



**apron**

## Plan en faveur de l'apron du Rhône

**Action 7: Etudes génétiques**

Rapport 2017

Université d'Aix-Marseille, nov.2018



# SUIVI DE L'OPERATION DE REINTRODUCTION DE L'APRON (*ZINGEL ASPER* (L.)) DANS LA RIVIERE DROME

2015-2018

Mars 2019

**Vincent DUBUT**  
UMR 7263 – IMBE  
Aix-Marseille Université, Université d'Avignon, CNRS, IRD  
Station Marine d'Endoume  
Chemin de la Batterie des Lions  
F-13007 Marseille

**Correspondance** : [vincent.dubut@imbe.fr](mailto:vincent.dubut@imbe.fr)

## **Remerciements**

L'auteur tient à remercier chaleureusement les nombreuses personnes qui ont participé aux prospections et aux captures de nuit et notamment l'ensemble des techniciens et ingénieurs de l'Agence Française pour la Biodiversité pour leur soutien logistique et leur appui technique lors des campagnes d'échantillonnage, spécialement Jean-Pierre Matron, Frédéric Maillot et Patrick Gélibert.

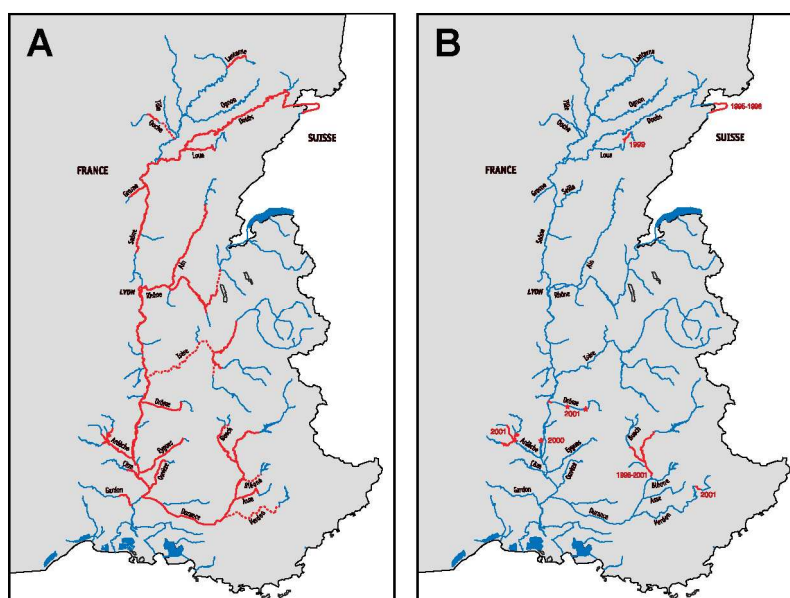
Je remercie aussi Mickaël Béjean (Muséum de Besançon) pour son aide et sa disponibilité lors des prélèvements de géniteurs à Besançon, mais aussi pour les précisions qu'il nous a apporté quant au déroulement des opérations de reproduction artificielles et de réintroduction dans la Drôme.

Rémi Grenier, Simon Barbary, Gauthier Monnet et Florent Marschal ont participé à l'acquisition des données génétiques.



## 1. Contexte de l'Etude

L'apron du Rhône (*Zingel asper* L.) est un poisson de la famille des Percidés endémique du bassin du Rhône. Cette espèce nécessite des fonds non colmatés pour la survie des œufs (qui sont ensevelis sous les graviers) et des zones calmes durant la phase planctonique des larves (50 jours). L'habitat préférentiel de cette espèce est caractérisé par des sections de rivière avec une pente de 3 à 10 ‰, une eau de qualité 1A, un débit allant de 7 à 130 m<sup>3</sup>.s<sup>-1</sup> pour une vitesse du courant allant de 0,02 à 0,79 m.s<sup>-1</sup>, et une température de ponte entre 6 et 14°C (Boutitie 1984 ; Changeux & Pont 1995 ; Labonne *et al.* 2003 ; Cavalli *et al.* 2003, 2009). Avant le début du XXe siècle, l'apron était présent sur l'ensemble du bassin du Rhône, incluant le cours principal du fleuve et la majorité de ses affluents (Boutitie 1984 ; Olivier *et al.* 2009). A partir de la seconde moitié du XXe siècle, l'apron va perdre presque 90% de son aire de répartition historique (Figure 1).



**Figure 1.** Aire de répartition de l'apron (A) vers 1900 et (B) vers 2000 (d'après : Boutitie 1984 ; Mari 2001).

Cette diminution drastique est liée à un impact toujours croissant des activités humaines sur le milieu : fragmentation de l'habitat, perturbation de l'hydrologie et de la géomorphologie naturelles des cours d'eau (en lien avec l'aménagement et l'exploitation de ces cours d'eau) et pollution (Mari *et al.* 2002). Cette espèce est aujourd'hui restreinte à quelques populations qui ne sont pas en connexion biologique (Georget *et al.* 2009), c'est-à-dire qui ne peuvent pas échanger de migrants. En France, seules quatre populations relativement importantes persistent dans le bassin du Rhône : (i) dans le sous-bassin de l'Ardèche, (ii) sur la Loue dans le sous-bassin du Doubs, (iii) dans la Durance et le Buëch, et (iv) dans les Grandes Gorges du Verdon. Une cinquième population est présente sur le cours du Doubs suisse.

La chute de ses effectifs et de la diminution drastique de son aire de répartition ont justifié que l'apron soit aujourd'hui :

- Protégé au niveau national,
- Classé « en danger critique d'extinction » sur la liste rouge des espèces menacées en France (en tête de liste, tous taxons confondus ; Savouré-Soubelet, 2015),
- Considéré comme « en danger d'extinction » dans le bassin Rhône-Méditerranée-Corse,
- Inscrit aux annexes II et IV de la Directive européenne « Habitats-Faune-Flore »,
- Inscrit à l'annexe II de la Convention de Berne,

- Considéré comme « gravement menacé d'extinction » au niveau mondial (IUCN 2013). Cette espèce a bénéficié de deux programmes LIFE (LIFE Apron I et LIFE Apron II) lesquels ont été pilotés par Réserve Naturelle de France (1998-2001) et le Conservatoire d'espaces naturels Rhône-Alpes (CEN RA ; 2004-2010).

Nous présentons ici les résultats du monitoring génétique des opérations de réintroductions initiée en 2006 (dans le cadre du LIFE Apron II et poursuivies dans le cadre du PNA) Ce travail a deux objectifs : i) assurer un suivi de plusieurs paramètres démogénétiques de l'apron (richesse allélique, effectif efficace, taux d'apparentement et de consanguinité moyen) en tant qu'indicateurs de succès de l'opération de réintroduction, et ii) mettre en évidence de la reproduction dans la Drôme suite aux opérations de réintroduction.

C'est d'abord dans le cadre du Plan National d'Action (PNA) en cours (2011-2016), coordonnée par la DREAL Rhône-Alpes et piloté par le CEN Rhône-Alpes, que ce travail a été réalisé. Il visait à répondre aux objectifs de la Fiche-Action N°7 « Etudes Génétique ». A la clôture du PNA, la CEN Rhône-Alpes a maintenu son action et son investissement afin que soit maintenu le suivi génétique de l'opération de réintroduction de l'apron dans la rivière Drôme

## **2. Bref historique des opérations de réintroduction sur la Drôme**

Dans le cadre du Life II Apron, une opération pilote de réintroduction de l'apron dans la Drôme a été conduite à partir de 2006. La première année de cette opération pilote, 30 adultes de souche Beaume et 10 adultes de souche Durance ont été introduits dans la rivière Drôme. De 2008 à 2012, ce sont principalement des juvéniles d'aprons de souche Beaume qui ont été réintroduits. Les opérations de réintroduction ont concerné principalement deux secteurs : un secteur situé sur la commune de Mirabel-et-Blacons et un secteur situé sur la commune de Sainte-Croix et Pontaix. En 2008, certains alevins ont aussi été réintroduits sur la Drôme au niveau de la confluence avec le Bès. Le maintien des aprons réintroduits a pu être mis en évidence par les suivis effectués par l'ONEMA avant et après chaque opération. A partir de 2013, des juvéniles de souches Durance ont pu être réintroduit au niveau de Sainte-Croix, alors que la réintroduction de juvéniles de souche Beaume s'est poursuivi sur le secteur de Mirabel-et-Blacons.

Deux groupes de géniteurs de souche Beaume dont les descendants ont été réintroduits sur la Drôme peuvent être distingués. Un premier groupe de géniteurs a été constitué à partir de 41 individus nés en captivité à la Réserve de la gare des Ramières, eux-mêmes issus de géniteurs originaires de la rivière Beaume. Par commodité, ce premier groupe de géniteur sera identifié comme de souche « Ramières » et les individus le constituant seront codés RAM. Une partie de leurs descendants nés en 2005 ont participé aux opérations de réintroduction en 2006, alors qu'une autre partie a été retenue pour constituer une nouvelle cohorte de géniteurs (codés RG5), dont les descendants ont été réintroduits dans la Drôme en 2008 et 2009.

Le second groupe de géniteurs de souche Beaume a été constitué à partir de 17 individus capturés en décembre 2007 dans la rivière Beaume (codés BSV). Une partie de la génération née en 2008 issue de ces géniteurs a été réintroduite sur la Drôme en 2008, une autre partie (50 individus issus de 10 pontes différentes) a été retenue pour constituer un nouveau groupe de géniteurs (codé C08). Les descendants du groupes C08 ont été réintroduits sur la Drôme à partir de 2010, et ce jusqu'en 2015. Ce sont les descendants directs de ce groupe C08 qui participeront une dernière fois à l'opération de réintroduction de juvéniles de souche Beaume en 2015 sur le secteur Mirabel-et-Blacons. Une autre partie des descendants directs des individus C08 ont été conservés au Muséum de Besançon dans un but d'exposition. Ces individus (codés C8D) se sont reproduits, et leur descendants directs ont été réintroduits dans la Drôme de 2012 à 2014.

Il faut préciser que le groupe de juvéniles réintroduits en 2008 (928 individus) est assez hétérogène. Il est à la fois composé de descendants directs des géniteurs BSV (~50%), de

descendants directs des géniteurs RG5 (~20%), mais aussi d'individus issus d'un stripping entre une femelle BSV et un mâle RG5 (~30%).

Un groupe de 18 géniteurs de souche Durance a été constitué en 2012, à l'occasion d'une pêche de sauvetage en lien avec la vidange de canaux usiniers EDF. En 2013, deux individus supplémentaires (issus du même contexte) ont été joints au groupe de 2012. Ce groupe de géniteurs est codé V4V5. La plus grande partie de leurs descendants directs ont été réintroduits dans la Drôme dans le secteur de Sainte-Croix au début des étés 2013 et 2014. Parallèlement, un groupe de 40 individus nés en 2013 (codés D13) et un groupe d'une quarantaine d'individus nés en 2014 (codés D14) ont été maintenus au Muséum de Besançon. Ce groupe d'individus D13+D14 sera ici considéré comme un échantillon représentatif des alevins de souche Durance réintroduits en 2013 et 2014. En 2014, les géniteurs V4V5 ont été relâchés dans la Drôme dans le secteur de Pontaix / Ste-Croix. Les individus D13+D14 ont à leur tour participé à la reproduction en captivité en 2015. Un échantillon de leur descendants a été échantillonné (codé D15), et sera considéré comme représentatifs des alevins de souche Durance réintroduits en 2015.

En 2015, 2016 et 2017, 30 géniteurs sauvages ont été capturés chaque année dans la Durance en amont du barrage de Sisteron et ont été transportés au Muséum de Besançon afin d'assurer la production d'alevins pour l'opération de réintroduction. Les alevins nés à Besançon ont été relâchés respectivement aux printemps 2016, 2017 et 2018. Les réintroductions de 2016 et 2017 ont été conduites sur 3 sites : aval du pont de Sainte-Croix, Espenel, et aval du Pont de Blacons. En 2018, les débits importants n'ont permis de relâcher les alevins qu'à l'aval pont de Sainte-Croix et à l'aval du Pont de Blacons.

### 3. Analyses Génétiques et Statistiques

L'extraction de l'ADN est réalisée à partir des fragments de nageoire caudale prélevés lors des campagnes d'échantillonnage (Cf. ci-dessous pour le détail par secteur géographique) et préservés dans l'éthanol 96%. L'extraction est réalisée grâce au kit Gentra® Puregene® Tissue Kit (QIAGEN).

Pour chaque individu, une séquence de l'ADN mitochondrial d'une longueur de 1201 paires de bases et contenant le gène du cytochrome *b* a été obtenue par séquençage Sanger. Afin de détecter le signal en lien avec les événements récents de fragmentation anthropique du milieu durancien, et de le dégager du signal lié à l'histoire évolutive de l'espèce, **54 marqueurs** microsatellites (Dubut *et al.* 2010) ont été analysés.

Le présent rapport focalisera sur les résultats issus de l'analyse des microsatellites (les résultats des analyses concernant l'ADN mitochondrial seront fournis dans un rapport ultérieur, dans le contexte du Bassin Rhodanien dans son ensemble).

Une **analyse bayésienne d'assignation** implémentée par le logiciel STRUCTURE (Falush *et al.* 2003, 2007) a été menée afin d'identifier la souche (Beaume ou Durance) des alevins capturés dans la Drôme.

#### 3.1. Echantillonnage

Des échantillons considérés ici comme représentatifs de la diversité génétique des deux populations sources ont été analysés dans le cadre de ce travail : 52 alevins capturés en 2002 (codés **02PLT**) et 29 alevins capturés en 2012 (codés **12PLT**) dans la Beaume au lieu-dit Les Platanes, ainsi que 41 individus capturés dans la Durance à l'aval du seuil de Salignac en 2014 (codés **SALN**).

En outre, au cours de prospections de suivi des opérations de réintroduction menées en 2011, 2012, 2013 et 2014, l'ONEMA a pu capturer **28 alevins** dans la rivière Drôme et prélever un fragment de nageoire en vue d'analyses génétiques.

Enfin, de 2015 à 2018, un effort important d'échantillonnage dans la Drôme a été conduit, en coordination avec le SD26 de l'Agence Française pour la Biodiversité. Quatre secteurs ont été prospectés : Pontaix / Ste-Croix (codé **PSX**), Saillans (codé **SAI**), l'aval du pont de

Blacons (codé **PBV**), l'amont du pont de Blacons (codé **PBM**), et, à partir de 2017, l'aval du seuil de Livron (codé **LIV**) (**Tableau 1**).

**Tableau 1.** Effectifs des aprons prélevés dans le cadre du suivi de l'opération de réintroduction entre 2015 et 2018.

	2015	2016	2017	2018
<b>PBV</b>	26	10	8	6
<b>PBM</b>	7	0	2	0
<b>SAI</b>	3	19	20	24
<b>PSX</b>	46	63	51	45
<b>LIV</b>	-	-	2	40

### 3.2. Reproduction en captivité et paramètres démographiques

Les paramètres démographiques estimés pour les échantillons d'aprons utilisés ou issus du programme de reproduction en captivité menée au Muséum de Besançon de 2008 à 2017 sont reportés dans la **Tableau 2**. Les valeurs pour l'échantillon BSV sont données à titre indicatif, la taille réduite de l'échantillon ( $n = 12$ ) ne permettant pas d'obtenir des estimations fiables.

**Tableau 2.** Paramètres démographiques des aprons.

	Echantillon	Effectif (N)	$A_{r29}$	$N_{eRM}$ [IC 95%]	R	F
Souche Beaume	02PLT	52	3,24	71 [48 ; 108]	0,053	0,038
	12PLT	29	3,26	49 [29 ; 84]	0,070	0,041
	BSV	12	n.d.	38 [17 ; 234]	0,086	0,042
	C08	41	2,69	6 [3 ; 21]	0,286	0,034
	C8D	88	2,71	34 [22 ; 56]	0,257	0,083
	RAM	29	2,48	7 [4 ; 21]	0,295	0,068
Souche Durance	SALN	40	4,06	87 [56 ; 141]	0,036	0,026
	V4V5	30	4,11	79 [49 ; 140]	0,038	0,058
	D13+D14	75	3,33	11 [5 ; 26]	0,193	0,046
	D15	49	3,24	24 [14 ; 42]	0,198	0,110
Drôme	15DRO	81	3,60	14 [8 ; 30]	0,162	0,112
	15PBL	33	3,00	24 [14 ; 44]	0,279	0,111
	15PSX	46	3,25	6 [3 ; 21]	0,220	0,065
	16DRO	92	3,62	17 [9 ; 33]	0,142	0,112
	16PSX	63	3,20	26 [16 ; 52]	0,189	0,111
	16SAI	19	3,25	22 [13 ; 28]	0,222	0,065
	17DRO	83	3,75	21 [15 ; 38]	0,161	0,112
	17SAI	20	3,50	24 [14 ; 44]	0,181	0,111
	17PSX	51	3,80	32 [18 ; 48]	0,152	0,065

n.d. : paramètre non estimé



Les résultats obtenus pour les aprons nés en captivité avec les estimations obtenues pour les aprons capturés dans la Drôme en 2015, 2016 et 2017 sont reportés dans le Tableau 2. On observe que globalement la richesse allélique dans la Drôme est similaire à celle observée dans les populations sauvages de la Beaume, avec une tendance à l'augmentation entre 2015 et 2017. Les aprons capturés dans la Drôme rassemblent en effet des individus de géniteurs de souche Beaume, mais aussi des individus issus de géniteurs de souche Durance. Ce résultat montre l'intérêt d'avoir un nombre de reproducteurs effectifs important afin de limiter l'érosion de la diversité génétique. Le  $N_e$  des aprons de la Drôme reste faible, mais montre aussi une tendance à l'augmentation entre 2015 et 2017 (Tableau 2).

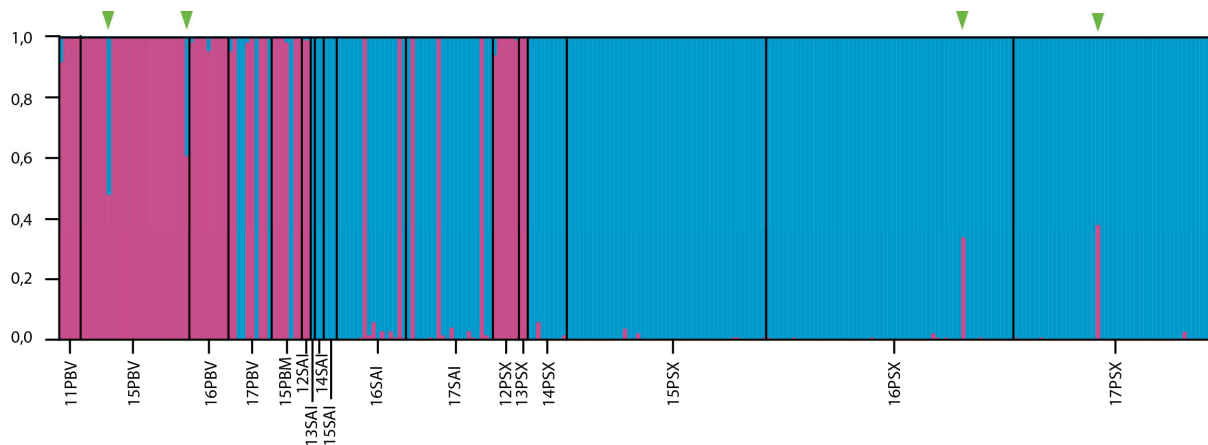
**La perte de diversité génétique, la réduction importante de l'effectif efficace et un taux de consanguinité élevé au sein des populations d'aprons réintroduites est inévitablement dues au nombre limité de géniteurs participant de façon effective à la reproduction en milieu contrôlé.** Pour éviter ces phénomènes pouvant nuire à la viabilité de la population réintroduite, **le renouvellement régulier des reproducteurs mis en place dès 2015 avec la capture de 30 aprons sauvage dans la Durance semble avoir joué le rôle attendu, et a permis** d'augmenter le potentiel adaptatif de la population d'aprons réintroduits dans la rivière Drôme

### 3.3. Mise en évidence de reproduction dans la Drôme

Le succès d'une opération de réintroduction est lié à la viabilité de la population réintroduite. Un indice de viabilité est la mise en évidence d'individus nés sur le site de réintroduction. Deux approches ont été mise en œuvre pour détecter de la reproduction. La première met à profit le fait que deux souches (Beaume et Durance) ont été utilisées pour l'opération de réintroduction sur la Drôme. Ces souches étant différenciées génétiquement, des tests d'assignation pourront détecter des hybrides entre les deux souches.

Les analyses préliminaires (Dubut et al. 2013) avaient suggéré qu'un des deux individus capturés à Saillans en 2012 (code 12SAI02) présentait  $\sim 1/8^e$  de son génome similaire identique à celui des aprons natifs de la Drôme capturés en 1996 et 1997. Néanmoins, des analyses de parentés (Barbary 2015) ont pu montrer que ce résultat n'était pas fondé. En effet, comme pour l'ensemble des individus capturés dans la Drôme entre 2011 et 2014, au moins un de ses deux parents a pu être identifié comme faisant partie des géniteurs du Muséum de Besançon. L'individu 12SAI02, comme tous les individus capturés dans la Drôme avant 2015, était né à Besançon.

Les analyses d'assignation ont été conduites sur l'ensemble des individus capturés sur la Drôme entre 2011 et 2016 (**Figure 1**). Ces nouvelles analyses montrent la nature artéfactuelle du résultat obtenu en 2013 pour l'individu 12SAI02 (cet individu est entièrement de souche Beaume). En revanche, au sein des individus capturés en 2015 à l'aval du Pont de Blacons (15PBV), et parmi ceux capturés en 2016 sur les secteurs de Pontaix/Sainte-Croix (16PSX) trois individus (15PBV08, 15PBV26 et 16PSX51) présentent la moitié de leur génome qui est d'origine Beaume, l'autre moitié d'origine Durance (**Figure 1**).



**Figure 1.** Barplot issu des analyses d'assignation.

En rose, le cluster Beaume, en bleu le cluster Durance. Chaque individu est représenté par une barre verticale, chaque barre synthétisant le taux d'assignation à chacun des clusters. Les codes stations sont indiqués en bas du graphique, les deux premiers chiffres correspondant à l'année de capture dans la Drôme.

Au-delà de la détection de ces trois individus hybrides, on observe plusieurs éléments en lien avec la dynamique de la population réintroduite. Dès 2013, la souche Durance est détectée à Saillans et à partir de 2015, elle est détectée à Blacons : un individu de souche Durance à l'amont du pont (15PBM31) et les deux hybrides décrits plus haut à l'aval du pont. La souche Durance ayant été réintroduite seulement à partir de 2013 à plusieurs kilomètres en amont (Sainte-Croix), ces détections d'aprons de souche Durance à Saillans dès 2013 et à Blacons à partir de 2015 **soulignent la capacité de dispersion des aprons, au moins à la dévalaison dans notre cas, et son importance dans la colonisation de la rivière** (voir aussi Danancher *et al.* 2008).

Ensuite si on considère le secteur de Sainte-Croix, on assiste dès 2014 à un remplacement de la souche Beaume (réintroduite sur ce site de 2008 à 2010) par la souche Durance (réintroduite sur le site à partir de 2013). **Cette observation suggère que 1) la survie des aprons se prolonge difficilement au-delà de 3 ans sur ce secteur et 2) qu'il n'y a pas eu de reproduction notable qui aurait permis de pérenniser la souche Beaume dans le secteur de Sainte-Croix.** Néanmoins, en 2016 et 2017, un hybride a été sur le secteur de Pontaix / Sainte-Croix. Ce nouvel élément permet d'être plus optimiste sur la survie de la souche Beaume dans le secteur, au moins à travers l'hybridation avec la souche Durance. Dans le secteur du pont de Blacons, les deux souches sont retrouvées, et c'est sur ce secteur que les **analyses de parenté** conduites sur les individus capturés en 2015 ont permis de détecter 7 individus nés sur la rivière Drôme (individus en rouge dans la **Tableau 3**). En effet, pour 6 individus (PBV01-08-22-23-24-26), aucun parent n'a pu être identifié parmi les géniteurs connus du Muséum de Besançon, et pour un individu (15PBM30), un de ses parents avait été capturé à Saillans en 2011. **Le secteur aval (entre Saillans et Blacons) présenterait des conditions écologiques plus favorables à l'aprons (comparativement au secteur de Pontaix / Sainte-Croix), permettant notamment à l'aprons de se reproduire, 20% (7/33) des individus capturés au niveau du pont de Blacons étant nés dans la Drôme.**

Enfin, des analyse scalimétriques complémentaires ont permis de déterminer l'âge des individus de souche Beaume capturés à l'amont du Pont de Blacons en 2015 (15PBV27-28-29-32-33). Il s'agit de deux 1+, de deux 2+ et d'un 3+. Ces aprons de souche Beaume sont nés en captivité (Cf. **Figure 1** et **Tableau 3**).

Dans la mesure où aucun apron de souche Beaume n'a été relâché à l'amont du seuil depuis 2010, **les analyses mettent en évidence que l'apron est capable de franchir le seuil du pont de Blacons à la montaison.**

**En 2016 et 2017, des individus de souche Beaume ont été détectés sur le secteur de Saillans (Figure 1).** Cette souche n'ayant pas été réintroduite sur le secteur ou à son amont

(Sainte-Croix) depuis 2010, cet élément éclaire la capacité de dispersion aval-amont de l'apron et son rôle dans la dispersion des individus réintroduits.

Tableau 3. Résultats des analyses de parenté conduite sur les aprons capturés dans la Drôme en 2015

Individu	T <sub>F</sub> (mm)	Parent 1	Parent 2	Souche
15SAI01	136	V406	V418	Durance
15SAI02	102	V406	V418	Durance
15SAI03	101	V417	V418	Durance
15PBM27	131	C0803	n.d.	Beaume
15PBM28	142	C0801	C0817	Beaume
15PBM29	122	C8D04	C8D10	Beaume
15PBM30	130	DRO2011	n.d.	Beaume
15PBM31	131	V407	V418	Durance
15PBM32	103	C8D62	C8D64	Beaume
15PBM33	107	C0803	C0805	Beaume
15PBV01	130	n.d.	n.d.	Beaume
15PBV02	126	C0803	n.d.	Beaume
15PBV03	125	C8D33	n.d.	Beaume
15PBV05	104	C8D32	n.d.	Beaume
15PBV06	111	C8D33	n.d.	Beaume
15PBV07	116	C8D56	C8D64	Beaume
15PBV08	102	n.d.	n.d.	Hybride
15PBV09	111	C8D33	n.d.	Beaume
15PBV10	121	C8D33	n.d.	Beaume
15PBV11	114	C0801	C0813	Beaume
15PBV12	111	C0803	C0805	Beaume
15PBV13	101	C0805	n.d.	Beaume
15PBV14	116	C8D11	C8D12	Beaume
15PBV15	113	C8D35	n.d.	Beaume
15PBV16	107	C0801	C0808	Beaume
15PBV17	105	C8D11	C8D64	Beaume
15PBV18	110	C0801	C0817	Beaume
15PBV19	109	C8D04	C8D10	Beaume
15PBV20	103	C0805	C0808	Beaume
15PBV21	122	C0803	C0805	Beaume
15PBV22	113	n.d.	n.d.	Beaume
15PBV23	116	n.d.	n.d.	Beaume
15PBV24	116	n.d.	n.d.	Beaume
15PBV25	105	C8D33	n.d.	Beaume
15PBV26	103	n.d.	n.d.	Hybride
15PSX01	83	V406	V418	Durance
15PSX02	83	V419	V425	Durance
15PSX03	71	V406	V419	Durance
15PSX04	87	V418	V425	Durance
15PSX05	118	V407	V419	Durance
15PSX06	86	V418	V420	Durance

n.d. : parent non identifié par la reconstruction de parenté

**Tableau 3 (suite).** Résultats des analyses de parenté conduite sur les aprons capturés dans la Drôme en 2015

<b>Individu</b>	<b>T<sub>F</sub> (mm)</b>	<b>Parent 1</b>	<b>Parent 2</b>	<b>Souche</b>
15PSX07	75	V406	V418	<b>Durance</b>
15PSX08	80	V418	V425	<b>Durance</b>
15PSX09	68	V419	V426	<b>Durance</b>
15PSX10	82	V418	V420	<b>Durance</b>
15PSX11	86	V418	V420	<b>Durance</b>
15PSX12	88	V418	V425	<b>Durance</b>
15PSX13	78	V407	V419	<b>Durance</b>
15PSX14	83	V409	V418	<b>Durance</b>
15PSX15	80	V419	V425	<b>Durance</b>
15PSX16	123	V418	V420	<b>Durance</b>
15PSX17	83	V409	V418	<b>Durance</b>
15PSX18	125	V419	V425	<b>Durance</b>
15PSX19	82	V419	V420	<b>Durance</b>
15PSX21	84	V418	V425	<b>Durance</b>
15PSX22	85	V407	V418	<b>Durance</b>
15PSX23	88	V418	V420	<b>Durance</b>
15PSX24	82	V409	V419	<b>Durance</b>
15PSX25	88	V419	V425	<b>Durance</b>
15PSX26	81	V418	V420	<b>Durance</b>
15PSX27	84	V418	V425	<b>Durance</b>
15PSX28	82	V406	V419	<b>Durance</b>
15PSX29	86	V407	V418	<b>Durance</b>
15PSX30	84	V406	V419	<b>Durance</b>
15PSX31	70	V417	V418	<b>Durance</b>
15PSX32	74	V406	V418	<b>Durance</b>
15PSX33	76	V406	V418	<b>Durance</b>
15PSX34	130	V419	V420	<b>Durance</b>
15PSX35	125	V406	V418	<b>Durance</b>
15PSX36	127	V414	V418	<b>Durance</b>
15PSX37	127	V416	V418	<b>Durance</b>
15PSX38	134	V419	V420	<b>Durance</b>
15PSX39	118	V419	V420	<b>Durance</b>
15PSX40	132	V414	V418	<b>Durance</b>
15PSX41	118	V414	V418	<b>Durance</b>
15PSX42	116	V416	V418	<b>Durance</b>
15PSX44	134	V416	V418	<b>Durance</b>
15PSX45	129	V419	V425	<b>Durance</b>
15PSX46	120	V416	V418	<b>Durance</b>
15PSX47	130	V419	V425	<b>Durance</b>
15PSX48	135	V416	V418	<b>Durance</b>

n.d. : parent non identifié par la reconstruction de parenté

#### **4. Conclusions et perspectives**

Ce travail a permis de mettre en évidence l'impact des pratiques d'élevage en captivité menée de 2008 à 2015 sur les paramètres démogénétiques des aprons. Il souligne encore une fois l'importance de **renouveler régulièrement les géniteurs pour éviter une diminution trop importante du potentiel adaptatif** des aprons réintroduits. Il montre aussi que **l'utilisation d'apron nés en captivité pour produire des alevins augmente la consanguinité**, potentialisant son impact négatif sur la viabilité des populations réintroduites. De 2015 à 2017, 30 géniteurs sauvages ont été prélevés chaque dans la Durance (5 stations différentes) afin de renouveler les géniteurs des alevins relâchés sur la Drôme de 2016 à 2018.

Un des résultats forts de ce travail est très encourageant pour la suite de l'opération de réintroduction de l'apron dans la rivière Drôme : pour la première fois, il a pu être **mis en évidence plusieurs individus nés dans la Drôme**, issus des aprons réintroduits. Ce travail a permis en outre de mettre en évidence le rôle de la **dévalaison**, mais aussi de la **montaison dans la dispersion** des aprons sur le linéaire de réintroduction.

L'opération de réintroduction dans la rivière Drôme s'est poursuivie jusqu'en 2018. Le monitoring génétique de l'opération est programmé jusqu'en 2020. Ce monitoring permettra de suivre en détail l'évolution de deux types d'indicateurs clefs pour la viabilité à termes de la population réintroduite : les paramètres démogénétiques et la reproduction dans la rivière. Un échantillonnage poussé du secteur de réintroduction associé aux analyses de parenté permettra en effet de suivre l'évolution de la reproduction dans la Drôme. Concernant les paramètres démogénétiques une baisse des coefficients d'apparentement et de consanguinité est notamment attendue grâce à l'introduction de nouveaux géniteurs de souche Durance dans le programme de reproduction en captivité (30 nouveaux géniteurs par an sur la période 2016-2018).

## V. BIBLIOGRAPHIE

- Barbary (2015) *Analyses de parenté et évaluation d'un programme de réintroduction d'une espèce en danger d'extinction : l'apron du Rhône (Zingel asper L. 1758)*. Mémoire de Master 2 Ecologie Evolution Biométrie, Université Lyon I, 47 pp.
- Boutitie F (1984) *L'apron Zingel asper L. (Percidae), poisson rare menacé de disparition (biologie, répartition, habitat)*. Rapport de DEA Écologie des Eaux Continentales, Université Lyon I, 27 pp.
- Danancher D, Izquierdo JI, García-Vásquez E (2008) Microsatellite analysis of relatedness structure in young of the year of the endangered *Zingel asper* (Percidae) and implications for conservation. *Freshwater Biology*, 53:546-557.
- Dubut V, Grenier R, Megléczy E, Chappaz R, Costedoat C, Danancher D, Descloux S, Malausa T, Martin JF, Pech N, Gilles A (2010) Development of 55 novel polymorphic microsatellite loci for the critically endangered *Zingel asper* L. (Actinopterygii: Perciformes: Percidae) and cross-species amplification in five other percids. *European Journal of Wildlife Research*, 56: 931-938.
- Dubut V, Gilles A, Chappaz R (2013) *PNA apron du Rhône – Action 7 : Etudes génétiques. Rapport 2013-2014*. 17 p.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164: 1567-1587.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2007) Inference of population structure using multilocus genotype data: Dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes* 7: 574-578.
- Georget M, Roche P, Langon M (2009) *Bilan de l'état des populations d'apron du Rhône*. Rapport du Life apron II, CREN, ONEMA, 55 p.
- Jones OR, Wang J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551-555.
- Laroche J, Durand JD (2004). Genetic structure of fragmented populations of a threatened endemic percid of the Rhone river: *Zingel asper*. *Heredity* 92: 329-334.
- Mari S, Labonne J, Gaudin P (2002) A conservation strategy for *Zingel asper*, a threatened endemic percid of the Rhône basin. In: Collares-Pereira MJ, Cowx IG, Coelho MM (eds) *Conservation of freshwater fishes: Options for the future*. Fishing News Books, Oxford, pp 149-156
- Olivier JM, Carrel G, Lamouroux N, Dole-Olivier MJ, Malard F, Bravard JP, Amoros C (2009) The Rhône River Basin. In: Tockner K, Uehlinger U, Robinson CT (eds) *Rivers of Europe*. Academic Press, Amsterdam, pp. 247-295
- Szpiech ZA, Jakobsson M, Rosenberg NA (2008) ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics* 24: 2498-2504.
- Vilas A, Pérez-Figueroa A, Quesada H, Caballero A (2015) Allelic diversity for neutral markers retains a higher adaptive potential for quantitative traits than expected heterozygosity. *Molecular Ecology* 24: 4419-4432.
- Waples RS, Do CHI (2008) LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources* 8: 753-756.
- Wang J (2007) Triadic IBD coefficients and applications to estimating pairwise relatedness. *Genetical Research* 89, 135-153.
- Wang J (2011) COANCESTRY: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11: 141-145.
- Wang J, Santure A (2009) Parentage and sibship inference from multilocus genotype data under polygamy. *Genetics* 181: 1579-1594.





Etude s'inscrivant dans le cadre du plan Apron, animé par le



Et coordonné par la DREAL Rhône-Alpes



Direction régionale de l'environnement  
RHÔNE-ALPES

Partenaires financiers de cette étude:

