



apron

Plan national d'actions en faveur de l'apron du Rhône 2012-2016

Action 7: Etudes génétiques

Université d'Aix-Marseille, nov.2013





PNA apron du Rhône – Action 7 : Etudes génétiques

RAPPORT 2012-2013

Octobre 2013

Vincent DUBUT, André GILLES, Rémi CHAPPAZ
UMR 7263 – IMBE
Equipe Evolution Génome Environnement
Aix-Marseille Université, CNRS, IRD
Centre Saint-Charles, Case 36
3 place Victor Hugo
F-13331 Marseille Cedex 3

Correspondence : v.dubut@gmail.com



Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier chaleureusement les nombreuses personnes qui ont participé aux prospections et aux captures de nuit et notamment l'ensemble des techniciens et ingénieurs ONEMA pour leur soutien logistique et leur appui technique lors des campagnes d'échantillonnage. Nous remercions spécialement François Huger , Patrick Gindre pour les campagnes menées sur la Loue, Pascal Roche pour l'échantillonnage sur la Drôme, et (à nouveau) Pascal Roche et Laurent Mendras pour les campagnes menées sur l'Ardèche et la Beaume.

I. CONTEXTE de l'ETUDE

L'apron du Rhône (*Zingel asper* L.) est un poisson de la famille des Percidés endémique du bassin du Rhône. 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 du début du XXe siècle, l'apron va perdre plus de 80% de son aire de répartition initiale. Cette diminution drastique est liée à un impact toujours croissant des activités humaines sur le milieu : fragmentation de l'habitat, perturbation de l'hydraulique 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 » sur la liste rouge des espèces menacées en France
- 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 le Conservatoire d'espaces naturels Rhône-Alpes (CEN RA). Le dernier de ces programmes s'est achevé le 31 mars 2010.

C'est dans le cadre du Plan National d'Action en cours, piloté par la DREAL Rhône-Alpes et coordonnée par le CEN Rhône-Alpes, que notre travail s'insère. Il vise à répondre aux objectifs de la Fiche-Action N°7 « Etudes Génétique » concernant l'impact du cloisonnement sur la structure et la diversité génétique des populations d'apron.

Le présent rapport présente les résultats obtenus au cours des années 2012 et 2013. La première partie de ce rapport est consacrée à la structure et la diversité génétiques dans le Bassin de l’Ardèche ainsi qu’à l’impact de la fragmentation sur ces deux paramètres. La seconde partie de ce rapport présente un état des lieux de l’échantillonnage effectué sur la rivière Loue en 2012 et 2013 ainsi des résultats préliminaires en lien avec la problématique du seuil du moulin de Bellerive. Les travaux menés sur le Bassin de l’Ardèche et la rivière Loue visent à évaluer le potentiel adaptatif des populations d’aprons du secteur, la connectivité entre les différents secteurs où l’apron est présent et à identifier les secteurs qui présentent les plus grands risques démogénétiques. Les résultats attendus ont pour objectif d’aider à formuler des propositions d’actions en vue de la conservation de cette espèce sur ces secteurs.

La dernière partie du rapport présente les premiers résultats obtenus concernant le suivi des opérations de réintroductions menées depuis 2006 (dans le cadre du LIFE Apron II et poursuivies dans le cadre du PNA).

II. METHODE : 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. En outre, afin de détecter le signal en lien avec les événements récents de fragmentation anthropique du milieu durancien, et de la dégager du signal lié à l'histoire évolutive de l'espèce, **57 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).

La différenciation entre populations à l'échelle du bassin de l'Ardèche a été testée au niveau des microsatellites à travers une **analyse bayésienne d'assignation** implémentée par le logiciel STRUCTURE (Falush *et al.* 2003, 2007). Cette analyse permet dans le même temps de détecter des migrants de première, deuxième et troisième générations sans ambiguïté lorsque les populations qui échangent des migrants sont bien différenciées.

Deux indices de diversité ont ensuite été estimés grâce au logiciel ADZE (Szpiech *et al.* 2008) qui prend en compte les différences de taille entre échantillons populationnels : la **richesse allélique (Ar)** et la **richesse en allèles privés (Ap)** (Petit *et al.* 1998 ; Kalinowski 2004).

