminot, M., Islam, S. S., Heath, D. D., Mochnacz, N. J., Jeffries, K. M. (2024). Transcriptional profiling provides insights on sublethal thermal stress thresholds in juvenile bull trout. *bioRxiv*, 2024.10.22.619659.
- Billy, J., Robin, N., Hein, C. J., Certain, R., & FitzGerald, D. M. (2015). Insight into the late Holocene sea-level changes in the NW Atlantic from a paraglacial beach-ridge plain south of Newfoundland. *Geomorphology*, 248, 134–146.

- Blanchfield, P. J., & Ridgway, M. S. (1999). The cost of peripheral males in a brook trout mating system. *Animal Behaviour*, 57, 537–544.
- Blein, O., Rabu, D., Courbouleix, S., & Audru, J.-C. (2015). Carte géologique de la France (1/50 000) et sa notice, feuille Saint-Pierre-et-Miquelon.
- Bougas, B., Granier, S., Audet, C., & Bernatchez, L. (2010). The transcriptional landscape of cross-specific hybrids and its possible link with growth in brook charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchell). *Genetics*, 186, 97–107.
- Boula, D., Castric, V., Bernatchez, L., & Audet, C. (2002). Physiological, endocrine, and genetic bases of anadromy in the brook charr, *Salvelinus fontinalis*, of the Laval River (Québec, Canada). *Environmental Biology of Fishes*, 64, 229–242.
- Boulet, M., Couturier, S., Côté, S. D., Otto, R. D., & Bernatchez, L. (2007). Integrative use of spatial, genetic, and demographic analyses for investigating genetic connectivity between migratory, montane, and sedentary caribou herds. *Molecular Ecology*, 16, 4223–4240.
- Bourke, P., Magnan, P., & Rodríguez, M. A. (1997). Individual variations in habitat use and morphology in brook charr. *Journal of Fish Biology*, 51, 783–794.
- Bradbury, I. R., Hamilton, L. C., Robertson, M. J., Bourgeois, C. E., Mansour, A., & Dempson, J. B. (2014). Landscape structure and climatic variation determine Atlantic salmon genetic connectivity in the Northwest Atlantic. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 71, 246–258.
- Briand, E., Gustave, E., Perrin, L., & Teletchea, F. (2021). Synthèse des connaissances acquises et des travaux réalisés sur l'omble de fontaine (*Salvelinus fontinalis*) sur l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon. Livrable 1.1, Projet OMBLESPM, Université de Lorraine (financement Fondation de France), 169.
- Bruce, S. A., Hare, M. P., Mitchell, M. W., & Wright, J. J. (2018). Confirmation of a unique and genetically diverse ‘heritage’ strain of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) in a remote Adirondack watershed. *Conservation Genetics*, 19, 71–83.
- Bruce, S. A., Daniel, P. C., Krause, M. K., Henson, F. G., Pershyn, C. E., & Wright, J. J. (2019). A methodological approach to the genetic identification of native brook trout (*Salvelinus fontinalis*) populations for conservation purposes. *Global Ecology and Conservation*, 19, e00682.

- Bugg, W. S., Thorstensen, M. J., Marshall, K. E., Anderson, W. G., & Jeffries, K. M. (2023). Elevated temperatures reduce population-specific transcriptional plasticity in developing lake sturgeon (*Acipenser fulvescens*). *Molecular Ecology*, 32, 4044–4062.
- Bultel, E., & Zyllich, K. (2015). Fisheries catch reconstruction of the western Atlantic French archipelago of Saint-Pierre-et-Miquelon, 1950–2010. 16.
- Bush, E., & Lemmen, D. S. (2019). Canada's changing climate report. Government of Canada, Ottawa, ON, 444.
- Cabillon, N. A. R., & Lazado, C. C. (2019). Mucosal barrier functions of fish under changing environmental conditions. *Fishes*, 4, 2–10.
- Camill, P. (2010). Global Change. *Nature Education Knowledge*, 2, 1–12.
- Caputo, J., Beier, C. M., Fakhraei, H., & Driscoll, C. T. (2017). Impacts of acidification and potential recovery on the expected value of recreational fisheries in Adirondack lakes (USA). *Environmental Science & Technology*, 51, 742–750.
- Carvalho, G. R. (1993). Evolutionary aspects of fish distribution: genetic variability and adaptation. *Journal of Fish Biology*, 43, 53–73.
- Castonguay, M., FitzGerald, G. J., & Côté, Y. (1982). Life history and movements of anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis*) in the St-Jean River, Gaspé, Quebec. *Canadian Journal of Zoology*, 60, 3084–3091.
- Castric, V., & Bernatchez, L. (2003). The rise and fall of isolation by distance in the anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis* Mitchill). *Genetics*, 163, 983–996.
- Castric, V., Bonney, F., & Bernatchez, L. (2001). Landscape structure and hierarchical genetic diversity in the brook charr, *Salvelinus fontinalis*. *Evolution*, 55, 1016–1028.
- Caughley, G. (1994). Directions in conservation biology. *Journal of Animal Ecology*, 63, 215–244.
- Caujapé-Castells, J., Tye, A., Crawford, D. J., Santos-Guerra, A., Sakai, A., Beaver, K., Lobin, W., Vincent Florens, F. B., Moura, M., Jardim, R., Gómes, I., Kueffer, C. (2010). Conservation of oceanic island floras: Present and future global challenges. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 12, 107–129.

- Ceballos, G., Ehrlich, P. R., & Raven, P. H. (2020). Vertebrates on the brink as indicators of biological annihilation and the sixth mass extinction. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117, 13596–13602.
- Cerema, & DTAM. (2018). Document stratégique de bassin maritime Saint-Pierre-et-Miquelon - Situation de l'existant, 130 pp.
- Champigneulle, A., Moutonet, Y., & Gerdeaux, D. (2000). Étude de la production naturelle en salmonidés à Saint-Pierre-et-Miquelon en relation avec les caractéristiques des eaux douces saumâtres et marines (période 1979 – 1981). Rapport SHL, 18.
- Champigneulle, A., Masson, D., & Pascal, P. (1983). Salmoniculture à Saint-Pierre-et-Miquelon. *Science et Pêche*, 16.
- Chapuis, J. (2011). Rapport de stage : Eau & Environnement, Università di Corsica Pasquale Paoli : Institut Universitaire de Technologie.
- Chevin, L.-M., Lande, R., & Mace, G. M. (2010). Adaptation, plasticity, and extinction in a changing environment: Towards a predictive theory. *PLOS Biology*, 8, e1000357.
- Chistiakov, D. A., Hellemans, B., & Volckaert, F. A. M. (2006). Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*, 255, 1–29.
- Christie, M. R., Marine, M. L., Fox, S. E., French, R. A., & Blouin, M. S. (2016). A single generation of domestication heritably alters the expression of hundreds of genes. *Nature Communications*, 7, 10676.
- Claireaux, G., & Audet, C. (2000). Seasonal changes in the hypo-osmoregulatory ability of brook charr: the role of environmental factors. *Journal of Fish Biology*, 56, 347–373.
- Claireaux, J. P. (2005). Compte-rendu de la réunion du 2 mars 2005 avec l'Association les Joyeux pêcheurs de Miquelon. Objet : révision de réglementation pour la saison 2005-2006, p. 2.
- Cloutier, R., Lemay, Y., & Gerdeaux, D. (2003). Rapport de Mission Saint-Pierre-et-Miquelon du 21 juillet au 25 juillet 2003 sur la gestion piscicole des eaux douces. Université du Québec à Rimouski et INRA Thonon. p. 16.

- Cole, M. B., Arnole, D. E., Watten, B. J., & Krise, W. F. (2001). Haematological and physiological responses of brook charr, to untreated and limestone-neutralized acid mine drainage. *Journal of Fish Biology*, 59, 79–91.
- Conley, D. C., & Curtis, M. A. (1994). Larval development of the parasitic copepod *Salmincola edwardsii* on brook trout (*Salvelinus fontinalis*). *Canadian Journal of Zoology*, 72, 154–159.
- Connell, J. (2013). Islands at Risk? : Environments, Economies and Contemporary Change. *Edward Elgar Publishing*.
- Connon, R. E., Jeffries, K. M., Komoroske, L. M., Todgham, A. E., & Fangue, N. A. (2018). The utility of transcriptomics in fish conservation. *Journal of Experimental Biology*, 221, jeb148833.
- Cooke, S. J., Arlinghaus, R., Johnson, B. M., & Cowx, I. G. (2015). Recreational fisheries in inland waters. *Freshwater Fisheries Ecology* (pp. 449–465). John Wiley & Sons, Ltd.
- Cordero-Rivera, A. (2017). Behavioral diversity (Ethodiversity): A neglected level in the study of biodiversity. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 5, 1-7.
- Côté, G., Perry, G., Blier, P., & Bernatchez, L. (2007). The influence of gene-environment interactions on *GHR* and *IGF-1* expression and their association with growth in brook charr, *Salvelinus fontinalis* (Mitchill). *BMC Genetics*, 8, 87.
- Couture, P., Dutil, J.-D., & Guderley, H. (1998). Biochemical correlates of growth and condition in juvenile Atlantic cod (*Gadus morhua*) from Newfoundland. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55, 1591–1598.
- Cowx, I. G., & Portocarrero Aya, M. (2011). Paradigm shifts in fish conservation: moving to the ecosystem services concept. *Journal of Fish Biology*, 79, 1663–1680.
- Crawford, D. L., & Oleksiak, M. F. (2007). The biological importance of measuring individual variation. *Journal of Experimental Biology*, 210, 1613–1621.
- Crozier, L. G., & Hutchings, J. A. (2014). Plastic and evolutionary responses to climate change in fish. *Evolutionary Applications*, 7, 68–87.
- Curry, R. A., Bernatchez, L., Whoriskey, F., & Audet, C. (2010). The origins and persistence of anadromy in brook charr. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 20, 557–570.

- Curry, R., van de Sande, J., & Whoriskey, F. G. (2006). Temporal and spatial habitats of anadromous brook charr in the Laval River and its estuary. *Environmental Biology of Fishes*, 76, 361–370.
- Daly, B. J., Eckert, G. L., & Long, W. C. (2020). Moulding the ideal crab: implications of phenotypic plasticity for crustacean stock enhancement. *ICES Journal of Marine Science*, 78, 421–434.
- Danzmann, R. G., & Ihssen, P. E. (1995). A phylogeographic survey of brook charr (*Salvelinus fontinalis*) in Algonquin Park, Ontario based upon mitochondrial DNA variation. *Molecular Ecology*, 4, 681–698.
- Danzmann, R. G., Morgan II, R. P., Jones, M. W., Bernatchez, L., & Ihssen, P. E. (1998). A major sextet of mitochondrial DNA phylogenetic assemblages extant in eastern North American brook trout (*Salvelinus fontinalis*): distribution and postglacial dispersal patterns. *Canadian Journal of Zoology*, 76, 1300–1318.
- Daoust, P. Y., & Ferguson, H. W. (1983). Gill diseases of cultured salmonids in Ontario. *Canadian Journal of Comparative Medicine*, 47, 358–362.
- David, L., Blum, S., Feldman, M. W., Lavi, U., & Hillel, J. (2003). Recent duplication of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) genome as revealed by analyses of microsatellite loci. *Molecular Biology and Evolution*, 20, 1425–1434.
- De Giosa, M., Czerniejewski, P., & Rybczyk, A. (2014). Seasonal changes in condition factor and weight-length relationship of invasive *Carassius gibelio* (Bloch, 1782) from Leszczynskie Lakeland, Poland. *Advances in Zoology*, 2014, 678763.
- De la Rue, A. E. (1970). Les Îles Saint-Pierre-et-Miquelon, une enclave subarctique méridionale. *Actes du colloque d'Helsinki 'Ecologie des régions subarctiques'* (pp. 289–293).
- Deans, C., & Maggert, K. A. (2015). What do you mean, “epigenetic”? *Genetics*, 199, 887–896.
- DeFaveri, J., Viitaniemi, H., Leder, E., & Merilä, J. (2013). Characterizing genic and nongenic molecular markers: comparison of microsatellites and SNPs. *Molecular Ecology Resources*, 13, 377–392.

- Dehaan, P. W., & Ardren, W. R. (2005). Characterization of 20 highly variable tetranucleotide microsatellite loci for bull trout (*Salvelinus confluentus*) and cross-amplification in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology Notes*, 5, 582–585.
- Denys, G. P. J., Daszkiewicz, P., Urtizberea, F., & Bernatchez, L. (2022). Diadromous fishes from Saint-Pierre and Miquelon archipelago: diagnoses, taxonomy, nomenclature and distribution. *Cybium : Revue Internationale d'Ichtyologie*, 46, 385–413.
- Dobzhansky, T. (1955). A review of some fundamental concepts and problems of populations genetics. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 20, 1-15.
- Drake, J. M. (2004). Allee effects and the risk of biological invasion. *Risk Analysis*, 24, 795–802.
- Drogue, G., Durand, E., Gustave, E., Secondé, J.-F., & Teletchea, F. (2021). Regards croisés sur l'habitat d'un poisson populaire de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon : l'omble de fontaine. *Le 4 pages du LOTERR*, 5.
- Dudgeon, D., & Smith, R. E. W. (2006). Exotic species, fisheries and conservation of freshwater biodiversity in tropical Asia: the case of the Sepik River, Papua New Guinea. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 16, 203–215.
- Durand, E. (2021). Description et fonctionnement du réseau hydrographique de l'archipel de Saint-Pierre-et-Miquelon dans le cadre du développement d'une filière aquacole valorisant une espèce locale à forte valeur ajoutée pour la consommation humaine et la pêche sportive : l'omble de fontaine (*Salvelinus fontinalis*). Rapport de stage de master, Université de Lorraine, 112 pp.
- Dutil, J. D., & Power, G. (1980). Coastal populations of brook trout, *Salvelinus fontinalis*, in Lac Guillaume-Delisle (Richmond Gulf) Québec. *Canadian Journal of Zoology*, 58, 1828–1835.
- Dyke, A. S., & Prest, V. K. (1987). Late Wisconsinan and Holocene history of the Laurentide ice sheet. *Géographie physique et Quaternaire*, 41, 237–263.
- Dyke, A. S., Andrews, J. T., Clark, P. U., England, J. H., Miller, G. H., Shaw, J., & Veillette, J. J. (2002). The Laurentide and Innuitian ice sheets during the Last Glacial Maximum. *Quaternary Science Reviews*, 21, 9–31.s

- Dynes, J., Magnan, P., Bernatchez, L., & Rodriguez, M. A. (1999). Genetic and morphological variation between two forms of lacustrine brook charr. *Journal of Fish Biology*, 54, 955–972.
- Earl, D. A., & vonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4, 359–361.
- Ehrlich, P. R., & Ehrlich, A. H. (1981). Extinction: The Causes and Consequences of the Disappearance of Species. New York, *Random House*, 305 pp.
- Einum, S., & Fleming, I. (2001). Implications of stocking: ecological interactions between wild and released Salmonids. *Nordic Journal of Freshwater Research*, 75, 56–70.
- Ekblom, R., & Galindo, J. (2011). Applications of next generation sequencing in molecular ecology of non-model organisms. *Heredity*, 107, 1–15.
- Elias, A., McLaughlin, R., Mackereth, R., Wilson, C., & Nichols, K. M. (2018). Population structure and genomic variation of ecological life history diversity in wild-caught Lake Superior brook trout, *Salvelinus fontinalis*. *Journal of Great Lakes Research*, 44, 1373–1382.
- EPA. (2015). Climate change in the United States: benefits of global action. *United States Environmental Protection Agency, Office of Atmospheric Programs*, 96.
- Escobar, L. E., Mallez, S., McCartney, M., Lee, C., Zielinski, D. P., Ghosal, R., Bajer, P. G., Wagner, C., Nash, B., Tomamichel, M., Venturelli, P., Mathai, P. P., Kokotovich, A., Escobar-Dodero, J., Phelps, N. B. D. (2018). Aquatic invasive species in the great lakes region: an overview. *Reviews in Fisheries Science and Aquaculture*, 26, 121–138.
- Escobar-Sierra, C., Cañedo-Argüelles, M., Vinyoles, D., & Lampert, K. P. (2024). Unraveling the molecular mechanisms of fish physiological response to freshwater salinization: a comparative multi-tissue transcriptomic study in a river polluted by potash mining. *Environmental Pollution*, 357, 124400.
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620.

- Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver.3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564–567.
- Fagan, W. F., & Holmes, E. E. (2006). Quantifying the extinction vortex. *Ecology Letters*, 9, 51–60.
- FAO. (2020). La situation mondiale des pêches et de l'aquaculture 2020 : la durabilité en action. *The State of World Fisheries and Aquaculture (SOFIA)*. Rome, Italy: FAO.
- Ferchaud, A., Leitwein, M., Laporte, M., Boivin-Delisle, D., Bougas, B., Hernandez, C., Normandeau, E., Thibault, I., Bernatchez, L. (2020). Adaptive and maladaptive genetic diversity in small populations: insights from the brook charr (*Salvelinus fontinalis*) case study. *Molecular Ecology*, 29, 3429–3445.
- Ferguson, M. M., Danzmann, R. G., & Hutchings, J. A. (1991). Incongruent estimates of population differentiation among brook charr, *Salvelinus fontinalis*, from Cape Race, Newfoundland, Canada, based upon allozyme and mitochondrial DNA variation. *Journal of Fish Biology*, 39, 79–85.
- Fontaine, P., & Teletchea, F. (2019). Domestication of the Eurasian Perch (*Perca fluviatilis*). In F. Teletchea (Ed.), *Animal Domestication* (pp. 137–159). IntechOpen.
- Forero-Medina, G., Joppa, L., & Pimm, S. L. (2011). Constraints to species' elevational range shifts as climate changes. *Conservation Biology*, 25, 163–171.
- Forest, A. (2022). French research on fisheries in the Northwest Atlantic, from its origins to the present. *Cybium*, 46, 323–335.
- Foust, C. M., Preite, V., Schrey, A. W., Alvarez, M., Robertson, M. H., Verhoeven, K. J. F., & Richards, C. L. (2016). Genetic and epigenetic differences associated with environmental gradients in replicate populations of two salt marsh perennials. *Molecular Ecology*, 25, 1639–1652.
- Frankham, R., Briscoe, D. A., & Ballou, J. D. (2002). Introduction to Conservation Genetics, 1st edition. *Cambridge University Press*.
- Fraser, D. J., & Bernatchez, L. (2005). Allopatric origins of sympatric brook charr populations: colonization history and admixture. *Molecular Ecology*, 14, 1497–1509.

- Fraser, D. J., Weir, L. K., Bernatchez, L., Hansen, M. M., & Taylor, E. B. (2011). Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis. *Heredity*, 106, 404–420.
- Froese, R. (2006). Cube law, condition factor and weight-length relationships: history, meta-analysis and recommendations. *Journal of Applied Ichthyology*, 22, 241–253.
- Froese, R., Tsikliras, A. C., & Stergiou, K. I. (2011). Editorial note on weight-length relations of fishes. *Acta Ichthyologica et Piscatoria*, 41, 261–263.
- Gagné, S. (2023). Plan de gestion de l'omble de fontaine au Québec 2020. Ministère de l'environnement, de la Lutte aux changements climatiques, de la Faune et des Parcs, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, Direction de l'expertise sur la faune aquatique, Québec. 58.
- Garant, D., Forde, S. E., & Hendry, A. P. (2007). The multifarious effects of dispersal and gene flow on contemporary adaptation. *Functional Ecology*, 21, 434–443.
- García, S., Luengo, J., & Herrera, F. (2015). Data preprocessing in data mining. *Cham, Switzerland: Springer International Publishing*. 72, 59-139.
- George, A. L., Kuhajda, B. R., Williams, J. D., Cantrell, M. A., Rakes, P. L., & Shute, J. R. (2009). Guidelines for propagation and translocation for freshwater fish conservation. *Fisheries*, 34, 529–545.
- Gerdeaux, D. (2000). Rapport de mission à Saint-Pierre-et-Miquelon du 2 juillet au 10 juillet 2000 sur la gestion piscicole des eaux douces. INRA, Thonon-les-Bains, 32.
- Gering, E., Incorvaia, D., Henriksen, R., Wright, D., & Getty, T. (2019). Maladaptation in feral and domesticated animals. *Evolutionary Applications*, 12, 1274–1286.
- Gillespie, R. G., & Clague, D. A. (2009). Encyclopedia of Islands. *Berkeley: University of California Press*, 1074 pp.
- Gilpin, M. E., & Soulé, M. E. (1986). Minimal viable populations: Process of species extinction. In Conservation biology: the science of scarcity and diversity (ed. Soulé M. E.), 19–34 pp.
- Gíslason, D., Ferguson, M. M., Skúlason, S., & Snorrason, S. S. (1999). Rapid and coupled phenotypic and genetic divergence in Icelandic Arctic char (*Salvelinus alpinus*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 56, 2229-2234.

- Glover, K. A., Solberg, M. F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M. W., Hansen, M. M., Araki, H., Skaala, Ø., Svåsand, T. (2017). Half a century of genetic interaction between farmed and wild Atlantic salmon: status of knowledge and unanswered questions. *Fish and Fisheries*, 18, 890–927.
- Goldberg, T. L., Grant, E. C., Inendino, K. R., Kassler, T. W., Claussen, J. E., & Philipp, D. P. (2005). Increased infectious disease susceptibility resulting from outbreeding depression. *Conservation Biology*, 19, 455–462.
- Gomez-Uchida, D., Knight, T. W., & Ruzzante, D. E. (2009). Interaction of landscape and life history attributes on genetic diversity, neutral divergence and gene flow in a pristine community of salmonids. *Molecular Ecology*, 18, 4854–4869.
- Gossieaux, P., Bernatchez, L., Sirois, P., & Garant, D. (2019). Impacts of stocking and its intensity on effective population size in brook charr (*Salvelinus fontinalis*) populations. *Conservation Genetics*, 20, 729–742.
- Goudet, J. (2003). FSTAT (version 2.9.4), a program (for Windows 95 and above) to estimate and test population genetics parameters. *Department of Ecology & Evolution, Lausanne University, Switzerland*, 53.
- Gozlan, R. E., Britton, J. R., Cowx, I., & Copp, G. H. (2010). Current knowledge on non-native freshwater fish introductions. *Journal of Fish Biology*, 76, 751–786.
- Grant, P. R., & Grant, B. R. (2008). How and Why Species Multiply: The Radiation of Darwin's Finches. *Princeton University Press*, 218 pp.
- Grant, W. S., Jasper, J., Bekkevold, D., & Adkison, M. (2017). Responsible genetic approach to stock restoration, sea ranching and stock enhancement of marine fishes and invertebrates. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 27, 615–649.
- Gunn, J. M., & Noakes, D. L. G. (1986). Avoidance of low pH and elevated Al concentrations by brook charr (*Salvelinus fontinalis*) alevins in laboratory tests. *Water, Air, and Soil Pollution*, 30, 497–503.
- Gustave, E. (2021). Caractérisation des populations d'omble de fontaine sur Saint-Pierre-et-Miquelon - Opportunité d'ensemencement. Mémoire de Licence professionnelle Aquaculture Continentale et Aquariologie, IUT Nancy-Brabois, Université de Lorraine, 40.

- Gyllensten, U. (1985). The genetic structure of fish: differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous, and freshwater species. *Journal of Fish Biology*, 26, 691–699.
- Häder, D.-P., & Barnes, P. W. (2019). Comparing the impacts of climate change on the responses and linkages between terrestrial and aquatic ecosystems. *Science of The Total Environment*, 682, 239–246.
- Halverson, M. A. (2008). Stocking trends: a quantitative review of governmental fish stocking in the United States, 1931 to 2004. *Fisheries*, 33, 69–75.
- Ham, S. Y., Pyo, M. J., Kang, M., Kim, Y.-S., Lee, D. H., Chung, J. H., & Lee, S.-T. (2024). HSP47 increases the expression of type I collagen in fibroblasts through IRE1 α activation, XBP1 splicing, and nuclear translocation of β -Catenin. *Cells*, 13, 527.
- Hamilton, L. C., & Butler, M. J. (2001). Outport adaptations: social indicators through newfoundland's cod crisis. *Human Ecology Review*, 8, 1–11.
- Hanski, I. (1998). Metapopulation dynamics. *Nature*, 396, 41–49.
- Hargrove, J. S., Kazyak, D. C., Lubinski, B. A., Rogers, K. M., Bowers, O. K., Fesenmyer, K. A., Habera, J. W., & Henegar, J. (2022). Landscape and stocking effects on population genetics of Tennessee brook trout. *Conservation Genetics*, 23, 341–357.
- Haxton, T., Ball, H., & Armstrong, K. (2020). Expert opinion on the status and stressors of brook trout, *Salvelinus fontinalis*, in Ontario. *Fisheries Management and Ecology*, 27, 111–122.
- Hébert, C., Danzman, R. G., Jones, M. W., & Bernatchez, L. (2000). Hydrography and population genetic structure in brook charr (*Salvelinus fontinalis*, Mitchell) from eastern Canada. *Molecular Ecology*, 9, 971–982.
- Hendry, A. P., Letcher, B. H., & Gries, G. (2003). Estimating natural selection acting on stream-dwelling Atlantic salmon: implications for the restoration of extirpated populations. *Conservation Biology*, 17, 795–805.
- Hendry, A. P., Castric, V., Kinnison, M. T., & Quinn, T. P. (2004). The evolution of philopatry and dispersal: homing vs. straying in salmonids. In Hendry, A. P. & Stearns, S. C. (ed.), *Evolution Illuminated. Salmon and Their Relatives*. Oxford: Oxford University Press, 52-91.

- Hernández-Pérez, J., Naderi, F., Chivite, M., Soengas, J. L., Míguez, J. M., & López-Patiño, M. A. (2019). Influence of stress on liver circadian physiology. a study in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*, as fish model. *Frontiers in Physiology*, 10, 611.
- Hewitt, G. (1996). Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 58, 247–276.
- Hines, C. W., Fang, Y., Chan, V. K. S., Stiller, K. T., Brauner, C. J., & Richards, J. G. (2019). The effect of salinity and photoperiod on thermal tolerance of Atlantic and coho salmon reared from smolt to adult in recirculating aquaculture systems. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology*, 230, 1–6.
- Hoffman, G. L. (1967). Parasites of North American Freshwater Fishes. *Berkley and Los Angeles: University of California Press*, 496 pp.
- Høgåsen, H. R. (1998). Physiological changes associated with the diadromous migration of salmonids. *Canadian special publication of fisheries and aquatic sciences*, 127. Ottawa: NRC Research Press.
- Holliday, R. (2006). Epigenetics: a historical overview. *Epigenetics*, 1, 76–80.
- Hsu, J.-Y. C., McKeon, R., Goussev, S., Werb, Z., Lee, J.-U., Trivedi, A., & Noble-Haeusslein, L. J. (2006). Matrix metalloproteinase-2 facilitates wound healing events that promote functional recovery after spinal cord injury. *Journal of Neuroscience*, 26, 9841–9850.
- Huang, Y., Chain, F. J. J., Panchal, M., Eizaguirre, C., Kalbe, M., Lenz, T. L., Samonte, I. E., Stoll, M., Bornberg-Bauer, E., Reusch, T. B. H., Milinski, M., & Feulner, P. G. D. (2016). Transcriptome profiling of immune tissues reveals habitat-specific gene expression between lake and river sticklebacks. *Molecular Ecology*, 25, 943–958.
- Hudy, M., Thieling, T. M., Gillespie, N., & Smith, E. P. (2008). Distribution, status, and land use characteristics of subwatersheds within the native range of brook trout in the Eastern United States. *North American Journal of Fisheries Management*, 28, 1069–1085.
- Humston, R., Bezold, K. A., Adkins, N. D., Elsey, R. J., Huss, J., Meekins, B. A., Cabe, P. R., & King, T. L. (2012). Consequences of stocking headwater impoundments on native populations of brook trout in tributaries. *North American Journal of Fisheries Management*, 32, 100–108.

IPBES (2019): Summary for policymakers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. Díaz, S. M., Settele, J., Brondízio, E., Ngo, H., Guèze, M., Agard, J., Arneth, A., Balvanera, P., Brauman, K., Butchart, S. H. M., Chan, K. M. A., Garibaldi, L. A., Ichii, K., Liu, J., Subramanian, S. M., Midgley, G., Miloslavich, P., Molnár, Z., Obura, D., Pfaff, A., Polasky, S., Purvis, A., Razzaque, J., Reyers, B., Roy Chowdhury, R., Shin, Y.-J., Visseren-Hamakers, I., Willis, K., Zayas, C. (eds.). *IPBES secretariat*, Bonn, Germany. 56 pp. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3553579>.

Islam, S. S., Wringe, B. F., Bradbury, I. R., & Fleming, I. A. (2020). Behavioural variation among divergent European and North American farmed and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations. *Applied Animal Behaviour Science*, 230, 105029.

Islam, S. S., Heath, D. D., Dixon, B., Karpowicz, P., Vu, K., LeBlanc, J., Bernier, N., & Jeffries, K. M. (2024). Development of multi-species qPCR assays for a stress transcriptional profiling (STP) chip to assess the resilience of salmonids to changing environments. *bioRxiv*, 2024-09.

Jackson, J. R., Boxrucker, J. C., & Willis, D. W. (2004). Trends in agency use of propagated fishes as a management tool in inland fisheries. *American Fisheries Society Symposium*, 121–138.

Jeffries, K. M., Jeffrey, J. D., & Holland, E. B. (2022). Applied aspects of gene function for the conservation of fishes. In Fish Physiology. Academic Press, 39, 389-433.

Jeppesen, E., Brucet, S., Naselli-Flores, L., Papastergiadou, E., Stefanidis, K., Nøges, T., Nøges, P., Attayde, J. L., Zohary, T., Coppens, J., Bucak, T., Menezes, R., Freitas, F. R., Kernan, M., Søndergaard, M., & Beklioğlu, M. (2015). Ecological impacts of global warming and water abstraction on lakes and reservoirs due to changes in water level and related changes in salinity. *Hydrobiologia*, 750, 201–227.

Johnson, A. C., Turko, A. J., Klaiman, J. M., Johnston, E. F., & Gillis, T. E. (2014). Cold acclimation alters the connective tissue content of the zebrafish (*Danio rerio*) heart. *Journal of Experimental Biology*, 217, 1868–1875.

Johnsson, J. I., Brockmark, S., & Näslund, J. (2014). Environmental effects on behavioural development consequences for fitness of captive-reared fishes in the wild. *Journal of Fish Biology*, 85, 1946–1971.

- Jombart, T. (2008). Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24, 1403–1405.
- Jombart, T., Devillard, S., & Balloux, F. (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics*, 11, 1–15.
- Jones, G. P., Srinivasan, M., & Almany, G. R. (2007). Population connectivity and conservation of marine biodiversity. *Oceanography*, 20, 100–111.
- Jones, O. R., & Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10, 551–555.
- Jonsson, B., & Jonsson, N. (1993). Partial migration: niche shift versus sexual maturation in fishes. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 3, 348–365.
- Jonsson, B., & Jonsson, N. (2014). Early environment influences later performance in fishes. *Journal of Fish Biology*, 85, 151–188.
- Jourdain-Bonneau, C., Deslauriers, D., Gourtay, C., Jeffries, K. M., & Audet, C. (2023). Metabolic and transcriptomic response of two juvenile anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis*) genetic lines towards a chronic thermal stress. *Canadian Journal of Zoology*, 101, 1063–1078.
- Kabata, Z. (1969). Revision of the genus *Salmincola* Wilson, 1915 (Copepoda: Lernaeopodidae). *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 26, 2987–3041.
- Kanarek, G., & Zaleśny, G. (2014). Extrinsic- and intrinsic-dependent variation in component communities and patterns of aggregations in helminth parasites of great cormorant (*Phalacrocorax carbo*) from N.E. Poland. *Parasitology Research*, 113, 837–850.
- Kapralova, K. H., Morrissey, M. B., Kristjánsson, B. K., Ólafsdóttir, G. Á., Snorrason, S. S., & Ferguson, M. M. (2011). Evolution of adaptive diversity and genetic connectivity in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) in Iceland. *Heredity*, 106, 472–487.
- Kardos, M., Armstrong, E. E., Fitzpatrick, S. W., Hauser, S., Hedrick, P. W., Miller, J. M., Tallmon, D. A., & Funk, W. C. (2021). The crucial role of genome-wide genetic

variation in conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118, e2104642118.

Kawecki, T. J., & Ebert, D. (2004). Conceptual issues in local adaptation. *Ecology Letters*, 7, 1225–1241.

Kazyak, D. C., Hilderbrand, R. H., Keller, S. R., Colaw, M. C., Holloway, A. E., Morgan, R. P., & King, T. L. (2015). Spatial structure of morphological and neutral genetic variation in brook trout. *Transactions of the American Fisheries Society*, 144, 480–490.

Kazyak, D. C., Rash, J., Lubinski, B. A., & King, T. L. (2018). Assessing the impact of stocking northern-origin hatchery brook trout on the genetics of wild populations in North Carolina. *Conservation Genetics*, 19, 207–219.

Kazyak, D. C., Lubinski, B. A., Kulp, M. A., Pregler, K. C., Whiteley, A. R., Hallerman, E., Coombs, J. A., Kanno, Y., Rash, J. M., Morgan, R. P., Habera, J., Henegar, J., Weathers, T. C., Sell, M. T., Rabern, A., Rankin, D., & King, T. L. (2022). Population genetics of brook trout in the Southern Appalachian Mountains. *Transactions of the American Fisheries Society*, 151, 127–149.

Kelson, S. J., Kapuscinski, A. R., Timmins, D., & Ardren, W. R. (2015). Fine-scale genetic structure of brook trout in a dendritic stream network. *Conservation Genetics*, 16, 31–42.

Kim, J.-H., & Kang, J.-C. (2016). Oxidative stress, neurotoxicity, and metallothionein (MT) gene expression in juvenile rock fish *Sebastodes schlegelii* under the different levels of dietary chromium (Cr⁶⁺) exposure. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 125, 78–84.

Kimura, M. (1983). Rare variant alleles in the light of the neutral theory. *Molecular Biology and Evolution*, 1, 84–93.

King, T. L., Lubinski, B. A., Burnham-Curtis, M. K., Stott, W., & Morgan, R. P. (2012). Tools for the management and conservation of genetic diversity in brook trout (*Salvelinus fontinalis*): tri- and tetranucleotide microsatellite markers for the assessment of genetic diversity, phylogeography, and historical demographics. *Conservation Genetics Resources*, 4, 539–543.

- Kobayashi, Y., Ishikawa, T., Hirayama, J., Daiyasu, H., Kanai, S., Toh, H., Fukuda, I., Tsujimura, T., Terada, N., Kamei, Y., Yuba, S., Iwai, S., & Todo, T. (2000). Molecular analysis of zebrafish photolyase/cryptochrome family: two types of cryptochromes present in zebrafish. *Genes to Cells*, 5, 725–738.
- Koeck, B., Závorka, L., Aldvén, D., Näslund, J., Arlinghaus, R., Thörnqvist, P.-O., Winberg, S., Björnsson, B. T., & Johnsson, J. I. (2019). Angling selects against active and stress-resilient phenotypes in rainbow trout. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 76, 320–333.
- Kolarova, N., & Napiórkowski, P. (2021). Trace elements in aquatic environment. Origin, distribution, assessment and toxicity effect for the aquatic biota. *Ecohydrology & Hydrobiology*, 21, 655–668.
- Koutrakis, E. T., & Tsikliras, A. C. (2003). Length-weight relationships of fishes from three northern Aegean estuarine systems (Greece): Length-weight relationships of northern Aegean estuarine fishes. *Journal of Applied Ichthyology*, 19, 258–260.
- Krueger, C. C., & May, B. (1991). Ecological and genetic effects of salmonid introductions in North America. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 48, 66–77.
- Kueffer, C., Drake, D., & Fernández-Palacios, J. M. (2016). Island Biology. In *Oxford Bibliographies in Ecology*.
- Kueffer, C., & Kinney, K. (2017). What is the importance of islands to environmental conservation? *Environmental Conservation*, 44, 311–322.
- Labonne, J., Kaeuffer, R., Guéraud, F., Zhou, M., Manicki, A., & Hendry, A. P. (2016). From the bare minimum: genetics and selection in populations founded by only a few parents. *Evolutionary Ecology Research*, 17, 21–34.
- Labonne, J., Aymes, J.-C., Beall, E., Chat, J., Dopico-Rodriguez, E. V., Garcia Vasquez, E., Gaudin, P., Guéraud, F., Henry, A., Horreo-Escandan, J.-L., Huteau, D., Jarry, M., Kaeuffer, R., Lecomte, F., Manicki, A., Rives, J., Roussel, J.-M., Tremblay, J., Vignon, M., & Zhou, M. (2013). Écologie évolutive de la colonisation des îles Kerguelen par les salmonidés. Thèse de doctorat, Université de Pau et des Pays de l'Adour, 81 pp.

- Lahiri, K., Vallone, D., Gondi, S. B., Santoriello, C., Dickmeis, T., & Foulkes, N. S. (2005). Temperature regulates transcription in the zebrafish circadian clock. *PLOS Biology*, 3, e351.
- Laikre, L., Schwartz, M. K., Waples, R. S., & Ryman, N. (2010). Compromising genetic diversity in the wild: unmonitored large-scale release of plants and animals. *Trends in Ecology & Evolution*, 25, 520–529.
- Lamaze, F. C., Sauvage, C., Marie, A., Garant, D., & Bernatchez, L. (2012). Dynamics of introgressive hybridization assessed by SNP population genomics of coding genes in stocked brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology*, 21, 2877–2895.
- Lamphere, B. A., & Blum, M. J. (2012). Genetic estimates of population structure and dispersal in a benthic stream fish. *Ecology of Freshwater Fish*, 21, 75–86.
- Lande, R. (1988). Genetics and demography in biological conservation. *Science*, 241, 1455–1460.
- Landis, E. D., Purcell, M. K., Thorgaard, G. H., Wheeler, P. A., & Hansen, J. D. (2008). Transcriptional profiling of MHC class I genes in rainbow trout infected with infectious hematopoietic necrosis virus. *Molecular Immunology*, 45, 1646–1657.
- Langlois, R. (2021). Saint-Pierre-et-Miquelon : La gestion durable des milieux aquatiques, un préalable essentiel à l'élevage de poissons d'eau douce. *Outre-Mer grandeur Nature*, 8–9.
- Lavergne, S., Mouquet, N., Thuiller, W., & Ronce, O. (2010). Biodiversity and climate change: integrating evolutionary and ecological responses of species and communities. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 41, 321–350.
- Lazado, C. C., Kumaratunga, H. P. S., Nagasawa, K., Babiak, I., Giannetto, A., & Fernandes, J. M. O. (2014). Daily rhythmicity of clock gene transcripts in Atlantic cod fast skeletal muscle. *PLOS ONE*, 9, e99172.
- Legendre, P., & Legendre, L. (2012). Interpretation of ecological structures. *Developments in Environmental Modelling*, 24, 521–624.
- Legendre, P., & Legendre, V. (1984). Postglacial dispersal of freshwater fishes in the Québec peninsula. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 41, 1781–1802.

- Lemmen, D. S., Warren, F. J., James, T. S., & Mercer, C. (2016). Le littoral maritime du Canada face à l'évolution du climat, Gouvernement du Canada, Ottawa, ON. *NRCAN: Natural Resources Canada*.
- Lenormand, S., Dodson, J. J., & Ménard, A. (2004). Seasonal and ontogenetic patterns in the migration of anadromous brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 61, 54–67.
- Leonard, D. L. (2008). Recovery expenditures for birds listed under the US Endangered Species Act: the disparity between mainland and Hawaiian taxa. *Biological Conservation*, 141, 2054–2061.
- Létourneau, J., Ferchaud, A.-L., Le Luyer, J., Laporte, M., Garant, D., & Bernatchez, L. (2018). Predicting the genetic impact of stocking in brook charr (*Salvelinus fontinalis*) by combining RAD sequencing and modeling of explanatory variables. *Evolutionary Applications*, 11, 577–592.
- Lewis, C. F. M., & Anderson, T. W. (1989). Oscillations of levels and cool phases of the Laurentian Great Lakes caused by inflows from glacial Lakes Agassiz and Barlow-Ojibway. *Journal of Paleolimnology*, 2, 99–146.
- Ligon, F. K., Dietrich, W. E., & Trush, W. J. (1995). Downstream ecological effects of dams. *BioScience*, 45, 183–192.
- Liu, S., Tian, F., Qi, D., Qi, H., Wang, Y., Xu, S., & Zhao, K. (2023). Physiological, metabolomic, and transcriptomic reveal metabolic pathway alterations in *Gymnocypris przewalskii* due to cold exposure. *BMC Genomics*, 24, 545.
- Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods*, 25, 402–408.
- López-Maury, L., Marguerat, S., & Bähler, J. (2008). Turning gene expression to changing environments: from rapid responses to evolutionary adaptation. *Nature Reviews Genetics*, 9, 583–593.
- Lorenzen, K., Beveridge, M. C. M., & Mangel, M. (2012). Cultured fish: integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish. *Biological Reviews*, 87, 639–660.

