



PREUVES SCIENTIFIQUES POUR ÉCLAIRER LES PRATIQUES DE FRAIE DANS LES STATIONS D'ALEVINAGE DU SAUMON DE PÊCHES ET OCÉANS CANADA DANS LA RÉGION DU PACIFIQUE

Contexte

La mise en liberté de saumons du Pacifique provenant d'écloseries dans le but de soutenir ou de renforcer les populations naturelles crée des risques pour l'intégrité génétique, la diversité génétique et l'adaptabilité des saumons sauvages. Dans le cadre de la *Politique du Canada pour la conservation du saumon sauvage du pacifique*, le saumon sauvage est défini comme un saumon qui a passé toute sa vie dans la nature et qui est issu de parents qui se sont reproduits naturellement (MPO 2005). Les risques génétiques pour le saumon sauvage associés aux écloseries sont atténués et réduits au minimum grâce à la gestion génétique des stocks de géniteurs. Le Programme de mise en valeur des salmonidés (PMVS) de Pêches et Océans Canada (MPO) utilise actuellement des lignes directrices élaborées dans les années 1980 pour diriger le prélèvement et la fraie des stocks de géniteurs à l'intérieur de leurs lignées issues d'écloseries (DFO 2016; voir l'annexe A). Au cours des dernières années, de grands progrès ont été réalisés dans les connaissances scientifiques concernant les effets des écloseries sur le saumon sauvage. Un examen des lignes directrices sur la gestion génétique des stocks de géniteurs est opportun pour garantir que l'exploitation soit conforme aux avis scientifiques actuels.

Un récent document de recherche du Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS), intitulé *Cibles génétiques pour les contributions de la mise en valeur aux populations de saumon chinook dans le Pacifique canadien* (Withler et al. 2018), a établi des désignations d'influence naturelle proportionnelle (INP) pour les populations canadiennes de saumon afin de faciliter la gestion des risques génétiques associés à la sélection et à la domestication dans les écloseries. L'application de ces désignations est en cours d'élaboration pour les lignées issues d'écloseries du PMVS, qui ont des objectifs couvrant la récolte, l'évaluation, la reconstitution, la conservation ainsi que l'éducation et l'intendance. Par conséquent, il est également essentiel d'évaluer si les lignes directrices générales sur le prélèvement et la fraie des stocks de géniteurs doivent être modifiées en fonction de l'objectif de gestion particulier ou de la désignation d'INP d'une lignée mise en valeur par le PMVS.

Le PMVS du MPO a demandé des avis scientifiques sur les mises à jour des pratiques de prélèvement et de fraie des stocks de géniteurs dans les écloseries exploitées et soutenues par le PMVS dans la région du Pacifique. Cette évaluation et les conseils découlant de ce processus de réponse des Sciences (RS) du Secrétariat canadien des avis scientifiques (SCAS) seront utilisés pour mettre à jour les lignes directrices sur la gestion génétique du PMVS (DFO 2016) et le cadre de gestion des risques du PMVS pour la mise en valeur du saumon du Pacifique (DFO 2013). La présente réponse des Sciences découle de l'examen par les pairs régional du 5 mars 2024 sur les preuves scientifiques pour éclairer les pratiques de fraie dans les stations d'alevinage du saumon de Pêches et Océans Canada dans la région du Pacifique.

Les objectifs précis de ce rapport sont les suivants :

1. Évaluer les répercussions génétiques potentielles des lignes directrices existantes sur le prélèvement de stocks de géniteurs en éclosérie en ce qui concerne la proportion de l'échappée prélevée pour le stock de géniteurs et l'utilisation relative de géniteurs d'origine naturelle par rapport aux géniteurs issus d'écloséries par comparaison avec leur représentation dans l'échappée.
2. Examiner les connaissances scientifiques publiées afin de fournir des conseils sur les pratiques exemplaires en vue de maintenir la diversité génétique des stocks de géniteurs d'éclosérie en fonction de la taille des stocks de géniteurs et des objectifs de mise en valeur, en particulier en ce qui concerne l'utilisation des mâles, la laitance cryoconservée, le sex-ratio et la fraie matricielle.
3. Évaluer les conséquences potentielles d'une sélection aléatoire ou intentionnelle des géniteurs d'éclosérie en fonction des caractéristiques liées à la valeur adaptative (p. ex. taille, âge, moment de la montaison) en tenant compte de l'utilisation d'unibermarins dans les stocks de géniteurs d'éclosérie.

Les renseignements présentés dans le cadre de ce rapport concernent le contexte spécifique des populations de saumon du Pacifique mises en valeur par les écloséries exploitées et soutenues par le PMVS. Cependant, les principes de base sous-jacents s'appliquent également à d'autres activités d'éclosérie concernant le saumon du Pacifique, d'autres salmonidés et d'autres espèces en général.

Renseignements de base

Essentiellement, toutes les mises en valeur des écloséries de saumon du Pacifique au Canada consistent à prélever des adultes ou des gamètes dans l'habitat naturel, à les reproduire artificiellement dans l'éclosérie, à élever la progéniture jusqu'au stade de vie visé et à relâcher la progéniture dans l'habitat naturel au stade de vie visé. Ces activités peuvent soutenir une série d'objectifs, y compris la conservation, le rétablissement, l'évaluation, l'intendance, l'éducation et la récolte (DFO 2018), ce qui permet au PMVS de mettre en valeur les populations de saumon chinook (*Oncorhynchus tshawytscha*), de saumon coho (*O. kisutch*), de saumon kéta (*O. keta*), de saumon rose (*O. gorbuscha*) et de saumon rouge (*O. nerka*). Dans la majorité de ces cas, l'objectif sous-jacent de la mise en valeur est de maintenir ou d'augmenter le nombre d'individus dans une population. Au moins à court terme, les écloséries sont en mesure de générer ces augmentations au moyen de trois principaux mécanismes :

1. Fournir un habitat artificiel permettant d'accueillir un plus grand nombre de géniteurs (c.-à-d. la capacité de fraie);
2. Améliorer le succès de la fraie;
3. Réduire considérablement le taux de mortalité de la progéniture des écloséries au cours des premiers stades de vie (Mobrand *et al.* 2005).

Ces mécanismes augmentent non seulement le nombre de géniteurs dans la population, mais aussi le nombre de recrues par géniteur pour les géniteurs dans l'éclosérie par rapport aux géniteurs dans l'habitat naturel. Les avantages démographiques potentiels de ces approches sont clairs. Il n'est donc pas surprenant que l'utilisation d'écloséries pour produire des salmonidés du Pacifique soit courante dans tout le Pacifique Nord (Ruggerone et Irvine 2018).