III. DIVERSITE et STRUCTURE GENETIQUE de l'APRON

dans le BASSIN de l'ARDECHE : Résultats Préliminaires

III.1. Echantillonnage

En 2012 a débuté un échantillonnage ayant pour objectif de prendre en compte l'ensemble des secteurs où l'apron est recensé dans le Bassin de l'Ardèche. Sur la période de juillet à septembre 2012, **175 individus** ont été capturés et prélevés en vue des analyses génétiques. Les captures ont été effectuées à l'occasion de prospections nocturnes de recensement effectuées par l'ONEMA. Les aprons sont d'abord repérés à la lampe (leurs yeux

réfléchissent la lumière), puis capturés à l'aide d'épuisettes ou à l'aide d'un appareil de pêche électrique de type DEKA.

Les effectifs des aprons échantillonnés en 2012 sont répartis en plusieurs échantillons populationnels correspondant aux tronçons de dévalant du bassin ardéchois dans lesquels l'apron est présent. **Neuf tronçons et sous-tronçons de rivière** (A1a, A1b, A20, A30, A60, A7a et A7b sur l'Ardèche, B10 et B20 sur la Beaume) (Fig. 1) ont ainsi été prospectés et huit ont pu être échantillonnés (la prospection en A60 n'a pas permis de mettre en évidence des aprons). Le rapport intermédiaire de février 2013 (Dubut *et al.* 2013) recueille les détails concernant les zones prospectées ainsi que les classes de taille des aprons capturés. Un échantillon complémentaire (A1c), prélevé par Pascal Roche (ONEMA) en 2011 au niveau de Pradons (amont du seuil de Ruoms), a été ajouté pour les analyses.

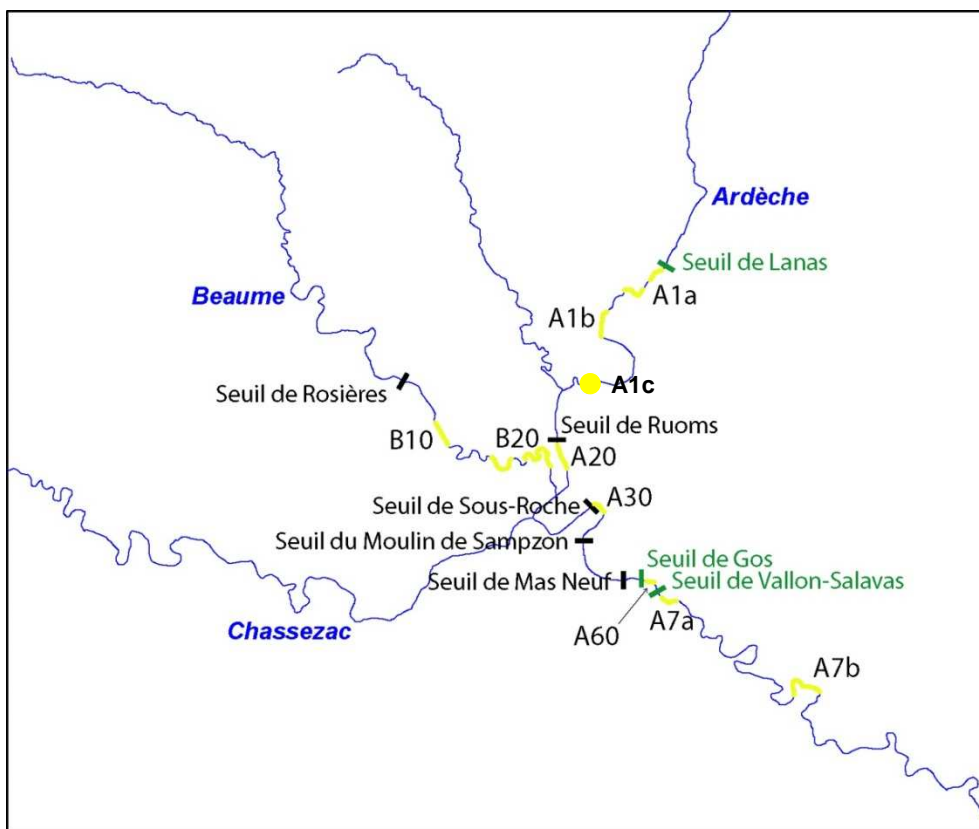
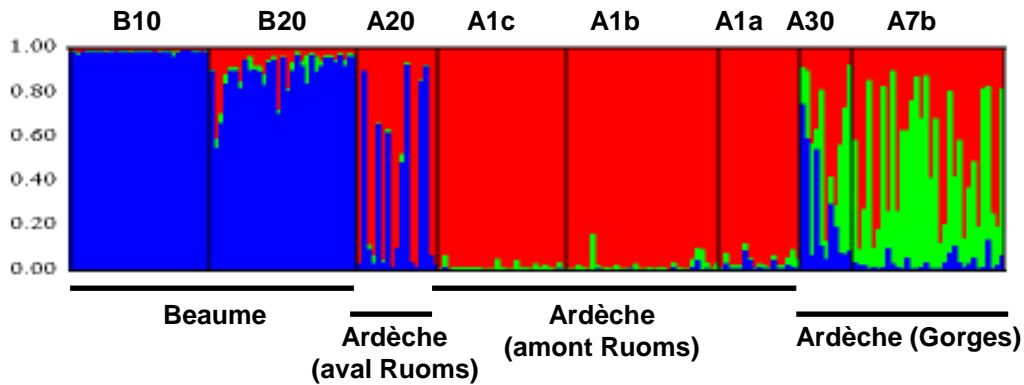