- Losos, J. B. (2009). Lizards in an Evolutionary Tree: Ecology and Adaptive Radiation of Anoles. *University of California Press*.
- Lu, G., & Bernatchez, L. (1999). Correlated trophic specialization and genetic divergence in sympatric lake whitefish ecotypes (*Coregonus clupeaformis*): support for the ecological speciation hypothesis. *Evolution*, 53, 1491–1505.
- Lutz, M. L., Tonkin, Z., Yen, J. D. L., Johnson, G., Ingram, B. A., Sharley, J., Lyon, J., Chapple, D. G., Sunnucks, P., & Pavlova, A. (2021). Using multiple sources during reintroduction of a locally extinct population benefits survival and reproduction of an endangered freshwater fish. *Evolutionary Applications*, 14, 950–964.
- Lynch, A. J., Myers, B. J. E., Chu, C., Eby, L. A., Falke, J. A., Kovach, R. P., Krabbenhoft, T. J., Kwak, T. J., Lyon, J., Paukert, C. P., Whitney, J. E. (2016). Climate change effects on North American inland fish populations and assemblages. *Fisheries*, 41, 346–361.
- Lynch, M., Conery, J., & Burger, R. (1995). Mutation accumulation and the extinction of small populations. *The American Naturalist*, 146, 489–518.
- MacCrimmon, H. R., & Campbell, J. S. (1969). World distribution of brook trout, *Salvelinus fontinalis*. *Journal of the Fisheries Board of Canada*, 26, 1699–1725.
- Mackey, T. E., Hasler, C. T., Durhack, T., Jeffrey, J. D., Macnaughton, C. J., Ta, K., Enders, E. C., & Jeffries, K. M. (2021). Molecular and physiological responses predict acclimation limits in juvenile brook trout (*Salvelinus fontinalis*). *Journal of Experimental Biology*, 224, jeb241885.
- Magnan, A. K., Garschagen, M., Gattuso, J.-P., Hay, J. E., Hilmmi, N., Holland, E., Isla, F., Kofinas, G., Losada, I. J., Petzold, J., Ratter, B., Schuur, T., Tabe, T., Van de Wal, R., Roberts, D. C., Masson-Delmotte, V., Zhai, P., Tignor, M., Poloczanska, E., Mintenbeck, K., Alegria, A., Nicolai, M., Okem, A., Petzold, J., Rama, B., & Van de Wal, R. (2019). Low-lying islands and coasts. In *IPCC Special Report on the Ocean and Cryosphere in a Changing Climate*, 657-674.
- Magnan, P., Audet, C., Glemet, H., Legault, M., & Taylort, E. B. (2002). Developments in the ecology, evolution, and behaviour of the charrs, genus *Salvelinus*: relevance for their management and conservation. *Environmental Biology of Fishes*, 64, 9-14.

- Mandrak, N. E., & Crossman, E. J. (1992). Postglacial dispersal of freshwater fishes into Ontario. *Canadian Journal of Zoology*, 70, 2247–2259.
- Margolis, L., & Arthur, J. R. (1979). Synopsis of the parasites of fishes of Canada.
- Marie, A. D., Bernatchez, L., & Garant, D. (2010). Loss of genetic integrity correlates with stocking intensity in brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology*, 19, 2025–2037.
- Martin, S. A., Douglas, A., Houlihan, D. F., & Secombes, C. J. (2010). Starvation alters the liver transcriptome of the innate immune response in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *BMC Genomics*, 11, 1-20.
- Martinez-Silva, M. A., Dupont-Prinet, A., Houle, C., Vagner, M., Garant, D., Bernatchez, L., & Audet, C. (2023). Growth regulation in brook charr *Salvelinus fontinalis*. *General and Comparative Endocrinology*, 331, 114160.
- McClain, J. S., Oris, J. T., Burton Jr., G. A., & Lattier, D. (2003). Laboratory and field validation of multiple molecular biomarkers of contaminant exposure in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Environmental Toxicology and Chemistry*, 22, 361–370.
- McCormick, S. D. (2001). Endocrine control of osmoregulation in teleost fish. *American Zoologist*, 41, 781–794.
- McCormick, S. D., Hansen, L. P., Quinn, T. P., & Saunders, R. L. (1998). Movement, migration, and smolting of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55, 77-92.
- McCormick, S. D., Regish, A. M., Christensen, A. K., & Björnsson, B. T. (2013). Differential regulation of sodium–potassium pump isoforms during smolt development and seawater exposure of Atlantic salmon. *Journal of Experimental Biology*, 216, 1142–1151.
- McCormick, S. D., Sundell, K., Björnsson, B. T., Brown, C. L., & Hiroi, J. (2003). Influence of salinity on the localization of Na⁺/K⁺-ATPase,Na⁺/K⁺/2Cl⁻ cotransporter (NKCC) and CFTR anion channel in chloride cells of the Hawaiian goby (*Stenogobius hawaiiensis*). *Journal of Experimental Biology*, 206, 4575–4583.

- McFarlane, G. A., & Franzin, W. G. (1978). Elevated heavy metals: a stress on a population of white suckers, *Catostomus commersoni*, in Hamell Lake, Saskatchewan. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 35, 963–970.
- McGeer, J. C., Szebedinszky, C., McDonald, D. G., & Wood, C. M. (2000). Effects of chronic sublethal exposure to waterborne Cu, Cd or Zn in rainbow trout. 1: Iono-regulatory disturbance and metabolic costs. *Aquatic Toxicology*, 50, 231–243.
- McGlade, J., & MacCrimmon, H. (1979). Taxonomic congruence in three populations of Quebec brook trout, *Salvelinus fontinalis* (Mitchill). *Canadian Journal of Zoology*, 57, 1998–2009.
- McGowan, M., MacKenzie, S., Steiropoulos, N., & Weidmann, M. (2021). Testing of NKA expression by mobile real time PCR is an efficient indicator of smoltification status of farmed Atlantic salmon. *Aquaculture*, 544, 737085.
- McKay, J. K., & Latta, R. G. (2002). Adaptive population divergence: markers, QTL and traits. *Trends in Ecology & Evolution*, 17, 285–291.
- McLimans, C. J., Shelledy, K., Conrad, W., Prendergast, K., Le, A. N., Grant, C. J., & Buonaccorsi, V. P. (2022). Potential biomarkers of endocrine and habitat disruption identified via RNA-Seq in *Salvelinus fontinalis* with proximity to fracking operations in Pennsylvania headwater stream ecosystems. *Ecotoxicology*, 31, 1044–1055.
- McPhail, D. J., & Lindsey, C. C. (1986). Zoogeography of the freshwater fishes of Cascadia (the Columbia system and rivers north of the Stikine). *The zoogeography of North American freshwater fishes*, 615, 638 pp.
- Menard, W. (1986). Islands. *New York: Scientific American*.
- Meisner, J. D. (1990). Potential loss of thermal habitat for brook trout, due to climatic warming, in two southern Ontario streams. *Transactions of the American Fisheries Society*, 119, 282-291.
- Merilä, J., & Hendry, A. P. (2014). Climate change, adaptation, and phenotypic plasticity: the problem and the evidence. *Evolutionary Applications*, 7, 1–14.
- Meyers, S. P. (1994). Developments in world aquaculture, feed formulations and role of carotenoids. *Pure and Applied Chemistry*, 66, 1069–1076.

- Miller, L. M., Schreiner, D. R., Blankenheim, J. E., Ward, M. C., Quinlan, H. R., & Moore, S. (2016). Effects of restrictive harvest regulations on rehabilitation of coaster brook trout in Minnesota's portion of Lake Superior. *Journal of Great Lakes Research*, 42, 883–892.
- Mills, M. G., & Gallagher, E. P. (2017). A targeted gene expression platform allows for rapid analysis of chemical-induced antioxidant mRNA expression in zebrafish larvae. *PLOS ONE*, 12, e0171025.
- Ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs (2020). Plan d'action de l'omble de fontaine anadrome (*Salvelinus fontinalis*) 2019-2023. Québec, 20p.
- Mitssis, T., Efthimiadou, A., Bacopoulou, F., Vlachakis, D., Chrouzos, G. P., & Eliopoulos, E. (2020). Transcription factors and evolution: an integral part of gene expression. *World Academy of Sciences Journal*, 2, 3–8.
- Mittelbach, G. G., Ballew, N. G., & Kjelvik, M. K. (2014). Fish behavioral types and their ecological consequences. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 71, 927–944.
- Møller, A. P., & Merilä, J. (2004). Analysis and interpretation of long-term studies investigating responses to climate change. *Advances in Ecological Research*, 35, 111–130.
- Montgomery, W. L., McCormick, S. D., Naiman, R. J., Whoriskey, F. G., & Black, G. (1990). Anadromous behaviour of brook charr (*Salvelinus fontinalis*) in the Moisie River, Quebec. *Polish Archives of Hydrobiology*, 37, 43–61.
- Moore, J.-S., & Hendry, A. P. (2005). Both selection and gene flow are necessary to explain adaptive divergence: evidence from clinal variation in stream stickleback. *Evolutionary Ecology Research*, 7, 871–886.
- Morat, F., Wicquart, J., Schiettekatte, N. M. D., de Sinéty, G., Bienvenu, J., Casey, J. M., Brandl, S. J., Vii, J., Carlot, J., Degregori, S., Mercière, A., Fey, P., Galzin, R., Letourneau, Y., Sasal, P., & Parravicini, V. (2020). Individual back-calculated size-at-age based on otoliths from Pacific coral reef fish species. *Scientific Data*, 7, 370.
- Moritz, C. (2002). Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. *Systematic Biology*, 51, 238–254.

- Moritz, C., & Faith, D. P. (1998). Comparative phylogeography and the identification of genetically divergent areas for conservation. *Molecular Ecology*, 7, 419–429.
- Moyano, M., Illing, B., Polte, P., Kotterba, P., Zablotski, Y., Gröhsler, T., Hüdepohl, P., Cooke, S. J., & Peck, M. A. (2020). Linking individual physiological indicators to the productivity of fish populations: a case study of Atlantic herring. *Ecological Indicators*, 113, 106146.
- Mukaigasa, K., Nguyen, L. T. P., Li, L., Nakajima, H., Yamamoto, M., & Kobayashi, M. (2012). Genetic evidence of an evolutionarily conserved role for Nrf2 in the protection against oxidative stress. *Molecular and Cellular Biology*, 32, 4455–4461.
- Müller, S. (2006). Rapport de mission du 15/07/2006 au 29/07/2006 : conservation de la biodiversité à Saint-Pierre-et-Miquelon. p. 34.
- Munday, P. L., Warner, R. R., Monro, K., Pandolfi, J. M., & Marshall, D. J. (2013). Predicting evolutionary responses to climate change in the sea. *Ecology Letters*, 16, 1488–1500.
- Naiman, R. J., McCormick, S. D., Montgomery, W. L., & Morin, R. (1987). Anadromous brook charr, *Salvelinus fontinalis*: opportunities and constraints for population enhancement. *Marine Fisheries Review*, 49, 1–13.
- Näslund, J. (2021). Reared to become wild-like: addressing behavioral and cognitive deficits in cultured aquatic animals destined for stocking into natural environments—a critical review. *Bulletin of Marine Science*, 97, 489–538.
- Nathan, L. R., Kanno, Y., & Vokoun, J. C. (2017). Population demographics influence genetic responses to fragmentation: a demogenetic assessment of the ‘one migrant per generation’ rule of thumb. *Biological Conservation*, 210, 261–272.
- Nogué, S., de Nascimento, L., Froyd, C. A., Wilmshurst, J. M., de Boer, E. J., Coffey, E. E. D., Whittaker, R. J., Fernández-Palacios, J. M., & Willis, K. J. (2017). Island biodiversity conservation needs palaeoecology. *Nature Ecology & Evolution*, 1, 0181.
- Nuez-Ortíz, W. G., Carter, C. G., Nichols, P. D., Cooke, I. R., & Wilson, R. (2018). Liver proteome response of pre-harvest Atlantic salmon following exposure to elevated temperature. *BMC Genomics*, 19, 1-13.

Nunn, P. D. (1994). Oceanic Islands. The Natural Environment, No 1. *Oxford, Blackwell*, 360 pp.

Nurse, L. A., Mclean, R. F., Agard, J., Briguglio, L. P., Duvat-Magnan, V., Pelesikoti, N., Tompkins, E., & Webb, A. (2014). Small islands. In *Climate Change 2014: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Part B: Regional Aspects. Contribution of Working Group II to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Barros, V. R., C. B. Field, D. J. Dokken, M. D. Mastrandrea, K. J. Mach, T. E. Bilir, Chatterjee, K. L. Ebi, Y. O. Estrada, R. C. Genova, B. Girma, E. S. Kissel, A. N. Levy, S. MacCracken, P. R. Mastrandrea, & L. L. White (eds.)]. *Cambridge University Press*, 1613–1654 pp.

O'Connell, M. (1982). The biology of anadromous *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1815) and *Salmo trutta* Linnaeus, 1758 in river systems flowing into Placentia Bay and St. Mary's Bay, Newfoundland. Doctoral dissertation, Memorial University of Newfoundland.

Oksanen, J., Gavin, L., Simpson, F., Blanchet, G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P. R., O'Hara, R. B., Solymos, P., Steven, H. H., Szoecs, E., Wagner, H., Barbour, M., Bedward, M., Bolker, B., Borcard, D., Carvalho, G., Chirico, M., De Caceres, M., Durand, S., Antoniazi Evangelista, H. B., FitzJohn, R., Friendly, M., Furneaux, B., Hannigan, G., Hill, M. O., Lahti, L., McGlinn, D., Ouellette, M.-H., Ribeiro Cunha, E., Smith, T., Stier, A., Ter Braak, C. J.-F., & Weedon, J. (2024). Vegan: community ecology package. R package version 2.6-8.

Oleksiak, M. F., Churchill, G. A., & Crawford, D. L. (2002). Variation in gene expression within and among natural populations. *Nature Genetics*, 32, 261–266.

Olla, B. L., Davis, M. W., & Ryer, C. H. (1998). Understanding how the hatchery environment represses or promotes the development of behavioral survival skills. *Bulletin of Marine Science*, 62, 531–550.

Ondračková, M., Šimková, A., Gelnar, M., & Jurajda, P. (2004). *Posthodiplostomum cuticola* (Digenea: Diplostomatidae) in intermediate fish hosts: factors contributing to the parasite infection and prey selection by the definitive bird host. *Parasitology*, 129, 761–770.

Oomen, R. A., & Hutchings, J. A. (2015). Variation in spawning time promotes genetic variability in population responses to environmental change in a marine fish. *Conservation Physiology*, 3, cov027.

Oosterhout, C. V., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., & Shipley, P. (2004). Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4, 535–538.

Oppenheimer, M., Glavovic, B. C., Hinkel, J., van de Wal, R., Magnan, A. K., Abd-Elgawad, A., Cai, R., Cifuentes-Jara, M., DeConto, R. M., Ghosh, T., Hay, J., Isla, F., Marzeion, B., Meyssignac, B., & Sebesvari, Z. (2019). Sea level rise and implications for low-lying islands, coasts and communities. In *The Ocean and Cryosphere in a Changing Climate: Special Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* (pp. 321–445). Cambridge University Press.

O'Reilly, P. T., Hamilton, L. C., McConnell, S. K., & Wright, J. M. (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 53, 2292–2298.

Östergren, J., Palm, S., Gilbey, J., Spong, G., Dannewitz, J., Königsson, H., Persson, J., & Vasemägi, A. (2021). A century of genetic homogenization in Baltic salmon—evidence from archival DNA. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 288, 20203147.

Palomares, F., Godoy, J. A., López-Bao, J. V., Rodríguez, A., Roques, S., Casas-Marce, M., Revilla, E., & Delibes, M. (2012). Possible extinction vortex for a population of iberian lynx on the verge of extirpation. *Conservation Biology*, 26, 689–697.

Palomares, M.-L. D., & Pauly, D. (2022). The fisheries of the sea around Saint-Pierre and Miquelon: from cod to sea cucumber. *Cybium*, 46, 337–347.

Papakostas, S., Vasemägi, A., Vähä, J.-P., Himberg, M., Peil, L., & Primmer, C. R. (2012). A proteomics approach reveals divergent molecular responses to salinity in populations of European whitefish (*Coregonus lavaretus*). *Molecular Ecology*, 21, 3516–3530.

Parmesan, C. (2006). Ecological and evolutionary responses to recent climate change. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 37, 637–669.

Pastorino, P., Elia, A. C., Caldaroni, B., Menconi, V., Abete, M. C., Brizio, P., Bertoli, M., Zaccaroni, A., Gabriele, M., Dörr, A. J., Pizzul, E., & Prearo, M. (2020). Oxidative stress ecology in brook trout (*Salvelinus fontinalis*) from a high-mountain lake (Cottian Alps). *Science of The Total Environment*, 715, 136946.

- Patra, R. C., Rautray, A. K., & Swarup, D. (2011). Oxidative stress in lead and cadmium toxicity and its amelioration. *Veterinary Medicine International*, 2011, 457327.
- Pavlova, A., Beheregaray, L. B., Coleman, R., Gilligan, D., Harrisson, K. A., Ingram, B. A., Kearns, J., Lamb, A. M., Lintemanns, M., Lyon, J., Nguyen, T. T., Sasaki, M., Tonkin, Z., Yen, J. D. L., & Sunnucks, P. (2017). Severe consequences of habitat fragmentation on genetic diversity of an endangered Australian freshwater fish: a call for assisted gene flow. *Evolutionary Applications*, 10, 531–550.
- Pépino, M., Rodríguez, M. A., & Magnan, P. (2012). Impacts of highway crossings on density of brook charr in streams. *Journal of Applied Ecology*, 49, 395–403.
- Perkins, D. L., Krueger, C. C., & May, B. (1993). Heritage brook trout in northeastern USA: genetic variability within and among populations. *Transactions of the American Fisheries Society*, 122, 515–532.
- Perry, G. M. L., Audet, C., & Bernatchez, L. (2005a). Maternal genetic effects on adaptive divergence between anadromous and resident brook charr during early life history: maternal QST for early traits in charr. *Journal of Evolutionary Biology*, 18, 1348–1361.
- Perry, G. M. L., King, T. L., St.-Cyr, J., Valcourt, M., & Bernatchez, L. (2005b). Isolation and cross-familial amplification of 41 microsatellites for the brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology Notes*, 5, 346–351.
- Pess, G. R., McHenry, M. L., Beechie, T. J., & Davies, J. (2008). Biological impacts of the Elwha River dams and potential salmonid responses to dam removal. *Northwest Science*, 82, 72–90.
- Petchey, O. L., & Gaston, K. J. (2002). Extinction and the loss of functional diversity. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 269, 1721–1727.
- Pettigrew, P. (2011). Mise à jour des normes de pêche expérimentale à l'omble de fontaine. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Secteur Faune Québec, Direction de l'expertise sur la faune et ses habitats, Service de la faune aquatique, Québec, 19p.
- Petty, J. T., Hansbarger, J. L., Huntsman, B. H., & Mazik, P. M. (2012). Brook trout movement in response to temperature, flow, and thermal refugia within a complex

Appalachian riverscape. *Transactions of the American Fisheries Society*, 141, 1060–1073.

Petrakis, G., & Stergiou, K. I. (1995). Weight-length relationships for 33 fish species in Greek waters. *Fisheries Research*, 21, 465–469.

Petzold, J., & Magnan, A. K. (2019). Climate change: thinking small islands beyond Small Island Developing States (SIDS). *Climatic Change*, 152, 145–165.

Philippenko, X., Goeldner-Gianella, L., Le Cozannet, G., Grancher, D., & De La Torre, Y. (2021). Perceptions of climate change and adaptation: A subarctic archipelago perspective (Saint-Pierre and Miquelon, North America). *Ocean & Coastal Management*, 215, 105924.

Phillips, B. L., Brown, G. P., & Shine, R. (2010). Evolutionarily accelerated invasions: the rate of dispersal evolves upwards during the range advance of cane toads. *Journal of Evolutionary Biology*, 23, 2595–2601.

Pielou, E. C. (1991). After the ice age. The return of life to glaciated North America. *Géographie physique et Quaternaire*, 45, 379–380.

Pilgrim, B. L., Perry, R. C., Keefe, D. G., Perry, E. A., & Dawn Marshall, H. (2012). Microsatellite variation and genetic structure of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) populations in Labrador and neighboring Atlantic Canada: evidence for ongoing gene flow and dual routes of post-Wisconsinan colonization. *Ecology and Evolution*, 2, 885–898.

Poesch, M. S., Chavarie, L., Chu, C., Pandit, S. N., & Tonn, W. (2016). Climate change impacts on freshwater fishes: a Canadian perspective. *Fisheries*, 41, 385–391.

Poissant, J., Knight, T. W., & Ferguson, M. M. (2005). Nonequilibrium conditions following landscape rearrangement: the relative contribution of past and current hydrological landscapes on the genetic structure of a stream-dwelling fish. *Molecular Ecology*, 14, 1321–1331.

Pollino, C. A., & Holdway, D. A. (2003). Hydrocarbon-induced changes to metabolic and detoxification enzymes of the Australian crimson-spotted rainbowfish (*Melanotaenia fluviatilis*). *Environmental Toxicology*, 18, 21–28.

- Potts, L. B., Mandrak, N. E., & Chapman, L. J. (2021). Coping with climate change: Phenotypic plasticity in an imperilled freshwater fish in response to elevated water temperature. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 31, 2726–2736.
- Preynat, J. (2013). Plan de gestion piscicole intermédiaire de Saint-Pierre-et-Miquelon, 335.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
- Proulx, R., & Magnan, P. (2004). Contribution of phenotypic plasticity and heredity to the trophic polymorphism of lacustrine brook charr (*Salvelinus fontinalis* M.). *Evolutionary Ecology Research*, 6, 503–522.
- Puyo, P. (1982). Étude sur les possibilités de production de salmonidés à Saint-Pierre-et-Miquelon. Mémoire de fin d'études : section halieutique. *E.N.S.A Rennes*. p. 105.
- Quigley, A. (2015). Survey of recreational fishing in Canada, 2015. *Fisheries and Oceans Canada*, Fs42-1/2015E-PDF, 12-13.
- Quinn, T. P. (1993). A review of homing and straying of wild and hatchery-produced salmon. *Fisheries Research*, 18, 29–44.
- Quirós, L., Jarque, S., Lackner, R., Fernández, P., Grimalt, J. O., & Piña, B. (2007). Physiological response to persistent organic pollutants in fish from mountain lakes: analysis of cyp1a gene expression in natural populations of *Salmo trutta*. *Environmental Science & Technology*, 41, 5154–5160.
- Rainville, V., Pépino, M., & Magnan, P. (2021). Parallel evolution of morphological traits and body shape in littoral and pelagic brook charr, *Salvelinus fontinalis*, along a gradient of interspecific competition. *Oecologia*, 197, 421–436.
- Ramachandra, T. V., Sudarshan, P. B., Mahesh, M. K., & Vinay, S. (2018). Spatial patterns of heavy metal accumulation in sediments and macrophytes of Bellandur wetland, Bangalore. *Journal of Environmental Management*, 206, 1204–1210.
- Randall, R. G. (1987). Variability in length of freshwater residence of salmon, trout and char. *American Fisheries Society Symposium*, 1, 27–41.
- Raufaste, N., & Bonhomme, F. (2000). Properties of bias and variance of two multiallelic estimators of *FST*. *Theoretical Population Biology*, 57, 285–296.

- Ravikumar, T., Neethiselvan, N., Jayakumar, N., Sudhan, C., Umamaheswari, T., & Padmavathy, P. (2023). Length-weight relationships and Fulton's condition factor (k) for 29 demersal reef fishes caught by longline. *Thalassas: An International Journal of Marine Sciences*, 39, 1263–1270.
- Reddy, S., Driskell, A., Rabosky, D. L., Hackett, S. J., & Schulenberg, T. S. (2012). Diversification and the adaptive radiation of the vangas of Madagascar. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279, 2062–2071.
- Reid, A. J., Carlson, A. K., Creed, I. F., Eliason, E. J., Gell, P. A., Johnson, P. T. J., Kidd, K. A., MacCormack, T. J., Olden, J. D., Ormerod, S. J., Smol, J. P., Taylor, W. W., Tockner, K., Vermaire, J. C., Dudgeon, D., & Cooke, S. J. (2019). Emerging threats and persistent conservation challenges for freshwater biodiversity. *Biological Reviews*, 94, 849–873.
- Richards, C. L., Hanzawa, Y., Katari, M. S., Ehrenreich, I. M., Engelmann, K. E., & Purugganan, M. D. (2009). Perspectives on ecological and evolutionary systems biology. *Annual Plant Reviews: Plant Systems Biology*, 35, 331–349.
- Richter, B. D., Braun, D. P., Mendelson, M. A., & Master, L. L. (1997). Threats to imperiled freshwater fauna. *Conservation Biology*, 11, 1081–1093.
- Rogers, S. M., & Curry, R. A. (2004). Genetic population structure of brook trout inhabiting a large river watershed. *Transactions of the American Fisheries Society*, 133, 1138–1149.
- Romero-Lankao, P., Smith, J. B., Davidson, D., Diffenbaugh, N., Kinney, P., Kovacs, P., & Villiez-Ruiz, L. (2014). North America. Climate change 2014: impacts, adaptation, and vulnerability: Working Group II contribution to the fifth assessment report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. *New York, Cambridge University Press*, 1439–1498.
- Rousset, F. (1997). Genetic differentiation and estimation of gene flow from f-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 145, 1219–1228.
- Rousset, F. (2008). GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8, 103–106.
- Royle, S. A. (2008). Geography of Islands: Small Islands Insularity. *London and New York: Routledge*, 237 pp.

- Royle, S. A. (2014). Islands: Nature and Culture. *London: Reaktion*, 224 pp.
- RStudio Team. (2020). RStudio: integrated development for R. *RStudio, PBC, Boston, MA* <https://rstudio.com/> (accessed Aug 18, 2020).
- Ryan, P. M., & Harvey, H. H. (1977). Growth of rock bass, *Ambloplites rupestris*, in relation to the morphoedaphic index as an indicator of an environmental stress. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 34, 2067–2078.
- Ryther, J. H. (1997). Anadromous brook trout: biology, status and enhancement. *Wood Hole Oceanographic Institution, MA, Trout Unlimited Report*.
- Saad, E., Hamed, M., Elshahawy, A. M., Abd El-Aal, M., & Sayed, A. E.-D. H. (2023). Effects of major and trace elements from the El Kahfa ring complex on fish: geological, physicochemical, and biological approaches. *Frontiers in Environmental Science*, 10, 1013878.
- Saba, V. S., Griffies, S. M., Anderson, W. G., Winton, M., Alexander, M. A., Delworth, T. L., Hare, J. A., Harrison, M. J., Rosati, A., Vecchi, G. A., & Zhang, R. (2016). Enhanced warming of the Northwest Atlantic Ocean under climate change. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 121, 118–132.
- Saccheri, I., Kuussaari, M., Kankare, M., Vikman, P., Fortelius, W., & Hanski, I. (1998). Inbreeding and extinction in a butterfly metapopulation. *Nature*, 392, 491–494.
- Saito, A., & Regier, L. W. (1971). Pigmentation of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) by feeding dried crustacean waste. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 28, 509–512.
- Salamin, N., Wüest, R. O., Lavergne, S., Thuiller, W., & Pearman, P. B. (2010). Assessing rapid evolution in a changing environment. *Trends in Ecology & Evolution*, 25, 692–698.
- Salazar, J. C., del Rosario Castañeda, M., Londoño, G. A., Bodensteiner, B. L., & Muñoz, M. M. (2019). Physiological evolution during adaptive radiation: A test of the island effect in *Anolis* lizards. *Evolution*, 73, 1241–1252.
- Salisbury, S. J., & Ruzzante, D. E. (2022). Genetic causes and consequences of sympatric morph divergence in Salmonidae: a search for mechanisms. *Annual Review of Animal Biosciences*, 10, 81–106.

Scheffers, B. R., De Meester, L., Bridge, T. C. L., Hoffmann, A. A., Pandolfi, J. M., Corlett, R. T., Butchart, S. H. M., Pearce-Kelly, P., Kovacs, K. M., Dudgeon, D., Pacifici, M., Rondinini, C., Foden, W. B., Martin, T. G., Mora, C., Bickford, D., & Watson, J. E. M. (2016). The broad footprint of climate change from genes to biomes to people. *Science*, 354, aaf7671.

Schmidt, R. E. (1986). Zoogeography of the Northern Appalachians. *The zoogeography of North American freshwater fishes*, 137-159.

Schulte, P. M. (2004). Changes in gene expression as biochemical adaptations to environmental change: a tribute to Peter Hochachka. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology*, 139, 519–529.

Scott, W. B., & Crossman E. J. (1974). Poissons d'eau douce du Canada. Bulletin 184, Office des recherches sur les pêches du Canada, 1026p.

Seear, P. J., Carmichael, S. N., Talbot, R., Taggart, J. B., Bron, J. E., & Sweeney, G. E. (2010). Differential gene expression during smoltification of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): a first large-scale microarray study. *Marine Biotechnology*, 12, 126–140.

Seehausen, O., Takimoto, G., Roy, D., & Jokela, J. (2008). Speciation reversal and biodiversity dynamics with hybridization in changing environments. *Molecular Ecology*, 17, 30–44.

Segelbacher, G., Bosse, M., Burger, P., Galbusera, P., Godoy, J. A., Helsen, P., Hvilsom, C., Lacolina, L., Kahric, A., Manfrin, C., Nonic, M., Thizy, D., Tsetkov, I., Veličković, N., Vilà, C., Wisely, S. M., & Buzan, E. (2021). New developments in the field of genomic technologies and their relevance to conservation management. *Conservation Genetics*, 23, 217-242.

Shaughnessy, C. A., & McCormick, S. D. (2018). Reduced thermal tolerance during salinity acclimation in brook trout (*Salvelinus fontinalis*) can be rescued by prior treatment with cortisol. *Journal of Experimental Biology*, 221, jeb169557.

Sheaves, M. (2009). Consequences of ecological connectivity: the coastal ecosystem mosaic. *Marine Ecology Progress Series*, 391, 107–115.

Smith, D. A., Jackson, D. A., & Ridgway, M. S. (2019). Thermal habitat of brook trout in lakes of different size. *Freshwater Science*, 39, 56-69.

- Smith, M. W., & Saunders, J. W. (1958). Movements of brook trout, *Salvelinus fontinalis* (Mitchill), between and within fresh and salt water. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 15, 1403–1449.
- Smith, R. J., Kazyak, D. C., Kulp, M. A., Lubinski, B. A., & Fitzpatrick, B. M. (2024). Genetic structure of restored brook trout populations in the Southern Appalachian Mountains indicates successful reintroductions. *Conservation Genetics*, 25, 1007–1020.
- Smith, T. B., Wayne, R. K., Girman, D. J., & Bruford, M. W. (1997). A role for ecotones in generating rainforest biodiversity. *Science*, 276, 1855–1857.
- Solberg, M. F., Robertsen, G., Sundt-Hansen, L. E., Hindar, K., & Glover, K. A. (2020). Domestication leads to increased predation susceptibility. *Scientific Reports*, 10, 1929.
- Somero, G. N. (2010). The physiology of climate change: how potentials for acclimatization and genetic adaptation will determine ‘winners’ and ‘losers’. *Journal of Experimental Biology*, 213, 912–920.
- Stauffer, J. R., Jr., & King, T. L. (2015). Designation of a neotype for brook trout, *Salvelinus fontinalis*. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 127, 557–567.
- Stevenson, R. D., & Woods, W. A., Jr. (2006). Condition indices for conservation: new uses for evolving tools. *Integrative and Comparative Biology*, 46, 1169–1190.
- Stockwell, C. A., Hendry, A. P., & Kinnison, M. T. (2003). Contemporary evolution meets conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 18, 94–101.
- Stranko, S. A., Hilderbrand, R. H., Morgan, R. P., Staley, M. W., Becker, A. J., Roseberry-Lincoln, A., Perry, E. S., & Jacobson, P. T. (2008). Brook trout declines with land cover and temperature changes in Maryland. *North American Journal of Fisheries Management*, 28, 1223–1232.
- Swindell, W. R., & Bouzat, J. L. (2006). Reduced inbreeding depression due to historical inbreeding in *Drosophila melanogaster*: evidence for purging. *Journal of Evolutionary Biology*, 19, 1257–1264.
- Taylor, E. B., Tamkee, P., Keeley, E. R., & Parkinson, E. A. (2011). Conservation prioritization in widespread species: the use of genetic and morphological data to

assess population distinctiveness in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) from British Columbia, Canada. *Evolutionary Applications*, 4, 100–115.

Teletchea, F. (2015). Domestication and Genetics: What a Comparison Between Land and Aquatic Species Can Bring? In *Evolutionary Biology: Biodiversification from Genotype to Phenotype*, 389–401.

Teletchea, F. (2016). De la pêche à l'aquaculture : Demain, quels poissons dans nos assiettes ? Belin (eds.), 175 pp.

Teletchea, F. (2017). Wildlife Conservation: Is Domestication a Solution? In *Global Exposition of Wildlife Management*, 1-21.

Teletchea, F. (2019). Fish domestication: an overview. In *Animal domestication*, 69–90.

Teletchea, F. (2022). The historic background and potential of sustainable small-scale fisheries and aquaculture in small islands: the case of Saint-Pierre and Miquelon. *Cybium: International Journal of Ichthyology*, 46, 425–438.

Teletchea, F., & Beisel, J.-N. (2018). Alien fish species in France with emphasis on the recent invasion of gobies. In *Biological Resources of Water*, 75–92.

Teletchea, F., & Le Doré, Y. (2011). Étude sur l'élevage des carpes dites chinoises en France et évaluation de leur possible reproduction naturelle dans les cours d'eau français. Université de Lorraine, 92 pp.

Tetzlaff, S. J., Sperry, J. H., & DeGregorio, B. A. (2019). Effects of antipredator training, environmental enrichment, and soft release on wildlife translocations: A review and meta-analysis. *Biological Conservation*, 236, 324–331.

Thériault, V., Bernatchez, L., & Dodson, J. J. (2007). Mating system and individual reproductive success of sympatric anadromous and resident brook charr, *Salvelinus fontinalis*, under natural conditions. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 62, 51–65.

Tian, D., Patton, A. H., Turner, B. J., & Martin, C. H. (2022). Severe inbreeding, increased mutation load and gene loss-of-function in the critically endangered Devils Hole pupfish. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 289, 20221561.

- van Tienderen, P. H., de Haan, A. A., van der Linden, C. G., & Vosman, B. (2002). Biodiversity assessment using markers for ecologically important traits. *Trends in Ecology & Evolution*, 17, 577–582.
- Timm, A., Hallerman, E., Andrew Dolloff, C., Hudy, M., & Kolka, R. (2016). Identification of a barrier height threshold where brook trout population genetic diversity, differentiation, and relatedness are affected. *Environmental Biology of Fishes*, 99, 195–208.
- Toews, S. D., Wellband, K. W., Dixon, B., & Heath, D. D. (2019). Variation in juvenile Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) transcription profiles among and within eight population crosses from British Columbia, Canada. *Molecular Ecology*, 28, 1890–1903.
- Torterotot, J.-B., Perrier, C., Bergeron, N. E., & Bernatchez, L. (2014). Influence of forest road culverts and waterfalls on the fine-scale distribution of brook trout genetic diversity in a Boreal watershed. *Transactions of the American Fisheries Society*, 143, 1577-1591.
- Tuomi, J. M., Voorbraak, F., Jones, D. L., & Ruijter, J. M. (2010). Bias in the Cq value observed with hydrolysis probe based quantitative PCR can be corrected with the estimated PCR efficiency value. *Methods*, 50, 313–322.
- Tzilkowski, C. J. (2005). Native brook trout and naturalized brown trout effects on two Pennsylvania headwater stream food chains. *Thèse de doctorat. The Pennsylvania State University*, 216 pp.
- IUCN. (2023). Les poissons d'eau douce illustrent l'escalade des impacts climatiques sur les espèces - Liste rouge de l'IUCN <https://www.iucn.org/fr/communique-de-presse/202312/les-poissons-deau-douce-illustrent-lescalade-des-impacts-climatiques> (accessed Aug 6, 2024).
- IUCN France. (2024). La Liste rouge des espèces menacées en France <https://iucn.fr/liste-rouge-france/> (accessed Aug 6, 2024).
- U.S. Commission of Fish and Fisheries. (1888). Report of the commissioner of fish and fisheries. *U.S. Commission of Fish and Fisheries, Washington D.C.*
- Valencia, E., Veliz, D., Tombari, A., Vega-Retter, C., Valencia, E., Veliz, D., Tombari, A., & Vega-Retter, C. (2017). Genetic population structure and evidence of genetic

homogeneity in populations of the Argentinian silverside *Odontesthes bonariensis* (Teleostei: Atherinopsidae) inhabiting central and northwestern Argentina. *Latin American Journal of Aquatic Research*, 45, 708–716.

Valiquette, E., Perrier, C., Thibault, I., & Bernatchez, L. (2014). Loss of genetic integrity in wild lake trout populations following stocking: insights from an exhaustive study of 72 lakes from Québec, Canada. *Evolutionary Applications*, 7, 625–644.

Van Den Berghe, E. P., & Gross, M. R. (1986). Length of breeding life of coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). *Canadian Journal of Zoology*, 64, 1482–1486.

Vandesompele, J., De Preter, K., Pattyn, F., Poppe, B., Van Roy, N., De Paepe, A., & Speleman, F. (2002). Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biology*, 3, research0034.1.

Vasconcelos, R. P., Reis-Santos, P., Fonseca, V., Ruano, M., Tanner, S., Costa, M. J., & Cabral, H. N. (2009). Juvenile fish condition in estuarine nurseries along the Portuguese coast. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 82, 128–138.

Vayssade, C. (2004). Interaction entre démographie et génétique dans les petites populations : études sur un Hyménoptère parasitoïde avec incompatibilités génétiques. *Thèse de doctorat. Université Nice Sophia Antipolis*.

Vera, M., Díez-del-Molino, D., & García-Marín, J.-L. (2016). Genomic survey provides insights into the evolutionary changes that occurred during European expansion of the invasive mosquitofish (*Gambusia holbrooki*). *Molecular Ecology*, 25, 1089–1105.

Viana, J., Briand, E., Perrin, L., Gustave, E., Audet, C., & Teletchea, F. (2022). The brook trout *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) in the Saint-Pierre and Miquelon archipelago: a review. *Cybium*, 46, 415–424.

Viana, J., Evanno, G., Audet, C., & Teletchea, F. (2025). Fine-Scale Genetic Structure of Small Fish Populations in Islands: The Case of Brook Charr *Salvelinus fontinalis* (Mitchill, 1814) in Saint-Pierre and Miquelon (France). *Evolutionary Applications*, 18, e70041.

- Vieira, M. L. C., Santini, L., Diniz, A. L., & Munhoz, C. de F. (2016). Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39, 312–328.
- Visser, M. E. (2008). Keeping up with a warming world; assessing the rate of adaptation to climate change. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275, 649–659.
- Wade, A. A., Hand, B. K., Kovach, R. P., Luikart, G., Whited, D. C., & Muhlfeld, C. C. (2017). Accounting for adaptive capacity and uncertainty in assessments of species' climate-change vulnerability. *Conservation Biology*, 31, 136–149.
- Waldron, A., Mooers, A. O., Miller, D. C., Nibbelink, N., Redding, D., Kuhn, T. S., Roberts, J. T., & Gittleman, J. L. (2013). Targeting global conservation funding to limit immediate biodiversity declines. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110, 12144–12148.
- Walker, L. R., & Bellingham, P. (2011). Island Environments in a Changing World. *Cambridge University Press*, 338 pp.
- Walker, P. A., Kille, P., Hurley, A., Bury, N. R., & Hogstrand, C. (2008). An in vitro method to assess toxicity of waterborne metals to fish. *Toxicology and Applied Pharmacology*, 230, 67–77.
- Wang, G., Yang, E., Smith, K. J., Zeng, Y., Ji, G., Connon, R., Fangue, N. A., & Cai, J. J. (2014). Gene expression responses of threespine stickleback to salinity: implications for salt-sensitive hypertension. *Frontiers in Genetics*, 5, 1-10.
- Wang, J. (2004). Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166, 1963–1979.
- Wang, L., & Gallagher, E. P. (2013). Role of Nrf2 antioxidant defense in mitigating cadmium-induced oxidative stress in the olfactory system of zebrafish. *Toxicology and Applied Pharmacology*, 266, 177–186.
- Ward, R. D., Woodwark, M., & Skibinski, D. O. F. (1994). A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology*, 44, 213–232.

- Warren, D. R., & Kraft, C. E. (2003). Brook trout (*Salvelinus fontinalis*) response to wood removal from high-gradient streams of the Adirondack Mountains (N.Y., U.S.A.). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 60, 379–389.
- Watters, J. V., & Meehan, C. L. (2007). Different strokes: can managing behavioral types increase post-release success? *Applied Animal Behaviour Science*, 102, 364–379.
- Weathers, T. C., Kazyak, D. C., Stauffer Jr., J. R., Kulp, M. A., Moore, S. E., King, T. L., & Carlson, J. E. (2019). Neutral genetic and phenotypic variation within and among isolated headwater populations of brook trout. *Transactions of the American Fisheries Society*, 148, 58–72.
- Webb, P. W., Kostecki, P. T., & Stevens, E. D. (1984). The effect of size and swimming speed on locomotor kinematics of rainbow trout. *Journal of Experimental Biology*, 109, 77–95.
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358–1370.
- Welcomme, R. L., Cowx, I. G., Coates, D., Béné, C., Funge-Smith, S., Halls, A., & Lorenzen, K. (2010). Inland capture fisheries. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365, 2881–2896.
- Wellband, K. W., Pettitt-Wade, H., Fisk, A. T., & Heath, D. D. (2018). Standing genetic diversity and selection at functional gene loci are associated with differential invasion success in two non-native fish species. *Molecular Ecology*, 27, 1572–1585.
- Wesner, J. S., Cornelison, J. W., Dankmeyer, C. D., Galbreath, P. F., & Martin, T. H. (2011). Growth, pH tolerance, survival, and diet of introduced northern-strain and native southern-strain Appalachian brook trout. *Transactions of the American Fisheries Society*, 140, 37–44.
- White, C. R., Alton, L. A., & Frappell, P. B. (2012). Metabolic cold adaptation in fishes occurs at the level of whole animal, mitochondria and enzyme. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279, 1740–1747.
- White, S. L., Johnson, T. C., Rash, J. M., Lubinski, B. A., & Kazyak, D. C. (2023). Using genetic data to advance stream fish reintroduction science: a case study in brook trout. *Restoration Ecology*, 31, e13662.

- White, S. L., Miller, W. L., Dowell, S. A., Bartron, M. L., & Wagner, T. (2018). Limited hatchery introgression into wild brook trout (*Salvelinus fontinalis*) populations despite reoccurring stocking. *Evolutionary Applications*, 11, 1567–1581.
- White, T. A., & Searle, J. B. (2007). Genetic diversity and population size: island populations of the common shrew, *Sorex araneus*. *Molecular Ecology*, 16, 2005–2016.
- Whitehead, A. (2012). Comparative genomics in ecological physiology: toward a more nuanced understanding of acclimation and adaptation. *Journal of Experimental Biology*, 215, 884–891.
- Whitlock, M. C. (2000). Fixation of new alleles and the extinction of small populations: drift load, beneficial alleles, and sexual selection. *Evolution*, 54, 1855–1861.
- Whitman, D., & Agrawal, A. (2009). What is phenotypic plasticity and why is it important? In *Phenotypic Plasticity of Insects: Mechanisms and Consequences*. Science Publishers, 63 pp.
- Wilson, C. C., Stott, W., Miller, L., D'Amelio, S., Jennings, M. J., & Cooper, A. M. (2008). Conservation genetics of Lake Superior brook trout: issues, questions, and directions. *North American Journal of Fisheries Management*, 28, 1307–1320.
- Wohl, E., Lane, S. N., & Wilcox, A. C. (2015). The science and practice of river restoration. *Water Resources Research*, 51, 5974–5997.
- Wright, S. (1931). Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16, 97–159.
- Wringe, B. F., Purchase, C. F., & Fleming, I. A. (2016). In search of a “cultured fish phenotype”: a systematic review, meta-analysis and vote-counting analysis. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 26, 351–373.
- Xiao, M., Nan, Y., Yang, Y., Li, H., & Duan, Y. (2024). Changes in physiological homeostasis in the gills of *Litopenaeus vannamei* under carbonate alkalinity stress and recovery conditions. *Fishes*, 9, 463.
- Young, H. S., McCauley, D. J., Galetti, M., & Dirzo, R. (2016). Patterns, causes, and consequences of Anthropocene defaunation. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 47, 333–358.
- Zargar, U. R., Yousuf, A. R., Mushtaq, B., & Jan, D. (2012). Length-weight relationship of the crucian carp, *Carassius carassius* in relation to water quality, sex and season in

some lentic water bodies of Kashmir Himalayas. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 12, 685-691.

Zeng, C., Hou, Z.-S., Zhao, H.-K., Xin, Y.-R., Liu, M.-Q., Yang, X.-D., Wen, H.-S., & Li, J.-F. (2021). Identification and characterization of caspases genes in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and their expression profiles after *Aeromonas salmonicida* and *Vibrio anguillarum* infection. *Developmental & Comparative Immunology*, 118, 103987.

Zhang, H., & Reynolds, M. (2019). Cadmium exposure in living organisms: A short review. *Science of The Total Environment*, 678, 761–767.

Zhong, S. (2019). ctrlGene: assess the stability of candidate housekeeping genes. In *R package version 1.0.1*.

ANNEXES

Annexe 1. Spécimens échantillonnés sur l'île de Miquelon. Les hydrosystèmes, les stations de prélèvements, les échantillons biologiques et les métriques relevés, ainsi que les dates de prélèvements et la présence de parasite sont détaillés. Le détail des initiales utilisées pour les membres des équipes de terrain est donné en **Annexe 4**.

Hydrosystème	Station	Masse (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Mirande	Étang de Mirande	132	22,4	9-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; L. P. ; G. H. ; E. D.
		302	29,7	9-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; L. P. ; G. H. ; E. D.
		21	16,7	9-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; L. P. ; G. H. ; E. D.
		173	24,7	16-juin	Points noirs	L. C. ; M. S.
		117	22,4	16-juin	Points noirs	L. C. ; M. S.
		85	20,0	29-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		128	22,0	11-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		64	17,8	11-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
	Terre-Grasse	62	18,6	11-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		21	16,1	11-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		106	21,7	16-juin	Points noirs	L. C. ; M. S.
		40	14,0	16-juin	Points noirs	L. C. ; M. S.
		130	23,6	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		98	21,9	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		80	21,2	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
Carcasse de l'ouest	Embouchure	191	27,6	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		131	23,6	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		81	20,1	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		88	21,0	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		190	27,0	30-juin	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L.
		50	17,4	13-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
	Carcasse de l'ouest	91	20,5	13-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		60	17,6	21-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		66	22,6	21-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		22	14,0	2-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		80	20,2	2-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		93	23,8	29-juil.	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; J. V.
		71	19,7	11-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		71	19,2	11-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		72	19,2	11-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
Étang de Cuivre	Carcasse de l'ouest	81	20,6	11-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		60	18,0	11-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		48	16,2	11-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		55	16,6	11-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		82	21,6	11-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
		72	19,2	11-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; S. L. ; J. V.
	Étang de Cuivre	69	18,8	19-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		157	25,0	25-juil.	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	Z. L. ; N. L. ; J. V.
		48	18,0	25-juil.	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	Z. L. ; N. L. ; J. V.

Annexe 1. Suite

Hydrosystème	Station	Masse (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Sylvain	Étang des Outardes	46	16,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		64	19,5	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		34	15,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		32	15,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		64	19,9	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		40	16,0	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		46	17,0	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		37	15,4	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
	Sylvain	35	15,9	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		33	14,9	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		101	22,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		55	18,5	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		47	17,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		65	19,0	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		56	18,7	1-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
Grand Barachois	Étang de Bellevue	54	17,5	11-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		77	20,0	11-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		68	18,8	11-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		54	18,0	11-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		75	21,0	11-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		33	15,6	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		41	16,5	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		35	15,5	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		22	15,5	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		27	14,8	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		43	16,3	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		20	14,8	29-juin	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		33	15,8	5-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		49	17,8	5-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		32	14,4	5-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; C. L. ; J. V.
		50	17,8	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		80	20,0	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		72	19,1	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		89	21,0	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		104	21,0	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		33	14,4	22-juil.	Points noirs	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		101	21,0	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		72	19,4	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		111	22,1	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		92	21,0	22-juil.	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.

Annexe 2. Spécimens échantillonnés sur l'île de Langlade. Les hydrosystèmes, les stations de prélèvements, les échantillons biologiques et les métriques relevés, ainsi que les dates de prélèvements et la présence de parasite sont détaillés. Le détail des initiales utilisées pour les membres des équipes de terrain est donné en **Annexe 4**.

Hydrosystème	Station	Poids (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Debons	Fourche Gauche	140	24,5	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		100	22,4	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		102	23,0	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		70	20,2	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		202	27,6	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		62	19,2	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		111	23,0	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		96	23,7	31-juil	-	S. L. ; J. V.
		135	23,6	31-juil	-	S. L. ; J. V.
	Debons	64	18,3	12-juil	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		160	24,8	12-juil	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		87	21,6	12-juil	-	L. C. ; M. S. ; Z. L. ; N. L. ; C. L. ; J. V.
		33	15,6	17-juil	-	L. C. ; M. S. ; J. V.
		75	19,7	21-juil	-	L. C. ; M. S. ; J. V.
		150	23,0	21-juil	-	L. C. ; M. S. ; J. V.
		346	32,5	10-août	-	S. L. ; J. V.
		256	27,6	10-août	-	S. L. ; J. V.
		312	37,5	10-août	-	S. L. ; J. V.
	Embouchure / Océan	112	22,6	10-août	-	S. L. ; J. V.
		130	23,6	02-août	-	S. L. ; J. V.
		159	24,4	02-août	-	S. L. ; J. V.
		154	24,8	02-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		130	22,5	02-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		396	34,0	02-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		136	23,8	02-août	Points noirs	S. L. ; J. V.
		308	31,0	04-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; J. V.
		381	33,4	04-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; J. V.
		160	23,6	04-août	Points noirs	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; J. V.
		130	29,8	04-août	-	Z. L. ; N. L. ; R. B. ; J. V.
Voiles Blanches	Étang des Voiles Blanches	141	25,7	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		138	24,5	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		115	22,5	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		104	21,8	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		145	24,3	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		149	25,4	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		111	22,5	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		86	21,3	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		78	20,3	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		176	27,0	13-juin	Points noirs / vers blancs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		117	22,4	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		79	20,0	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
2 ^{ème} Étang des Voiles Blanches	2 ^{ème} Étang des Voiles Blanches	140	24,2	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		120	22,8	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		111	22,2	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		92	21,2	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		99	21,0	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		83	20,0	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		62	18,5	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		63	18,5	13-juin	Points noirs / <i>Salmincola edwardsii</i>	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		68	18,1	13-juin	Points noirs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		84	20,0	13-juin	Points noirs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		120	22,1	13-juin	Points noirs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		122	22,7	13-juin	Points noirs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		78	18,5	13-juin	Points noirs	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
Rivière	Rivière	55	18,0	13-juin	-	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.
		130	22,7	13-juin	-	S. L. ; L. P. ; G. H. ; L. C. ; M. S. ; J. V.

Annexe 2. Suite

Hydrosystème	Station	Poids (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Anse à Ross	Étang de l'Anse à Ross	66	19,3	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		77	19,6	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		36	14,7	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		80	19,8	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		26	14,1	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		244	28,4	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		163	25,3	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		82	20,4	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		46	19,2	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		37	15,6	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
	Rivière	36	16,0	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		21	14,5	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		90	21,2	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		87	20,7	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		36	16,1	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		44	16,5	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		44	16,5	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		73	19,2	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		57	18,2	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		79	18,9	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.

Annexe 3. Spécimens échantillonnés sur l'île de St.-Pierre. Les hydrosystèmes, les stations de prélèvements, les échantillons biologiques et les métriques relevés, ainsi que les dates de prélèvements et la présence de parasite sont détaillés. Le détail des initiales utilisées pour les membres des équipes de terrain est donné en **Annexe 4**.

Hydrosystème	Station	Masse (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Cap au diable	Étang du Cap au diable	135	21,9	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		89	20,4	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		151	21,4	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		107	20,2	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		67	17,2	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		48	16,8	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		50	17,0	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		45	16,5	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		65	17,6	09-juil	-	S. L. ; J. V.
		165	23,2	09-juil	-	S. L. ; J. V.
	Marais	58	18,7	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		64	20,2	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		54	18,7	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		80	21,6	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		56	19,0	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
	Rivière	48	17,5	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		60	19,7	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		71	20,5	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		56	19,0	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		53	18,5	21-mai	-	S. L. ; G. H. ; J. V.
		70	18,8	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
		83	20,3	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
Thélot	Étang de Thélot	41	18,2	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
		25	15,4	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
		26	16,4	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
		53	19,2	22-août	-	L. P. ; J. B. ; T. A. ; J. V.
		82	20,5	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
		80	19,8	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
		62	17,9	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
		54	16,9	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
		54	16,0	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
		88	20,5	15-juin	-	G. H. ; L. P. ; S. L. ; J. V.
	Étang du Pied de la Montagne	69	19,5	28-juin	-	G. H. ; L. P. ; C. L. ; J. V.
		70	20,6	10-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		44	17,0	10-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		64	19,7	10-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		72	19,5	28-juin	-	G. H. ; L. P. ; C. L. ; J. V.
	Rivière	64	19,0	28-juin	-	G. H. ; L. P. ; C. L. ; J. V.
		50	17,5	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		42	16,1	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		38	15,4	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		48	17,2	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		50	17,2	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		44	16,4	27-juil	-	S. L. ; J. V.
		53	17,6	27-juil	-	S. L. ; J. V.
	Rivière	71,9	19,0	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		56,9	17,6	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		52	17,0	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		62	17,9	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		71	19,0	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		74	19,4	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		54	17,2	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		39	15,1	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		36	16,0	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.
		32	15,2	29-juil	-	L. P. ; C. L. ; J. V.

Annexe 3. Suite

Hydrosystème	Station	Masse (g)	Longueur (cm)	Date	Parasite	Équipe
Savoyard	Étang de la Vigie	85	20,4	23-juin	Points noirs	L. P. ; S. L. ; J. V.
		39	15,7	23-juin	Points noirs	L. P. ; S. L. ; J. V.
		74	20,5	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		46	18,4	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		47	17,0	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		67	18,6	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		72	19,8	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		97	20,1	23-juin	Vers blancs	L. P. ; S. L. ; J. V.
		56	18,0	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
		69	19,2	23-juin	-	L. P. ; S. L. ; J. V.
	Rivière	77	23,2	17-juin	-	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		108	23,0	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		160	24,0	17-juin	-	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		100,3	20,6	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		184	24,0	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		148	24,2	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		118	24,0	17-juin	-	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		212	27,0	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		78	19,9	17-juin	Points noirs	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.
		51	17,5	17-juin	-	A. L. ; L. P. ; R. L. ; E. D. ; J. V.

Annexe 4. Détails des initiales des personnes impliquées dans la réalisation de la campagne d'échantillonnage réalisée de mai à août 2022 sur Saint-Pierre-et-Miquelon, France.

Initiales	Noms complets	Affiliation
S.L.	Sébastien Levêque	Bénévole
L. P.	Loïc Perrin	Technicien rivière (FTPSPM)
L. C.	Lilian Carlu	Saisonnier (FTPSPM)
R. B.	Roland Briand	Saisonnier (FTPSPM)
Z. L	Zachary de Lizzaraga	Saisonnier (FTPSPM)
C. L	Camille Levard	Stagiaire (ISMER)
N. L.	Nolan de Lizarraga	Saisonnier (FTPSPM)
J. B.	Jonathan Brûlé	Saisonnier (FTPSPM)
T. A.	Théo Austin	Saisonnier (FTPSPM)
M. S.	Marine Sanchez	Saisonnier (FTPSPM)
R. L	Robert Langlois	Président FTPSPM
A. L.	Arthur Leurette	Master (U. Lorraine)
G. H.	Guillaume Heilig	Master (U. Lorraine)
E. B.	Erwan Durand	Technicien rivière (FTPSPM)
J. V.	Julie Viana	Doctorante (UQAR-ISMER / U. Lorraine)

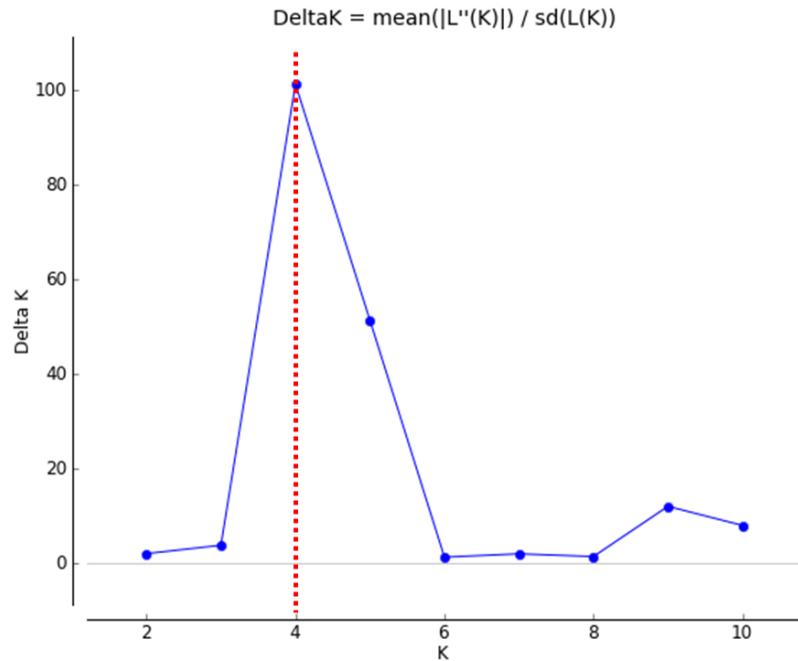
Annexe 5. Liste des gènes ciblés pour l'analyse des profils transcriptomiques au niveau du foie et des branchies des ombles de fontaines de Saint-Pierre-et-Miquelon. La fonction physiologique associée et l'acronyme de chaque gène est fournie.

Fonctions physiologiques	Gènes étudiés	Symbolle du gène
Apoptose cellulaire	Caspase 9	CASP9
	Caspase 3A et 3B	CASP3AB
	Morts cellulaires programmées 10A et 10B	PDCD10AB
	Protéines chargées du corps multivésiculaires 5A et 5B	CHMP5AB
Détoxification	Glutathion S-transférase 1	GSTP1
	Catalase	CAT
	Supéroxyde dismutase à manganèse	SOD1
	Supéroxyde dismutase à cuivre/zinc	SOD2
Contrôle endogène	Cytochrome P450, famille 1, sous-famille A	CYP1A
	Facteur nucléaire, érythroïde 2-like 2A et 2B	NFE2L2A
	Facteur d'elongation 1 alpha	EF1 α
	Protéine ribosomale L13a	RPL13A
Croissance et métabolisme	Protéine ribosomale 60S L7	RPL7
	Protéine ribosomale 40S S9	RPS9
	Récepteur de l'hormone de croissance	GHR
	Facteur de croissance analogue à l'insuline 1	IGF1
Hypoxie	Facteur de croissance analogue à l'insuline 2	IGF2
	Protéine kinase activée par l'AMP alpha 1	AMPKA1
	Lactate déshydrogénase B4	LDHB
	Phosphoénolpyruvate carboxykinase	PCK1
	Acide gras synthase	FASN
	Cathepsine D	CTSD
	Carritine palmitoltransférase 1A	CPT1A
	Citrate synthase	CS
	Lactate déshydrogénase A4	LDHA
	Lipase A et B sensibles aux hormones	LIPEAB
	Lipase triglycéride adipouse/lipoprotéine lipase	LPL
	Protéine de liaison du facteur de croissance analogue à l'insuline 1	IGFBP1
Osmorégulation	Facteur de croissance de l'endothélium vasculaire C	VEGFC
	Famille de transporteurs de solutés2, membre 1A	SLC2A1A
	Récepteur à la leptine	LEPR
	Hexokinase 1	HK1
Stress	Aldolase A, fructose-bisphosphate A	ALDOAA
	Phosphoglycérate kinase 1	PGK
	Sous-unité alpha 1B de l'ATPase sodium-potassium	ATP1B1
	Récepteur 2 des glucocorticoïdes	GR2
	Récepteur minéralocorticoïde	MR
	11 β -hydroxystéroïde déshydrogénase 2	HSD11B2
	Famille des serpins H1	SERPINH1
	Facteur de transcription du choc thermique 1	HSF1
	Protéine de choc thermique 70 kDa	HSP7C
	Protéine de choc thermique 4	HSPA4
	Protéine de choc thermique 90 constitutive	HSP90BA
	Protéine de liaison de l'ARN inductible au froid	CIRBPA
Rythme circadien	Métalloprotéinase matricielle 2 constitutive	MMP2
	Métalloprotéinase matricielle 9 inductible	MMP9
	Métallothionéine A	MTA
	Métallothionéine B	MTB
Fonction immune	Protéine de choc thermique 70A	HSP70A
	Horloge circadien régulateur A	CLOCK1A
	Cryptochrome 1A et 1B	CRY1AB
	Calmoduline	CAM
	Complexe majeur d'histocompatibilité de classe 1	MHC-1
	Transducteur de signal et activateur de la transcription 1	STAT1
	Interleukine 1 β	IL-1 β
	Interleukine 8	IL8

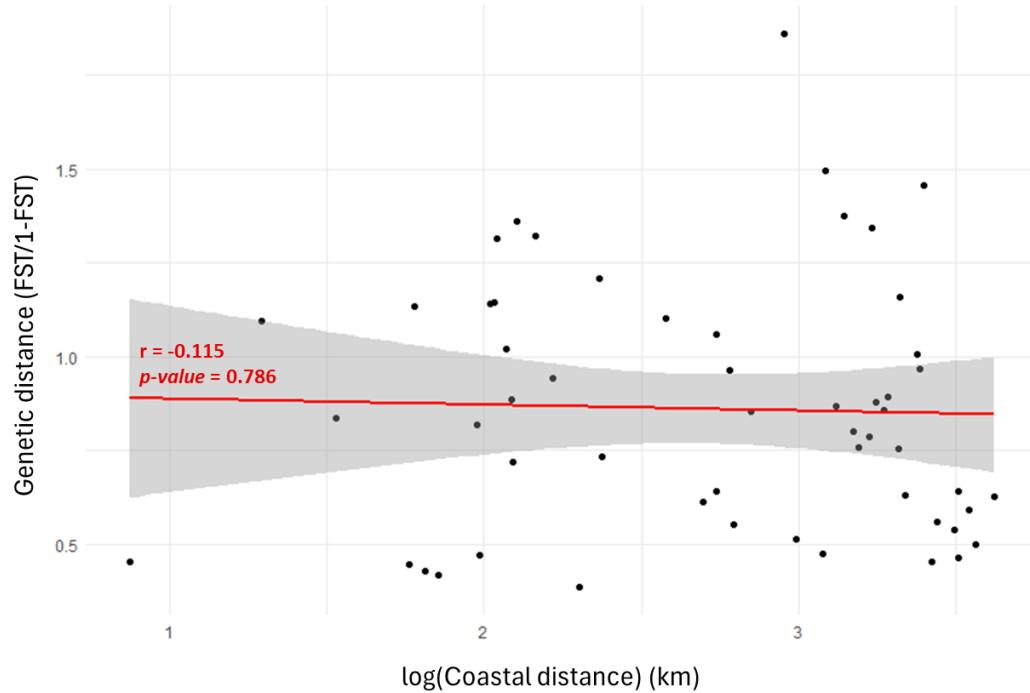
Annexe 6. Tests de déséquilibre de liaison pour chaque hydrosystème à l'aide du test du rapport des log-vraisemblances implémenté dans le programme GENEPOP v4.0. Seules les paires de *loci* ayant une *p-valeur* significative (< 0,05) sont indiquées.

Hydrosystème	Locus 1	Locus 2	p-valeur
<i>Mirande</i>	<i>B52</i>	<i>C113</i>	0,017
<i>Carcasse de l'ouest</i>	<i>C115</i>	<i>Sfo308</i>	0,009
<i>Carcasse de l'ouest</i>	<i>D75</i>	<i>C129</i>	0,015
<i>Bellevue</i>	<i>C115</i>	<i>C86</i>	0,034
<i>Bellevue</i>	<i>Sfo308</i>	<i>B52</i>	0,025
<i>Bellevue</i>	<i>C115</i>	<i>D91</i>	0,032
<i>Sylvain</i>	<i>Sfo308</i>	<i>C86</i>	0,017
<i>Sylvain</i>	<i>D75</i>	<i>D100</i>	0,042
<i>Sylvain</i>	<i>C86</i>	<i>D100</i>	0,001
<i>Sylvain</i>	<i>C115</i>	<i>D91</i>	0,036
<i>Cap au diable</i>	<i>C115</i>	<i>C38</i>	0,038
<i>Cap au diable</i>	<i>D75</i>	<i>C38</i>	0,029
<i>Thélot</i>	<i>C115</i>	<i>D100</i>	0,010
<i>Thélot</i>	<i>C86</i>	<i>D100</i>	0,018
<i>Savoyard</i>	<i>Sfo308</i>	<i>C86</i>	0,016
<i>Savoyard</i>	<i>C38</i>	<i>B52</i>	0,031
<i>Savoyard</i>	<i>B52</i>	<i>D91</i>	0,049
<i>Savoyard</i>	<i>D75</i>	<i>C129</i>	0,014
<i>Savoyard</i>	<i>D100</i>	<i>C113</i>	0,030
<i>Voiles Blanches</i>	<i>B52</i>	<i>D100</i>	0,051
<i>Anse à Ross</i>	<i>C115</i>	<i>C113</i>	0,020
<i>Debons</i>	<i>C115</i>	<i>D75</i>	0,045
<i>Debons</i>	<i>Sfo308</i>	<i>C38</i>	0,049
<i>Debons</i>	<i>D75</i>	<i>C86</i>	0,013
<i>Debons</i>	<i>C38</i>	<i>C86</i>	0,006
<i>Debons</i>	<i>C38</i>	<i>D91</i>	0,042
<i>Debons</i>	<i>C86</i>	<i>D91</i>	0,042
<i>Debons</i>	<i>C38</i>	<i>C129</i>	0,025
<i>Debons</i>	<i>C86</i>	<i>C129</i>	0,004
<i>Debons</i>	<i>B52</i>	<i>C129</i>	0,041
<i>Debons</i>	<i>D100</i>	<i>C129</i>	0,014
<i>Debons</i>	<i>C86</i>	<i>C113</i>	0,013
<i>Debons</i>	<i>C129</i>	<i>C113</i>	0,018

Annexe 7. Résultats de l'analyse de Delta K inter-hydrosystèmes. $K = 4$ correspond au niveau de structure génétique hiérarchique le plus vraisemblable à cette échelle spatiale.



Annexe 8. Distance génétique par paires ($F_{ST}/1 - F_{ST}$) en fonction des distances côtières logarithmiques entre les hydrosystèmes (km).



Annexe 9. Échantillons écartés de l'analyse transcriptomique en raison d'un manque d'expression des gènes de références. Le nombre d'individus (*N*) en fonction des îles et des hydrosystèmes, ainsi que les stations correspondantes sont indiquées entre parenthèses. Les échantillons de branchies (en haut) et de foies (en bas) sont séparés par une ligne continue.

Île (<i>N</i>)	Hydrosystème (<i>N</i>)	Station
	Carcasse de l'Ouest (<i>1</i>)	Médiane
Miquelon (<i>3</i>)	Mirande (<i>1</i>)	Aval
	Sylvain (<i>1</i>)	Aval
Langlade (<i>1</i>)	Debons (<i>1</i>)	Aval
Saint-Pierre (<i>2</i>)	Thélot (<i>1</i>)	Aval
	Cap au diable (<i>1</i>)	Médiane
Langlade (<i>1</i>)	Debons (<i>1</i>)	Aval
	Voiles Blanches (<i>1</i>)	Amont

Annexe 10. Moyennes des données physico-chimiques recueillies sur les sites d'échantillonnage en fonction de l'hydrosystème étudié. Les îles de Miquelon (en haut), Langlade (médiane) et Saint-Pierre (en bas) sont séparés par une ligne continue. Une description des paramètres relevés est donnée dans le **Tableau 8**.

Hydrosystème	pH	Température (°C)	%OD	USP	Conductivité (µS/cm)	SDT (ppm)
Bellevue	5,7	19,5	81	0,04	84	42
Sylvain	5,4	19,0	77	0,03	60	30
Mirande	7,1	15,9	96	0,12	249	125
Carcasse de l'Ouest	6,7	22,2	80	0,05	101	50
Anse à Ross	5,9	17,2	95	0,03	58	29
Voiles Blanches	5,7	17,0	95	0,03	57	29
Debons	6,6	18,7	85	0,07	90	45
Cap au diable	5,5	15,5	95	0,04	87	43
Thélot	5,6	18,2	86	0,03	70	35
Savoyard	6,3	19,4	94	0,06	103	52