Malgré les avantages potentiels des écloséries, le concept de base de la mise en valeur produit des risques génétiques inhérents pour une population, ce qui peut entraîner des effets négatifs

à long terme malgré des gains démographiques à court terme (Busack et Currens 1995; Mobrand *et al.* 2005; Naish *et al.* 2007; McMillan *et al.* 2023). Pour reprendre la description ci-dessus, les pratiques d'écloserie exposent un nombre relativement faible de géniteurs à un habitat artificiel, réduisent ou éliminent la sélection sexuelle pendant la fraie, élèvent des juvéniles dans un habitat artificiel et réduisent la sélection naturelle tout au long des premiers stades de la vie. Ces pratiques sont essentielles pour augmenter le nombre prévu de recrues par géniteur d'écloserie et le nombre total de recrues, mais elles apportent également une contribution disproportionnée des géniteurs individuels aux générations suivantes, un relâchement des pressions de sélection associées à l'habitat naturel et l'exposition à de nouvelles pressions de sélection artificielles (c.-à-d. sélection de domestication) (Hatchery Scientific Review Group [HSRG] 2004; California Hatchery Scientific Review Group [CHSRG] 2012; McMillan *et al.* 2023). Ces trois conséquences involontaires de la mise en valeur constituent une menace pour la conservation de la diversité génétique du saumon sauvage du Pacifique, ce qui à son tour crée des risques pour l'adaptabilité et la productivité à long terme des populations de saumon sauvage. Il est donc essentiel de gérer les écloseries d'une manière scientifiquement défendable qui réduit au minimum ces risques à long terme.

Dans le cadre de la *Politique du Canada pour la conservation du saumon sauvage du pacifique* (la « Politique concernant le saumon sauvage »), la diversité génétique se rapporte « aux variations génétiques et aux adaptations à l'intérieur d'une population et entre des populations différentes de saumon sauvage du Pacifique » (MPO 2005). La portée de cette définition signifie que le terme « diversité génétique » peut être utilisé pour décrire plusieurs aspects de la variation génétique au sein d'une espèce de saumon du Pacifique. Des termes connexes comme « intégrité génétique » ou « influence naturelle » sont également utilisés dans le contexte de la conservation et de la gestion du saumon (Withler *et al.* 2018), ce qui crée un risque d'ambiguïté. De plus, les risques pour la diversité génétique peuvent menacer différents aspects de la variation génétique au sein d'une espèce. Par conséquent, avant d'évaluer les données scientifiques sur les pratiques exemplaires de gestion des stocks de géniteurs dans le contexte des lignes directrices sur la gestion génétique du PMVS, des aspects particuliers de la diversité génétique sont brièvement abordés ci-dessous.

Une définition scientifique plus générale de la diversité génétique est le nombre total et la fréquence des variantes génétiques présentes dans un groupe d'organismes (c.-à-d. la variation génétique totale; Frankham *et al.* 2002). Comme le souligne la Politique concernant le saumon sauvage, une distinction importante consiste à déterminer si la variation génétique est considérée au sein d'une population ou entre différentes populations, soit la diversité génétique au niveau de la population ou au niveau de l'espèce, respectivement. Les deux niveaux de diversité génétique ont des répercussions clés sur la conservation de populations saines de saumon du Pacifique. Une grande diversité génétique au sein d'une population réduit la probabilité de croisement entre des individus génétiquement apparentés et fournit la matière première sur laquelle la sélection naturelle peut agir pour favoriser les processus d'adaptation (Kahilainen *et al.* 2014). De même, la diversité des populations améliore la résilience des espèces grâce à l'« effet de portefeuille » (Schindler *et al.* 2010, 2015), concept emprunté à la théorie économique qui suggère que les espèces dont les populations sont diversifiées sont plus résilientes face aux changements environnementaux. Contrairement à une susceptibilité « tout ou rien » dans l'ensemble des populations, la diversité génétique des populations rend plus probable la résistance de certaines d'entre elles à un nouveau facteur de stress. La conservation de la diversité génétique au niveau de l'espèce est à peu près synonyme de protection de l'intégrité génétique, qui fait référence à l'isolement reproductif d'une espèce ou d'une population et au maintien d'une variation génétique distincte par la prévention des croisements entre espèces ou populations (Marie *et al.* 2010; Bourret *et al.* 2011; à noter que,

dans un contexte cellulaire non lié, l'intégrité génétique peut également faire référence dans les ouvrages scientifiques à la préservation de la séquence d'ADN contre les dommages ou les mutations). Le concept d'intégrité génétique d'une population illustre l'importance de la distinction entre la diversité génétique au niveau de la population et au niveau de l'espèce. Par exemple, une transplantation de géniteurs d'une rivière à forte abondance vers une rivière à faible abondance pourrait accroître à la fois l'abondance des géniteurs et la diversité au niveau de la population dans la rivière réceptrice. Cependant, cette même mesure diminuerait toute diversité au niveau de l'espèce qui était présente entre les deux populations d'origine. L'équilibre entre ces risques et ces avantages dépendrait probablement du contexte, notamment en ce qui concerne la différenciation entre les deux populations et le statut de conservation de la population réceptrice.

Une deuxième distinction importante quant à la diversité génétique est celle qui existe entre les variations neutres et les variations adaptatives (Holderegger *et al.* 2006). Les fréquences des allèles peuvent changer au sein d'une population et entre les populations en raison du hasard (c.-à-d. dérive génétique) ou de processus adaptatifs comme la sélection naturelle (Lande 1976). À des degrés divers, les espèces de saumon du Pacifique tendent à retourner à leur habitat natal pour frayer à l'âge adulte (Quinn 2005b), ce qui produit un grand nombre de populations de reproducteurs relativement petites. Ces conditions favorisent des processus neutres qui jouent un rôle important dans la différenciation génétique entre les populations, et des signatures d'isolement par la distance sont souvent observées dans les études génétiques des populations de saumon du Pacifique (Taylor *et al.* 1994; Beacham *et al.* 2006a, 2006b, 2009, 2011, 2020). Cependant, les espèces de saumon présentent également une adaptation locale à leurs habitats d'eau douce (Taylor 1991; Eliason *et al.* 2011; Fraser *et al.* 2011), ce qui suggère que des processus neutres et adaptatifs jouent un rôle dans l'établissement et le maintien de la diversité génétique de ces espèces. Le débat scientifique sur la pertinence de la conservation des variations génétiques neutres et adaptatives se poursuit (DeWoody *et al.* 2021; García-Dorado et Caballero 2021; Teixeira et Huber 2021). Essentiellement, une perspective suggère que la variation adaptative sous-tend l'adaptabilité et que, par conséquent, la variation adaptative devrait être au centre des efforts de conservation. En revanche, l'autre perspective suggère que la variation neutre fournit la matière première sur laquelle une nouvelle sélection peut agir, que les variantes adaptatives dans tous les scénarios sont inconnues et que la variation supposément neutre ne devrait pas être écartée dans les efforts de conservation. Dans le contexte général du maintien de la diversité génétique du saumon du Pacifique, les deux perspectives ont du mérite, et un équilibre entre la conservation des variations neutres et adaptatives est probablement le plus approprié.

Au sein d'une population mise en valeur, la production en éclosérie peut présenter des risques de variations génétiques neutres et adaptatives. Les risques associés à l'adaptation à l'environnement des écloséries et la gestion de ces risques ont été examinés en profondeur ailleurs (HSRG 2004, 2009, 2014; Naish *et al.* 2007; CHSRG 2012; Anderson *et al.* 2020; McMillan *et al.* 2023) et examinés précédemment par le Secrétariat canadien de consultation scientifique (Withler *et al.* 2018). En bref, comme nous l'avons vu ci-dessus, l'habitat artificiel de l'éclosérie modifie les pressions de sélection subies par les géniteurs d'écloséries et les individus issus d'écloséries, ce qui modifie l'ensemble des traits qui produisent une adaptabilité optimale. En d'autres termes, l'adaptabilité optimale des poissons issus d'écloséries diffère de celle des poissons d'origine naturelle, et cet effet peut être amplifié si le prélèvement de stocks de géniteurs ne représente pas proportionnellement l'ensemble des traits présents dans la population (McLean *et al.* 2005). Ainsi, les poissons issus d'écloséries ont un succès reproductif plus faible dans l'habitat naturel que leurs homologues d'origine naturelle, et on s'attend à ce que le flux génétique de l'éclosérie vers l'environnement naturel réduise l'aptitude moyenne de

la population dans l'habitat naturel (Araki *et al.* 2007a, 2008, 2009; Thériault *et al.* 2011; Christie *et al.* 2012a, 2014; Ford *et al.* 2016; Withler *et al.* 2018; Janowitz-Koch *et al.* 2019; Shedd *et al.* 2022). Ces risques pour l'état adaptatif de la population peuvent être atténués en gérant les taux relatifs de flux génétique de l'écloserie vers les frayères naturelles et des frayères vers l'écloserie, de sorte que l'influence adaptative naturelle dans la population intégrée soit maintenue (Ford 2002; HSRG 2009; Baskett et Waples 2013; Withler *et al.* 2018).

Pour comprendre les risques que les écloseries font peser sur la variation génétique neutre au sein d'une population mise en valeur, il est nécessaire d'introduire la notion de taille effective de la population. La taille effective d'une population est un concept issu de la génétique des populations qui décrit la taille d'une population idéale qui perdrait des variantes génétiques par dérive génétique (c.-à-d. par hasard) au même rythme que la population réelle (Wright 1931). Pour établir une population idéale, on formule plusieurs hypothèses simplificatrices optimales pour le maintien de la variation génétique. Les principales hypothèses sont une taille de population constante, des générations qui ne se chevauchent pas, un accouplement aléatoire, des sex-ratios égaux et l'absence de sélection (c.-à-d. l'égalité des chances entre les parents pour la représentation dans la génération suivante) [Charlesworth 2009]. Les populations réelles ne sont essentiellement jamais conformes à ces hypothèses et, par conséquent, les tailles effectives des populations sont généralement inférieures aux estimations de la taille des populations issues des recensements (Waples 1990; Frankham 1995). L'avantage de ces hypothèses simplificatrices pour la conservation est que le taux de perte de variantes génétiques et le taux de consanguinité peuvent être modélisés dans une population idéale, ce qui signifie que les estimations de la taille effective de la population peuvent éclairer le risque de perte de variantes génétiques au hasard dans une population (Charlesworth 2009). Ces risques associés à la dérive génétique sont d'autant plus prononcés que la taille effective de la population est faible, ce qui rend également la sélection et l'adaptation relativement inefficaces (Adkison 1995). Les variations neutres et adaptatives peuvent être perdues lorsque la taille effective de la population est faible, car la dérive génétique est un processus aléatoire qui menace l'ensemble de la diversité génétique au sein de la population.

En l'absence d'une gestion génétique appropriée, la production en écloserie peut entraîner une réduction importante de la taille effective d'une population intégrée, même si la taille de recensement de la population augmente en raison de l'abondance combinée des poissons d'écloserie et des poissons d'origine naturelle (Christie *et al.* 2012b; Naish *et al.* 2013). En général, relativement peu de géniteurs sont prélevés pour faire partie du stock de géniteurs d'écloserie, et la nature de la fraie en écloserie entraîne une surreprésentation de la progéniture de ces géniteurs dans la génération suivante par rapport à la progéniture des géniteurs naturels (Anderson *et al.* 2020). En outre, la réutilisation des géniteurs mâles dans l'écloserie peut exacerber ces effets. Ces diminutions de la taille effective de la population associées à la mise en valeur peuvent mener à un effet Ryman-Laikre, dans lequel la surreprésentation répétée d'un nombre relativement faible de géniteurs augmente la parenté interindividuelle, ce qui entraîne une dépression de consanguinité et une perte d'aptitude au niveau de la population (Ryman et Laikre 1991).

Dans l'ensemble, la production en écloserie présente incontestablement des avantages dans divers contextes, les écloseries ayant été utilisées avec succès comme outils pour soutenir ou sauver des populations de saumon du Pacifique à plusieurs endroits (Ackerman *et al.* 2014; Kline et Flagg 2014; Withler *et al.* 2014). Cependant, il est également évident que l'introduction de poissons issus d'écloseries dans un système naturel présente de nombreux risques génétiques pour la composante naturelle de la population. Il est essentiel que les pratiques d'écloserie soient guidées par les meilleures données scientifiques disponibles pour atténuer

ces risques et réduire au minimum la possibilité que les résultats à long terme de la mise en valeur aient des conséquences négatives pour le saumon sauvage du Pacifique.

Analyse et réponse

Stratégie de mise en valeur utilisée pour les écloséries du PMVS

Dans l'ensemble du Pacifique Nord, deux stratégies principales d'écloserie sont utilisées pour gérer les interactions génétiques entre les saumons d'écloserie et les saumons d'origine naturelle. Les programmes distincts empêchent les poissons issus d'écloséries de frayer dans l'habitat naturel, et les poissons d'origine naturelle ne sont pas utilisés dans le stock de géniteurs, de sorte qu'il n'y a pas de flux génétique entre les écloséries et les environnements naturels (HSRG 2004, 2009; Moberg *et al.* 2005; CHSRG 2012). En revanche, les programmes intégrés permettent aux poissons issus d'écloséries de frayer dans l'habitat naturel et aux poissons d'origine naturelle d'être utilisés dans le stock de géniteurs, de sorte qu'il y a un flux génétique délibéré entre les deux environnements; les programmes intégrés peuvent gérer les interactions génétiques entre les poissons issus d'écloséries et les poissons d'origine naturelle en contrôlant les directions relatives du flux génétique entre les deux habitats (HSRG 2004, 2009; Moberg *et al.* 2005; CHSRG 2012).

Ces deux stratégies d'écloserie présentent des forces et des faiblesses différentes. Dans un programme distinct, les pressions de sélection naturelle sont absentes du stock de géniteurs, ce qui augmente la possibilité d'une sélection et d'une domestication détendues qui entraînent une différenciation par rapport à la composante naturelle de la population. Cela augmente le risque génétique pour les géniteurs naturels si les poissons issus d'écloséries se reproduisent avec les poissons d'origine naturelle, mais ce risque est atténué par la ségrégation entre les deux habitats de fraie. D'autre part, un programme intégré maintient les pressions de sélection naturelle dans le stock de géniteurs grâce à l'inclusion de poissons d'origine naturelle, ce qui réduit la probabilité d'une différenciation génétique importante entre les poissons d'écloserie et les poissons d'origine naturelle. Les poissons issus d'écloséries présentent toujours des risques génétiques pour l'ensemble de la population, mais ces risques sont réduits par rapport à ceux des poissons issus d'écloséries produits dans le cadre d'un programme distinct (Moberg *et al.* 2005; CHSRG 2012).

Le Hatchery Scientific Review Group (HSRG) a récemment examiné les forces et les faiblesses des différentes pratiques d'écloserie aux États-Unis et a conclu que les deux stratégies peuvent être des options viables pour réduire les influences génétiques des écloséries et promouvoir l'adaptation locale des populations naturelles de saumon (HSRG 2004, 2009). Cependant, le *California Hatchery Review Report* est parvenu à une conclusion différente, affirmant qu'un programme d'écloserie de poissons anadromes véritablement distincts n'est pas possible en Californie, et le CHSRG se déclarant généralement en défaveur du concept (CHSRG 2012). Cette conclusion découle de la nature d'un programme distinct; en raison de la forte probabilité de différenciation génétique et d'adaptation en écloserie, si tous les poissons issus d'écloséries ne peuvent être retirés des frayères naturelles de façon fiable, les effets génétiques négatifs risquent d'être importants. Dans ce cas, un programme intégré est une meilleure option pour réduire ces effets négatifs sur les géniteurs naturels.

Le retrait complet des géniteurs issus d'écloséries des habitats naturels n'est pas réaliste dans la majorité (voire la totalité) des populations de saumon du Pacifique mises en valeur par le PMVS. Cela suggère que l'utilisation de programmes intégrés est probablement l'option la plus appropriée pour les écloséries exploitées ou soutenues par le PMVS, ce qui est conforme aux lignes directrices existantes en matière de gestion génétique (DFO 2016).

Prélèvement de stocks de géniteurs par rapport à la taille de l'échappée

Le niveau de production en éclosérie (c.-à-d. la taille des écloséries) est peut-être le facteur le plus déterminant sur une population intégrée, l'incidence sur le nombre relatif de saumons d'origine naturelle et de saumons issus d'écloséries dans la population étant directe. Comme il fallait s'y attendre, l'évaluation de la taille des écloséries, le marquage des poissons relâchés des écloséries et le retrait sélectif de géniteurs issus d'écloséries ont clairement démontré que l'ajustement de la taille des écloséries (définie par le nombre de géniteurs) était la mesure de gestion la plus efficace pour contrôler les influences sélectives des écloséries au sein d'une population intégrée (Withler *et al.* 2018).

La taille de l'éclosérie est en fin de compte déterminée par les cibles de production et de prélèvement de stocks de géniteurs, qui font l'objet d'une décision de gestion intégrée dans le cadre du PMVS. Ces décisions tiennent compte d'une myriade de facteurs, y compris les objectifs du programme, l'état de l'habitat et les multiples facteurs de risque (DFO 2018). La gestion génétique actuelle du PMVS (DFO 2016) fournit des lignes directrices générales pour le prélèvement de stocks de géniteurs afin de maintenir les influences naturelles au sein des populations mises en valeur :

1. Le nombre de géniteurs prélevés ne devrait pas dépasser le tiers (33 %) de l'échappée.
2. Pour la conservation et le rétablissement des populations, le nombre de poissons issus d'écloséries ne devrait pas dépasser 50 % des géniteurs des frayères naturelles.
3. Dans les cas de conservation des populations, le nombre de géniteurs prélevés peut atteindre jusqu'à 50 % de l'échappée.

Les considérations relatives à la conservation des populations sont examinées plus loin dans le présent rapport.

Chacune des lignes directrices 1 et 2 sont des approches logiques indépendantes pour limiter l'influence des écloséries au sein d'une population intégrée, mais, comme le soulignent Withler *et al.* (2018), les deux lignes directrices sont probablement incompatibles. Si les géniteurs issus d'écloséries ont un taux de survie jusqu'à l'âge adulte plus de deux fois supérieur à celui des géniteurs d'origine naturelle, l'utilisation de 33 % de l'échappée comme stock de géniteurs produira rapidement plus de 50 % de géniteurs issus d'écloséries dans l'habitat naturel. Bien que cet écart ait été souligné, les lignes directrices ci-dessus n'ont pas été examinées davantage par Withler *et al.* (2018). Au lieu de cela, Withler *et al.* (2018) ont établi un cadre de désignations biologiques pour gérer les influences des écloséries dans les populations mises en valeur par le PMVS qui utilisent les mesures du HSRG de l'influence naturelle proportionnelle (*INP*), de la proportion de géniteurs issus d'écloséries dans les frayères naturelles (*pGIE*) et de la proportion de géniteurs d'origine naturelle dans le stock de géniteurs (*pBON*). Ensemble, après des simplifications qui sont généralement valables pour les populations intégrées à une éclosérie, ces mesures peuvent estimer le flux génétique relatif entre les composantes naturelles et d'éclosérie d'une population de saumon du Pacifique (équation 1) :

$$INP = \frac{pBON}{pGIE + pBON} \quad (1)$$

Les valeurs d'*INP* varient de 0 à 1, les valeurs les plus élevées indiquant un flux génétique relativement plus important de l'habitat naturel vers l'éclosérie (c.-à-d. des influences naturelles plus importantes dans la population intégrée) et des risques génétiques plus faibles pour l'état adaptatif de la population dans son ensemble. Pour les populations intégrées, Withler *et al.* (2018) ont publié trois désignations biologiques : intégrée-sauvage (*INP* ≥ 0,80), intégrée-

transition ($0,80 > INP \geq 0,50$) et intégrée-écloserie ($0,50 > INP$) (tableau 1). Ces désignations peuvent être utilisées pour gérer le flux génétique dans les populations intégrées : la désignation intégrée-sauvage maintient au moins 50 % de poissons sauvages (comme définis par la Politique concernant le saumon sauvage; MPO 2005) dans les frayères naturelles, la désignation intégrée-transition maintient le flux génétique net de l'habitat naturel vers l'écloserie, et la désignation intégrée-écloserie permet des influences relativement élevées de l'écloserie dans la population (Withler *et al.* 2018). Ces désignations peuvent donc être utilisées pour gérer les risques génétiques au sein de populations intégrées en fonction de différents objectifs de mise en valeur, car il est possible d'équilibrer de façon appropriée le compromis entre une production élevée et une influence élevée des écloseries. En outre, les désignations d'*INP* permettent non seulement d'évaluer l'état actuel d'une population intégrée, mais aussi de créer des cibles de planification génétique pour les futurs niveaux de production en écloserie. Les lignes directrices fondées sur les désignations de Withler *et al.* (2018) sont des améliorations claires des lignes directrices relativement simples ci-dessus (nos 1 à 3) et, le cas échéant, le cadre de désignation biologique devrait remplacer les lignes directrices existantes concernant le flux génétique entre les écloseries et les environnements naturels. Le PMVS élabore actuellement des lignes directrices sur la contribution à la mise en valeur pour différents objectifs de mise en valeur en utilisant ces désignations biologiques. Cependant, pour évaluer l'*INP*, la *pGIE* et la *pBON*, une surveillance suffisante et le marquage des saumons issus d'écloseries sont nécessaires, ce qui n'est pas le cas pour toutes les populations mises en valeur. Par conséquent, les lignes directrices simplifiées, comme indiqué aux numéros 1 et 2 ci-dessus, demeurent utiles. Nous examinons ici ces lignes directrices dans le contexte des désignations biologiques pour les populations mises en valeur établies dans Withler *et al.* (2018).

Premièrement, il est probable qu'une ligne directrice générale fondée uniquement sur la *pGIE* (c.-à-d. la ligne directrice 2 ci-dessus) ne soit plus conforme aux pratiques exemplaires en matière de gestion génétique des populations intégrées. Cela devient évident lorsqu'on examine les seuils de *pGIE* pour différentes désignations biologiques pour les populations mises en valeur (tableau 1).

Tableau 1. Désignations biologiques de l'influence des écloseries sur les populations de saumon chinook et d'autres saumons du Pacifique bénéficiant d'une mise en valeur intégrée (tiré de Withler *et al.* 2018).

Désignation	<i>pGIE</i> _{recensée} ^a	<i>pGIE</i> _{eff} ^a	<i>pBON</i>	<i>INP</i>	<i>pSAUVAGE</i> ^b
Intégrée-sauvage	≤ 0,23	≤ 0,19	≥ 0,77	≥ 0,80	≥ 0,50
Intégrée-transition	≤ 0,53	≤ 0,47	< 0,77 ≥ 0,47	< 0,80 ≥ 0,50	< 0,50 ≥ 0,13
Intégrée-écloserie	> 0,53	> 0,47	< 0,47	< 0,50	< 0,13

^a La *pGIE*_{recensée} est la *pGIE* estimée à partir du nombre estimé de géniteurs issus d'écloseries et de géniteurs d'origine naturelle dans les frayères naturelles, tandis que la *pGIE*_{eff} est la *pGIE* effective après correction de la *pGIE*_{recensée} pour refléter le succès reproductif relatif plus faible des géniteurs issus d'écloseries par rapport aux géniteurs d'origine naturelle.

^b *pSAUVAGE* est la proportion attendue de saumons sauvages dans la population de géniteurs, comme définie dans la Politique concernant le saumon sauvage (MPO 2005).

Dans le tableau 1, la $pGIE_{\text{recensée}}$ est la $pGIE$ fondée sur les estimations du recensement du nombre de géniteurs issus d'écloseries et de géniteurs d'origine naturelle. Les géniteurs issus d'écloseries ont généralement un succès reproductif plus faible dans les frayères naturelles que leurs homologues d'origine naturelle, et la $pGIE$ effective ($pGIE_{\text{eff}}$) dans le contexte de la contribution génétique à la génération suivante ajuste la $pGIE_{\text{recensée}}$ en fonction du succès reproductif relatif des géniteurs issus d'écloseries et des géniteurs d'origine naturelle (HSRG 2015; Withler *et al.* 2018). Dans le présent rapport, la $pGIE$ est considérée comme la $pGIE_{\text{recensée}}$, ce qui est prudent, car le succès reproductif relatif des géniteurs issus d'écloseries et des géniteurs d'origine naturelle dans les populations mises en valeur par le PMVS n'est pas bien défini (Withler *et al.* 2018). Cela correspond également à l'évaluation et à l'application de la $pGIE$ dans le PMVS. Pour les désignations intégrée-sauvage, intégrée-transition et intégrée-écloserie, les limites acceptables pour la $pGIE$ sont respectivement de $\leq 0,23$, de $\leq 0,53$ et de $> 0,53$. Par conséquent, une ligne directrice fondée sur une seule limite de la $pGIE$ ne peut pas tenir compte de la désignation biologique qui est l'objectif pour la population mise en valeur. Par exemple, une ligne directrice de la $pGIE < 0,50$ serait trop libérale pour une cible intégrée-sauvage, alors qu'elle serait inutilement prudente pour une cible intégrée-écloserie. En outre, la surveillance précise de la $pGIE$ nécessite le marquage des poissons issus d'écloseries, ce qui suggère qu'il est préférable d'appliquer directement le cadre de désignation biologique de Withler *et al.* (2018) plutôt que d'imposer une limite propre à la $pGIE$.

En revanche, la gestion de la proportion de l'échappée qui est prélevée comme stock de géniteurs ne nécessite pas le marquage ou l'étiquetage des poissons issus d'écloseries, et on pourrait réviser la limite actuelle de 33 % (ligne directrice 1 ci-dessus) pour qu'elle soit conforme aux désignations biologiques de Withler *et al.* (2018). Pour démontrer cette possibilité, nous appliquons des hypothèses simplifiées sur les stades de vie de la population afin d'évaluer les effets de différentes proportions de l'échappée qui est prélevée comme stock de géniteurs sur l'*INP*, la $pGIE$ et la $pBON$. Cette approche est semblable au raisonnement présenté dans Withler *et al.* (2018) et décrit ci-dessus, selon lequel une limite de 33 % sur le prélèvement de stocks de géniteurs était probablement incompatible avec la limite de 50 % sur la $pGIE$. Avant de présenter ces analyses, nous insistons encore une fois sur le fait que le prélèvement et la gestion des stocks de géniteurs devraient être guidés directement par le cadre de désignation biologique de Withler *et al.* (2018) dans les populations avec marquage des poissons issus d'écloseries.

Dans toute population intégrée de saumons du Pacifique, il y aura un certain nombre de géniteurs adultes dans l'échappée au cours d'une année donnée (G). Le nombre de géniteurs d'écloserie (G_E) et le nombre de géniteurs naturels (G_N) potentiels peuvent ensuite être déterminés par la proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs (pS) :

$$G_E = G \times pS \quad (2)$$

$$G_N = G \times (1 - pS) \quad (3)$$

Selon l'espèce de saumon du Pacifique mise en valeur, les descendants de ces géniteurs reviendront répartis sur plusieurs années de retour, généralement de deux à six ans plus tard. Cependant, nous pouvons tenir compte du nombre total de montaisons issues d'écloseries (RIE) et de retours d'origine naturelle (RON) prévus chez ces descendants en utilisant les recrues attendues par géniteur pour le G_E (R_E) et le G_N (R_N) :

$$RIE = G_E \times R_E = G \times pS \times R_E \quad (4)$$

$$RON = G_N \times R_N = G \times (1 - pS) \times R_N \quad (5)$$

Il est important de reconnaître que le R_E et le R_N peuvent varier, potentiellement considérablement, d'une année d'éclosion à l'autre et d'une éclosion à l'autre, mais ils ont chacun une valeur unique pour une année et une éclosion données, et par conséquent le R_E peut être exprimée comme un multiple du R_N pour une cohorte donnée de géniteurs :

$$R_E = \alpha \times R_N \quad (6)$$

où α est le ratio de recrues par géniteur d'éclosion et de recrues par géniteur naturel. L'équation 6 peut être substituée à l'équation 4 de façon à ce que le RIE et le RON soient exprimés comme des fonctions de G , de pS , de R_N et d' α .

Pour les populations intégrées sans poisson issu d'éclosions identifiables, les équations 4 à 6 peuvent être utilisées pour évaluer les effets de la proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs (pS) sur la $pGIE$, la $pBON$ et l' INP dans la génération suivante. Pour cette analyse, deux hypothèses simplificatrices sont nécessaires :

1. La $pGIE$, la $pBON$ et l' INP sont calculées comme si la progéniture était une cohorte indépendante de montaisons;
2. La $pBON$ est équivalente à la proportion de géniteurs d'origine naturelle dans la frayère naturelle ($pGON$).

La première de ces hypothèses n'est pas valable pour tous les saumons du Pacifique, mais cette simplification est souvent utilisée dans la modélisation des stades de vie (Withler *et al.* 2018) et ne devrait pas invalider l'incidence moyenne d'une valeur de pS appliquée à l'ensemble des années d'éclosion contribuant à des classes d'âge mixtes de montaisons. La deuxième hypothèse est valable pour les populations sans sélection de géniteurs en fonction des marques d'éclosion, conformément aux lignes directrices actuelles du PMVS, soit que les géniteurs prélevés devraient, dans la mesure du possible, être sélectionnés au hasard (DFO 2016). Après ces hypothèses, la $pGIE$, la $pBON$ et l' INP peuvent être exprimées comme suit (voir l'annexe B pour plus de détails) :

$$pGIE = \frac{pS \times \alpha}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)} \quad (7)$$

$$pBON = \frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)} \quad (8)$$

$$INP = \frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)} \quad (9)$$

Il convient de noter que les équations 8 et 9 montrent que la $pBON$ est égale à l' INP , ce qui est un résultat certain lorsque la somme de la $pGIE$ et de la $pBON$ est égale à un (c.-à-d. lorsque le stock de géniteurs est sélectionné au hasard dans l'échappée et que la $pBON$ est égale à la $pGON$). L'utilité de l'équation 9 est qu'il est possible de tracer l' INP en fonction de la proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs (pS) dans une seule génération pour toute valeur du ratio entre les recrues par géniteur d'éclosion et les recrues par géniteur naturel (α) (figure 1).

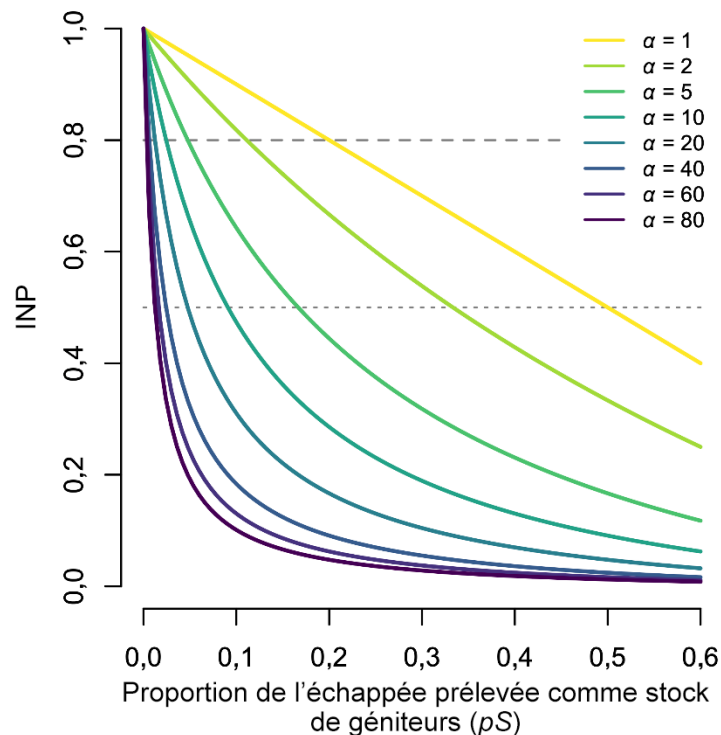


Figure 1. Influence naturelle proportionnelle (INP) en fonction de la proportion d'échappée prélevée comme stock de géniteurs (pS) pour une gamme de ratios de recrues par géniteur d'éclosion et de recrues par géniteur naturel (α). Les couleurs représentent des courbes pour différentes valeurs de α . Les lignes grises en pointillés et en tirets indiquent les valeurs seuils de l' INP pour les désignations biologiques intégrée-sauvage, intégrée-transition et intégrée-éclosion pour les populations mises en valeur ($INP = 0,80$ ou $0,50$, respectivement).

La figure 1 présente la relation entre l' INP et la pS pour des valeurs α comprises entre 1 et 80, qui couvrent des scénarios où les recrues par géniteur sont équivalentes entre l'éclosion et l'environnement naturel ainsi que des scénarios où les recrues par géniteur d'éclosion dépassent considérablement celles par géniteur naturel (p. ex. lorsque la production en éclosion est élevée pour soutenir un objectif de récolte, ce qui entraîne une dépendance à l'égard de la densité et un faible nombre de recrues par géniteur naturel). Une conclusion immédiate tirée de la figure 1 est que la relation entre l' INP et la proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs (pS) est très sensible au ratio de recrues par géniteur entre les deux environnements (α). Les modèles paramétrés à l'aide de l'information provenant des populations de saumon chinook de la côte est de l'île de Vancouver suggèrent que des valeurs α d'environ 4 pourraient être plausibles (Withler *et al.* 2018). Plusieurs lignes de production du PMVS correspondent à cette estimation ($\alpha \approx 4$ à 5), mais il peut y avoir une variation importante entre les populations et les années (Angus Straight, MPO, comm. pers.). Par conséquent, il est difficile de déterminer des limites précises pour le prélèvement de stocks de géniteurs qui correspondent aux désignations biologiques de Withler *et al.* (2018) en général (voir le tableau 1), et l' INP prévue ne devrait être prédite qu'à partir des proportions de l'échappée prélevée pour les populations où l'on peut estimer α avec un degré élevé de confiance. Malgré cette limitation, même pour des valeurs α faibles, les proportions de l'échappée prélevée correspondant à la désignation intégrée-sauvage ($INP \geq 0,80$) sont

inférieures à 0,33, et pour toutes les valeurs α sauf les plus faibles, c'est également le cas pour la désignation intégrée-transition ($0,80 > INP \geq 0,50$) (tableau 2).

Tableau 2. Valeurs prévues de l'influence naturelle proportionnelle (INP) pour les combinaisons de la proportion d'échappée prélevée comme stock de géniteurs (S) et des ratios de recrues par géniteur d'écloserie et de recrues par géniteur naturel (α). Les cellules en vert avec un astérisque (*) indiquent les INP correspondant à la désignation de population intégrée-sauvage, et les cellules en jaune avec un circonflexe (^) indique les INP correspondant à la désignation de population intégrée-transition; toutes les INP en blanc correspondent à la désignation de population intégrée-écloserie.

		α							
		1	2	5	10	20	40	60	80
B	0,1	0,90*	0,82*	0,64^	0,47	0,31	0,18	0,13	0,10
	0,2	0,80*	0,67^	0,44	0,29	0,17	0,09	0,06	0,05
	0,3	0,70^	0,54^	0,32	0,19	0,10	0,06	0,04	0,03
	0,4	0,60^	0,43	0,23	0,13	0,07	0,04	0,02	0,02
	0,5	0,50^	0,33	0,17	0,09	0,05	0,02	0,02	0,01
	0,6	0,40	0,25	0,12	0,06	0,03	0,02	0,01	0,01
	0,7	0,30	0,18	0,08	0,04	0,02	0,01	0,01	0,01
	0,8	0,20	0,11	0,05	0,02	0,01	0,01	0,00	0,00
	0,9	0,10	0,05	0,02	0,01	0,01	0,00	0,00	0,00

La valeur α la plus faible prise en compte dans le tableau 2 est un, car si α est inférieur à un, le prélèvement d'un adulte pour la fraie en écloserie réduirait effectivement le nombre de descendants de cet adulte qui reviendraient frayer par rapport au fait de permettre à l'adulte de frayer dans l'habitat naturel. Cela va à l'encontre de la majorité des objectifs du PMVS et constitue un scénario peu probable dans les lignées issues d'écloseries du PMVS. Au moment de déterminer à l'origine l'incohérence potentielle entre la limite de 33 % de prélèvement de stocks de géniteurs et la limite de 50 % de poissons issus d'écloseries parmi les géniteurs naturels, Withler *et al.* (2018) ont déterminé que le taux de survie jusqu'à l'âge adulte deux fois supérieur à celui des géniteurs naturels (c.-à-d. $\alpha = 2$) était l'augmentation maximale conforme aux deux lignes directrices. En revanche, plusieurs écloseries exploitées ou soutenues par le PMVS ont des valeurs α d'environ 4 à 5 (Angus Straight, MPO, comm. pers.). Ainsi, pour illustrer l'application potentielle de α dans la détermination de la proportion de l'échappée utilisée comme stock de géniteurs, nous calculons des seuils de prélèvement proportionnel à $\alpha = 1, 2$ ou 5 qui sont conformes aux trois désignations biologiques pour les populations intégrées (tableau 3). Comme nous l'avons vu plus haut, l'utilité de ces seuils dépend de l'incertitude associée à la valeur α estimée.

Tableau 3. Désignations biologiques pour les populations mises en valeur avec les gammes acceptables d'INP établies dans Withler et al. (2018) et des proportions de l'échappée utilisée comme stock de géniteurs (pS) conformes en supposant que $\alpha = 1, 2$ ou 5 .

Désignation biologique	Gamme de l'INP	Gamme de la pS ($\alpha = 1$)	Gamme de la pS ($\alpha = 2$)	Gamme de la pS ($\alpha = 5$)
Intégrée-sauvage	$\geq 0,80$	$\leq 0,20$	$\leq 0,11$	$\leq 0,05$
Intégrée-transition	$< 0,80$	$> 0,20$	$> 0,11$	$> 0,05$
	$\geq 0,50$	$\leq 0,50$	$\leq 0,33$	$\leq 0,17$
Intégrée-écloserie	$< 0,50$	$> 0,50$	$> 0,33$	$> 0,17$

Malgré l'utilité de l'approche simplifiée ci-dessus pour déterminer si une proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs est conforme à la désignation biologique ciblée d'une population, il y a des limites évidentes. La plus importante est peut-être l'impossibilité d'étendre l'analyse au-delà d'une seule génération ou d'une seule cohorte, ce qui empêche également d'examiner directement les effets à long terme sur l'adaptabilité d'une population intégrée. Cependant, le maintien d'une désignation intégrée-sauvage permet de se prémunir contre les effets négatifs sur l'adaptabilité associés à la production en écloserie (Withler et al. 2018). L'analyse ci-dessus a donc probablement une pertinence indirecte pour les effets à long terme sur l'adaptabilité également.

Afin d'examiner plus à fond les conséquences potentielles sur l'adaptabilité de la proportion maximale d'échappée utilisée comme stock de géniteurs, nous utilisons dans le présent rapport le modèle détaillé des stades de vie élaboré par Withler et al. (2018) pour évaluer l'incidence relative des différentes mesures de gestion sur les indicateurs de risque génétique (p. ex. INP) pour le saumon chinook. En bref, la production de saumoneaux du système naturel est estimée à l'aide d'une fonction Beverton-Holt, et les taux de survie jusqu'à l'âge adulte et la récolte sont déterminés pour maintenir une population durable compte tenu des niveaux d'exploitation actuels. Les stocks de géniteurs modélisés sont prélevés dans la rivière, la survie et la fécondité en écloserie reflètent les valeurs moyennes de quatre installations de la côte est de l'île de Vancouver, et les effets sur l'adaptabilité associés à la production en écloserie sont modélisés selon les approches du HSRG (HSRG 2009; voir Withler et al. 2018 pour plus de détails).

Pour l'analyse du présent rapport, la taille des stocks de géniteurs et des éclosiers dans le modèle correspondait à la proportion des montaisons dans la rivière utilisée pour le prélèvement pour la fraie en écloserie. Indépendamment, cet ajout entraîne une augmentation de la taille de la population à mesure que la taille de l'écloserie dans le modèle augmente à des niveaux qui dépassent de loin ceux réalisables dans une écloserie réelle (p. ex. géniteurs de plus de 10^{16}). Cette phase initiale est suivie d'un effondrement de la population, car les effets négatifs sur l'adaptabilité sont importants à ces tailles d'écloserie irréalistes. Pour éviter ces dynamiques, nous avons également imposé un plafond sur le nombre maximum de géniteurs prélevés, déterminé par une proportion de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels. Dans l'ensemble, ces modifications mineures au modèle de Withler et ses collaborateurs (2018) produisent deux scénarios pour le prélèvement de stocks de géniteurs :

1. Lorsque l'échappée est suffisamment faible pour que les stocks de géniteurs prélevés dans le cadre de la limite proportionnelle ne dépassent pas le plafond et que la limite proportionnelle établisse la taille des stocks de géniteurs;

2. Lorsque l'échappée est suffisamment importante pour que la limite proportionnelle des stocks de géniteurs dépasse le plafond et que le plafond établisse la taille des stocks de géniteurs.

Cette approche reflète approximativement l'application actuelle de la ligne directrice de 33 % pour l'échappée prélevée comme stock de géniteurs dans le processus de planification de la production du PMVS (Angus Straight, MPO, comm. pers.). Le modèle a été exécuté sur 100 générations simulées pour des limites proportionnelles de stocks de géniteurs allant de 0,05 à 0,50 de l'échappée par incréments de 0,05, et pour des plafonds d'écloserie allant de 0,1 à 0,5 du nombre de géniteurs naturels à l'état d'équilibre.

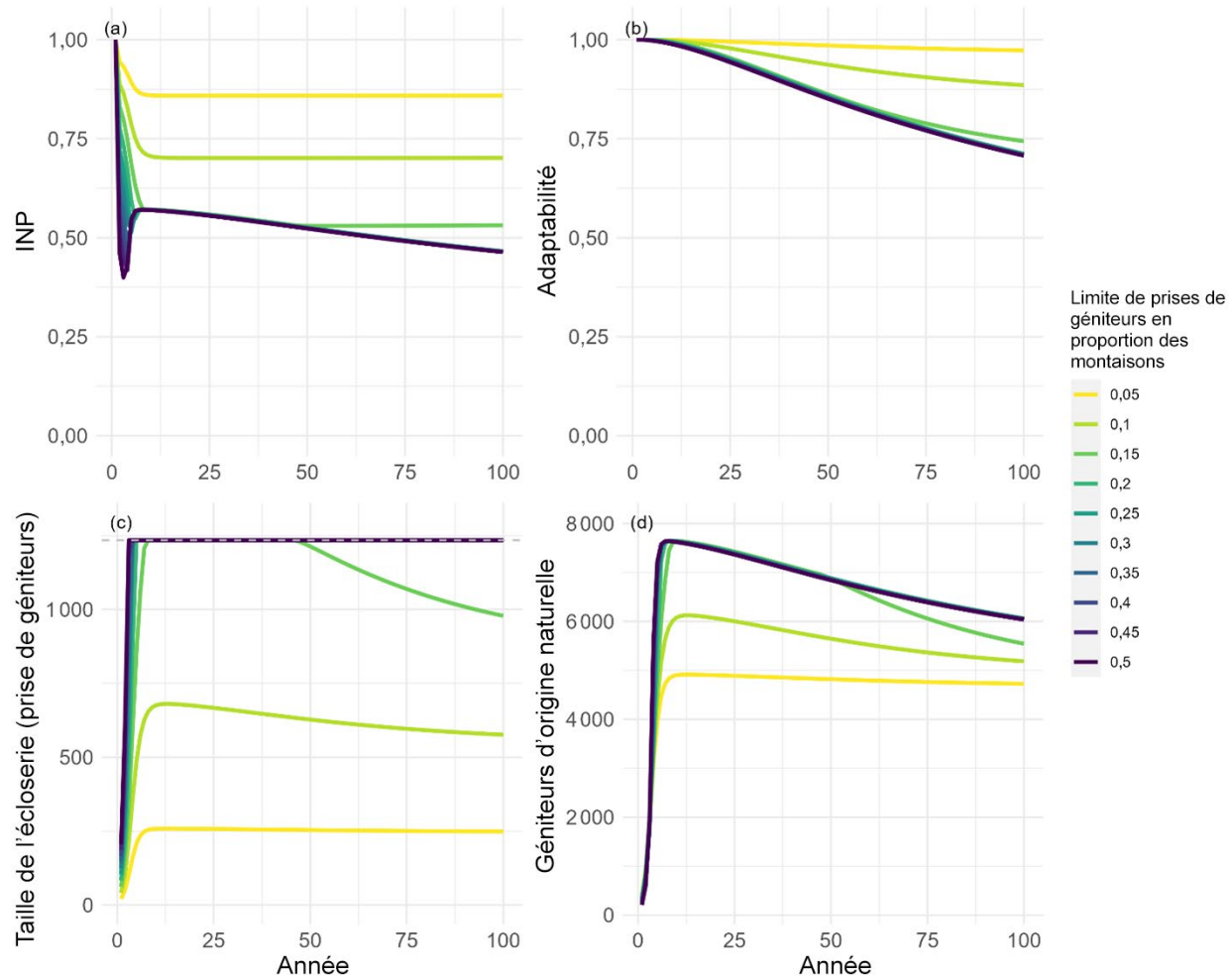


Figure 2. Influence naturelle proportionnelle (INP) modélisée (a), adaptabilité au niveau de la population (b), taille de l'écloserie (c), et abondance des géniteurs naturels (d) sur 100 générations simulées avec une taille d'écloserie maximale (c.-à-d. nombre maximal de géniteurs) de 30 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels dans la population. Les couleurs montrent des courbes pour différentes limites de prélèvement de stocks de géniteurs déterminées par la proportion de l'échappée; à noter que les courbes pour les prélèvements de géniteurs proportionnels se chevauchent essentiellement à plus de 0,15.

Pour illustrer les résultats globaux des modèles, la figure 2 montre l'INP et l'aptitude au niveau de la population avec un plafond d'écloserie fixé à 30 % du nombre de géniteurs naturels à

l'équilibre (des chiffres semblables pour des plafonds d'éclosion de 10 %, de 20 %, de 40 % et de 50 % sont disponibles à l'annexe C). L'INP et l'adaptabilité à long terme semblent être affectées par la limite de prélèvement de stocks de géniteurs en tant que proportion de l'échappée, et à mesure que la limite du prélèvement de stocks de géniteurs augmente, l'INP et l'adaptabilité diminuent, ce qui correspond à l'influence croissante des éclosions dans la population intégrée. Toutefois, après les cinq à dix premières générations de mise en valeur, ces tendances ne sont observées qu'aux limites de prélèvement de stocks de géniteurs les plus faibles considérées (0,05 à 0,15). À ces limites inférieures, la taille de la population n'augmente pas au point que le plafond de l'éclosion (30 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels) devient la limite la plus restrictive pour le prélèvement de stocks de géniteurs. Par conséquent, la taille maximale de l'éclosion dépend de la limite proportionnelle de 0,05 à 0,15 de l'échappée utilisée comme stock de géniteurs, alors qu'à des limites proportionnelles supérieures ou égales à 0,20, la taille maximale des éclosions atteint le plafond et est indépendante de la limite proportionnelle de l'échappée prélevée (il convient de noter que les limites auxquelles cette transition se produit dépendent du pourcentage de géniteurs naturels d'équilibre utilisé pour établir le plafond; voir les figures C1 à C4 à l'annexe C). En d'autres termes, les effets à long terme de la mise en valeur sur l'INP et l'adaptabilité sont plus étroitement liés à la taille de l'éclosion dans tous les cas, et les limites des stocks de géniteurs fondées sur la proportion d'échappée ne sont pertinentes que lorsqu'elles déterminent la taille de l'éclosion.