Figure 1. Localisation des zones prospectées en 2012 (en jaune)

III.2. Résultats

La différenciation observée entre les différents secteurs échantillonnés est assez nette. Les analyses d'assignation ont permis de mettre en évidence trois clusters distincts (Fig. 2). Le cluster I (en bleu, Fig. 2) regroupe l'ensemble des individus collectés sur la rivière Beaume, ainsi que certains des individus collectés directement à l'aval du seuil de Ruoms. Le cluster II

(en rouge, Fig. 2) regroupe l'ensemble des individus collectés en amont du seuil de Ruoms et participe à la caractérisation des secteurs de la rivière Ardèche situés en aval du seuil de Ruoms, jusque dans les Gorges de l'Ardèche. Le cluster III (en vert, Fig. 2) est moins différencié que les clusters I et II mais il est retrouvé uniquement dans les secteurs échantillonnés à l'aval du seuil de Sous-Roche. Le cluster III est associé dans ces secteurs



soit aux clusters I et II (à l'aval direct du seuil de Sous-Roche), soit en association avec le cluster II.

Figure 2. Barplot issu des analyses d'assignation.

Les analyses d'assignation permettent d'identifier des individus migrants. Notamment, à l'aval du seuil de Ruoms, la plupart des individus appartiennent soit au cluster I, et sont vraisemblablement issus de la Beaume, soit au cluster II, et sont vraisemblablement issus de l'amont du seuil de Ruoms. L'**aval du seuil de Ruoms** apparaît ainsi comme une **population puits** ayant pour sources les populations de la Beaume et les populations de l'Ardèche localisées à l'amont du seuil de Ruoms. Il faut noter aussi dans ce secteur trois individus « hybrides » caractérisés par 50% du cluster I et 50% du cluster II (Fig. 2).

La Beaume apparaît aussi comme une population source fournissant des migrants pour le secteur A30 (aval du seuil de Sous-Roche). Globalement, les analyses menées indiquent que la plupart des flux se font dans le sens amont-aval, et que la montaison est soit très limitée (ex : seuls 2 individus sur la Beaume présentent ~25% du génome du cluster II caractéristique de l'Ardèche), soit inexistante. Ce dernier cas est observé au niveau des seuils de Ruoms et de Sous-Roche qui sont des barrières infranchissables à la montaison. Ces ouvrages empêchent en effet la diffusion du cluster I à l'amont du seuil de Ruoms, et du cluster III à l'amont du seuil de Sous-Roche. Ces flux quasi unidirectionnels (dans le sens amont-aval) ont vraisemblablement permis la différenciation très nette des clusters I et II, respectivement sur la Beaume et sur l'Ardèche en amont du seuil de Ruoms.

L'analyse des richesses alléliques et en allèles privés ont été menées pour les stations comprenant au moins 15 individus échantillonnés. Pour des effectifs inférieurs à 15 individus, la significativité des indices de diversité est très limitée. Dans les cas où plusieurs stations ont été échantillonnées pour un même tronçon de rivière (A1a, A1b et A1c pour l'Ardèche en amont du seuil de Ruoms ou B10 et B20 pour la Beume), à l'instar des analyse d'assignation, les analyses de diversité génétique n'ont pas permis de mettre en évidence de différences intra-tronçon significatives. Les résultats pour Ar et Ap sont donc présentés par tronçon (Tableau 1).

	Beume	Ardèche Aval Ruoms	Ardèche Amont Ruoms	Ardèche Gorges
Ar	3,26	3,27	3,02	3,31
Ap	0,18	0,08	0,07	0,14

Tableau 1. Indices de diversité génétique par tronçon de rivière (Bassin de l'Ardèche).

La richesse allélique (Ar) semble assez homogène entre les différents secteurs du bassin de l'Ardèche avec des valeurs proches de 3,3. Seules les populations à l'amont du seuil de Ruoms présentent une diversité alléliques inférieure (3,02). Ces populations présentent aussi une richesse en allèles privés (Ap) plus faible que les populations de la Beume ou des Gorges de l'Ardèche. Ceci complète les conclusions issues des analyses d'assignation concernant l'infranchissabilité du seuil de Ruoms à la montaison. Cet ouvrage ne permet plus aux populations situées en amont de faire appel à la migration comme source de variation génétique. Les patrons de structure et de diversité génétiques suggèrent que ce manque de flux a induit un phénomène de dérive génétique, lui-même à l'origine de la différenciation de ce secteur et de l'érosion de sa diversité génétique.

En outre, dans le secteur Ardèche à l'aval immédiat du seuil de Ruoms (A20) une faible valeur d'Ap est observée associée à une valeur d'Ar forte. C'est ce qui est attendu d'une population puis. Les allèles qui lui sont spécifiques (privés) sont très peu nombreux puisqu'elle reçoit ses allèles d'autres populations. En revanche, comme elle bénéficie d'apports importants des populations sources, une population puis peu maintenir une forte diversité génétique.

III.3. Conclusions préliminaires

La différenciation génétique entre la Beume et l'Ardèche est très importante. Elle est notamment liée à l'impact des seuils de Ruoms et de Sous-Roche (infranchissables à la

montaison) et au fonctionnement des flux entre secteurs qui fait appel largement à la dévalaison, mais qui limite les flux à la montaison (notamment Ardèche vers Beaume).

En conséquence, à ce stade de l'étude un secteur apparaît comme plus fragilisé : le secteur en amont du seuil de Ruoms.

III.4. Perspectives

Afin de répondre aux objectifs de ce travail, un échantillonnage complémentaire a été mené par l'ONEMA en 2013, il comprend 14 individus prélevés en A20 et 9 individus prélevés en A7a. En 2014, des compléments sont à prévoir les tronçons **A1a (~15 individus)**, **A30 (~20 individus)**, **A7a (~20 individus)** et **A60 (30 individus)**.

Ces individus supplémentaires seront poolés à ceux prélevés en 2012, contribuant ainsi à augmenter les effectifs par tronçon et à déterminer avec plus de précision l'impact du cloisonnement sur la diversité et la connectivité des populations d'aprons dans le bassin de l'Ardèche.

IV. DIVERSITE et STRUCTURE GENETIQUE de l'APRON

dans la RIVIERE LOUE: Etat d'avancement

IV.1. Echantillonnage

Sur la Loue, la présence de l'apron est avéré ou supposée sur treize tronçons de rivière (notés L) (délimités chacun par des seuils ou des barrages) (ex : Richard 2007). Néanmoins les faibles densités des populations des tronçons en amont (L01, L02 et L03) et en aval (L11, L12 et L13) ne permettent pas d'envisager un échantillonnage suffisant permettant de répondre aux objectifs de l'étude. Dans le cadre des études génétiques, **sept tronçons ont donc été retenus : L04 à L10** (Fig. 3). Deux campagnes de prospections ont été menées à ce jour. La première campagne a été menée en 2012 à l'aval du seuil de Bellerive (L06). La deuxième campagne a été menée en 2013 sur les tronçons L04, L05, L09 et L10. Cette dernière campagne a aussi été l'occasion de prospecter le tronçon L13, à l'aval direct des barrages du moulin Neuf et du moulin du Billerey, mais n'a pas permis de détecter l'espèce sur ce secteur.

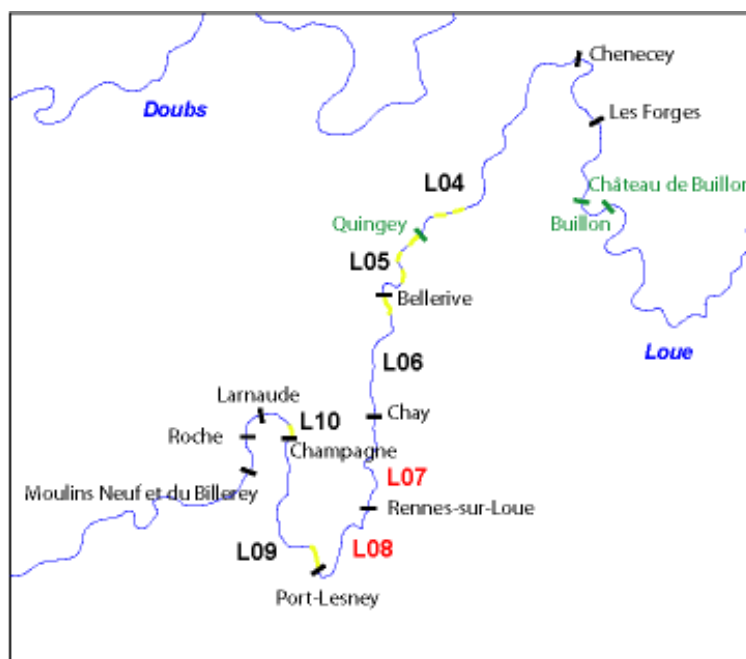


Figure 3. Localisation des zones prospectées en 2012 et 2013 sur la Loue (en jaune).

Les campagnes de prospection ont permis à ce jour de capturer et échantillonner **109 individus** en vue des analyses génétiques. L'échantillonnage a été effectué à l'occasion de prospections nocturnes : les aprons sont d'abord repérés à la lampe, puis capturés à l'aide d'épuisettes ou à l'aide d'un appareil de pêche électrique de type DEKA. Les effectifs sont à ce jour répartis comme rapporté dans le Tableau 3.

Date de prospection	Tronçons	Code Station	Précisions	Effectif
	L04			12
02/09/2013		CHZ	Chouzelot Village	1
02/09/2013		CHA	Chouzelot Abreuvoir	11
	L05			21
02/09/2013		QAV	Quingey Aval Barrage	10
02/09/2013		QGR	Quingey Graves	5
02/09/2013		QGL	Lavans	6
31/07/2012	L06	LBD	Lombard	30
03/09/2013	L09	PLN	Port-Lesney	30
03/09/2013	L10	BUF	Buffard aval	14

Tableau 3. Détails des zones prospectées et effectifs des aprons capturés sur la Loue.

En outre, les classes de taille pour des aprons capturés sont rapportées dans la Figure 4.

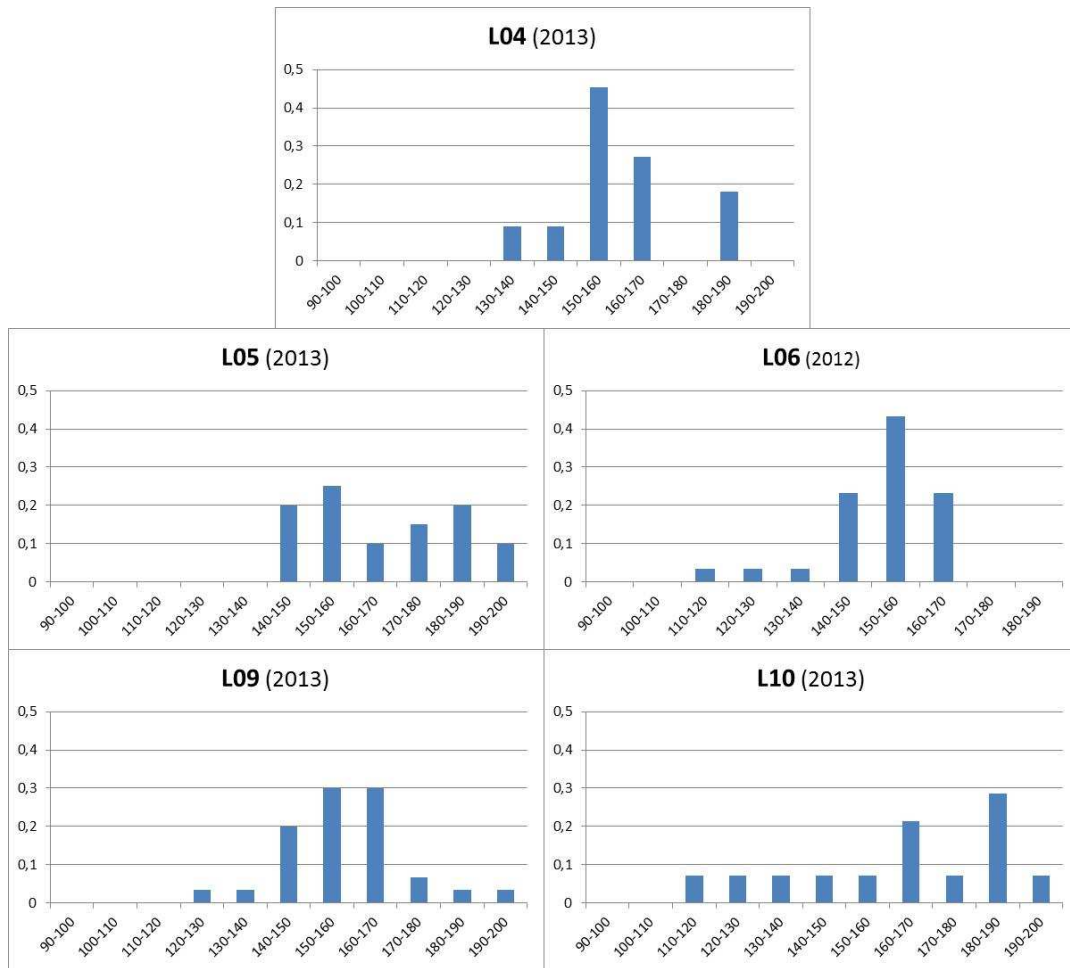


Figure 4. Fréquences relatives des classes de taille des aprons capturés sur la Loue en 2012 et 2013.

IV.2. Résultats préliminaires : impact du seuil de Bellerive

Nous avons pu faire une première analyse permettant d'évaluer l'impact du seuil de Bellerive sur la connectivité des populations qui se situent de part et d'autre de cet ouvrage. Pour cela nous avons analysé les données microsatellites des individus échantillonnés en 2012 (en L06) et des individus échantillonnés en 2008, 2009 et 2010 dans le cadre du suivi de la passe à apron du barrage de Quingey. Cette dernière série d'individus a été capturés dans la passe à poisson et constitue un échantillon de 17 individus.

La différenciation entre les deux populations a ensuite été testée au niveau des microsatellites seulement à travers une Analyse Factorielle de Correspondance Multiple (AFCM) et une analyse bayésienne d'assignation grâce aux logiciels GENETIX (Belkir *et al.* 2004) et STRUCTURE respectivement. Les résultats issus des deux types d'analyse étant concordants, nous ne présentons ici que les résultats de l'AFCM (Fig. 5). Nous avons aussi estimé la diversité de chaque population à travers les indices **Ar** et **Ap** (voir ci-dessus).

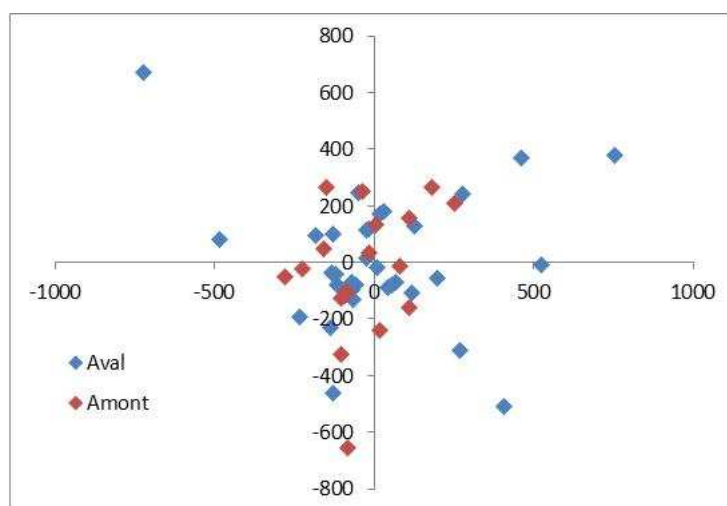


Figure 5. Représentation graphique de l'AFCM menée à partir des individus échantillonnés à l'amont et à l'aval du seuil de Bellerive.

Les résultats de l'AFCM (Fig. 5) et des analyses bayésiennes d'assignation ne permettent pas de différencier les populations échantillonnées à l'aval et à l'amont du seuil de Bellerive. De plus leur diversités génétiques sont quasi-identiques : $A_r = 2,51$, $A_p = 0,25$ pour l'aval et $A_r = 2.46$, $A_p = 0.20$ pour l'amont. Ces résultats suggèrent que les flux génétiques entre les deux populations sont de nature bidirectionnelle et suffisamment importants pour prévenir leur différenciation, tant en terme de structure génétique qu'en terme de diversité génétique. Ils contrastent notamment avec les conclusions obtenus quant à l'impact des seuils dans la Bassin de l'Ardèche (voir ci-dessus).

Un élément explicatif peut cependant être amené ici. Au niveau du seuil de Bellerive, un canal d'amenée est présent. Il pourrait jouer un rôle non négligeable dans la connectivité de ces deux populations, permettant au moins de façon épisodique le passage de quelques individus par génération de l'aval vers l'amont du seuil. Ces quelques migrants, associés à ceux qui emploient la voie de la dévalaison, maintiendraient l'homogénéité des populations situées à l'amont et à l'aval du seuil.

IV.3. Perspectives

Les objectifs de ce travail nécessitent des campagnes d'échantillonnage complémentaire en 2014. Notamment, les tronçons **L07** et **L08** n'ont pas encore fait l'objet de prospections dans le cadre de l'étude génétique : **30 individus** pour chacun de ces tronçons restent donc à échantillonner. Ensuite, l'échantillonnage doit être compléter pour les tronçons **L04** (~**20 individus**), **L05** (~**10 individus**) et **L10** (~**20 individus**).

Ces individus supplémentaires seront poolés à ceux prélevés en 2012 et 2013, contribuant ainsi à augmenter les effectifs par tronçon et à déterminer avec plus de précision l'impact du cloisonnement sur la diversité et la connectivité des populations d'aprons de la Loue.

V. SUIVI des OPERATIONS de REINTRODUCTION dans la RIVIERE DRÔME

Des juvéniles d'aprons ont été déversés en 2008, 2009 et 2010 dans le cadre du Life II Apron. En outre, en 2006, des adultes de souche Beaume et de souche Durance ont été introduits dans la rivière Drôme. Leur maintien a pu être mis en évidence par les suivis effectués avant et après chaque opération. De plus, sur la base d'échantillons prélevés en 1997 et 1998 dans la Drôme, une étude génétique menée par l'Université d'Aix-Marseille a pu mettre en évidence que la population d'origine de la Drôme (aujourd'hui supposée éteinte) était bien différenciée de la population du Bassin de l'Ardèche dont sont originaires les géniteurs des alevins relâchés en 2008, 2009 et 2010.

Un des objectifs de l'étude génétique est de permettre de détecter une hybridation potentielle avec des individus endémiques de la Drôme et qui auraient survécu et des aprons de souche Ardèche. Pour cela, 11 aprons capturés dans la rivière Drôme en 2011 et 2012 par l'ONEMA au cours de prospection de suivi des opérations de réintroduction ont été à ce jour analysés. Trois individus ont été échantillonnés sur la commune de Saillans (NB : site qui n'a jamais fait l'objet de déversés de juvéniles), 4 individus ont été collectés sur la commune de Blacons et 6 individus ont été prélevés sur la commune de Sainte-Croix.

Leur génotype (profil des microsatellites) a été comparé à ceux d'aprons natifs de la Drôme capturés en 1996 et 1997 à l'aval du seuil de Livron ainsi qu'à ceux d'aprons capturés sur la Beaume en 2012. Un test bayésien d'assignation a été réalisé grâce au logiciel STRUCTURE permettant de déterminer l'origine du génome des aprons échantillonnés dans le Drôme en 2011 et 2012 (Fig. 6).

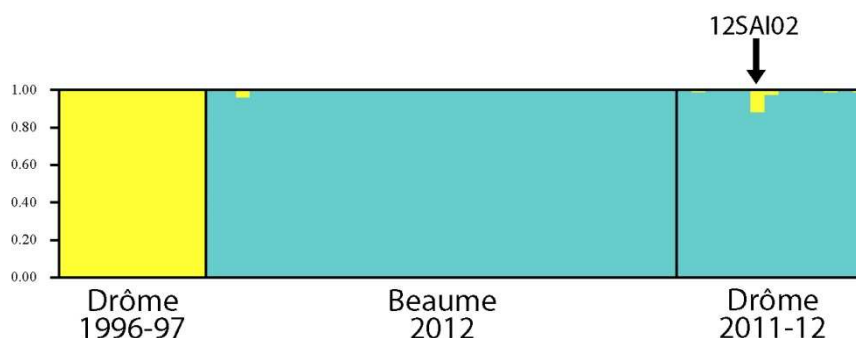


Figure 5. Barplot issu des tests d'assignation menés en vue de déterminer l'origine du génome des aprons échantillonnés sur le Drôme en 2011 et 2012.

Les tests d'assignations montrent que 10 des individus ont un génome identique à celui des aprons de la Beaume. Ces dix individus sont donc issus directement des déversés et à ce stade de l'étude il n'est pas possible de savoir si ces aprons sont nés en captivité ou si ils sont issus d'une reproduction post-réintroduction dans la rivière Drôme. Seules des analyses de parenté permettront de répondre à cette question.

En revanche un des individus capturé à Saillans (code 12SAI02 ; Fig. 5) présente une part non-négligeable de son génome ($\sim 1/8^e$) qui est identique à celui des aprons natifs de la Drôme capturés en 1996 et 1997. Ce résultat suggère que cet individu serait un hybride de 3^e génération. Le premier croisement qui aurait conduit à cet individu aurait eu lieu en 2007 issu d'un individu de souche Drôme (relictuel) et d'un individu de souche Beaume (introduit en 2006). Néanmoins, il est possible aussi que le premier croisement à l'origine de l'individu 12SAI02 ait eu lieu entre un individu de souche Beaume et un individu de souche Durance, tous deux introduits en 2006 dans la Drôme. En effet, l'étude de l'Université d'Aix-Marseille a aussi montré que la différenciation génétique entre les populations de la Durance et les individus échantillonnés en 1996 et 1997 sur la Drôme (aval du seuil de Livron) était assez faible. Il n'est donc pas exclu que le $1/8^e$ de génome « non-Beaume » de 12SAI02 soit d'origine durancienne. A ce stade de l'étude il n'est pas possible de trancher sur ce point.

En revanche, la composition génomique de 12SAI02 suggère qu'en plus de se maintenir dans la rivière Drôme (comme l'ont démontré les suivis par prospection nocturne menés par l'ONEMA), certains des aprons introduits ont pu se reproduire avec succès dans leur nouvel habitat.

Les **perspectives** de ce volet de l'Action 7 résident dans l'**augmentation de l'échantillonnage**, plus particulièrement dans des secteurs qui n'ont pas fait l'objet de déversés d'alevins (ex : Saillans) et dans la conduite d'**analyses de parenté**. Ces dernières analyses intégreront, comme parents potentiels, une centaine des géniteurs qui ont servi au programme de reproduction en captivité et dont des tissus sont conservé au Muséum de Besançon. Le programme de reproduction en captivité mené par le Muséum de Besançon a en effet permis de fournir l'ensemble des alevins réintroduits dans la rivière Drôme.

L'objectif de ces analyses de parenté est de maximiser la détection des aprons issus du programme de réintroduction mais nés dans la Drôme et ainsi d'améliorer la mise en évidence de reproduction sur le secteur. La reproduction post-réintroduction est en effet un marqueur essentiel à l'évaluation des opérations de réintroductions menées jusqu'à présent.

IV. BIBLIOGRAPHIE

- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2004) *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations*. Laboratoire Génome Populations Interactions, UMR 5000, CNRS, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- 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 p.
- Dubut V, Grenier R, Meglécz 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) *Impact du cloisonnement sur la diversité et la structure génétique de l'apron du Rhône (Zingel asper L.) dans le bassin de l'Ardèche*. Rapport intermédiaire PNA apron du Rhône, Aix-Marseille Université, 8 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.
- Kalinowski ST (2004) Counting alleles with rarefaction: private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation Genetics* 5: 539-543.
- 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
- Petit R, El Mousadik A, Pons O (1998) Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation Biology* 12: 844-855.
- Richard S (2007) *Connaissance des populations d'apron du Rhône (Zingel asper) – Répartition et situation de l'espèce sur la Loue et la basse vallée du Doubs : Synthèse des prospections 2004-2006*. Rapport ONEMA, Life apron II, 39 p.
- Szpiech ZA, Jakobsson M, Rosenberg NA (2008) ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics* 24: 2498-2504.



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



Et coordonné par la DREAL Rhône-Alpes



Partenaires financiers du PNA:

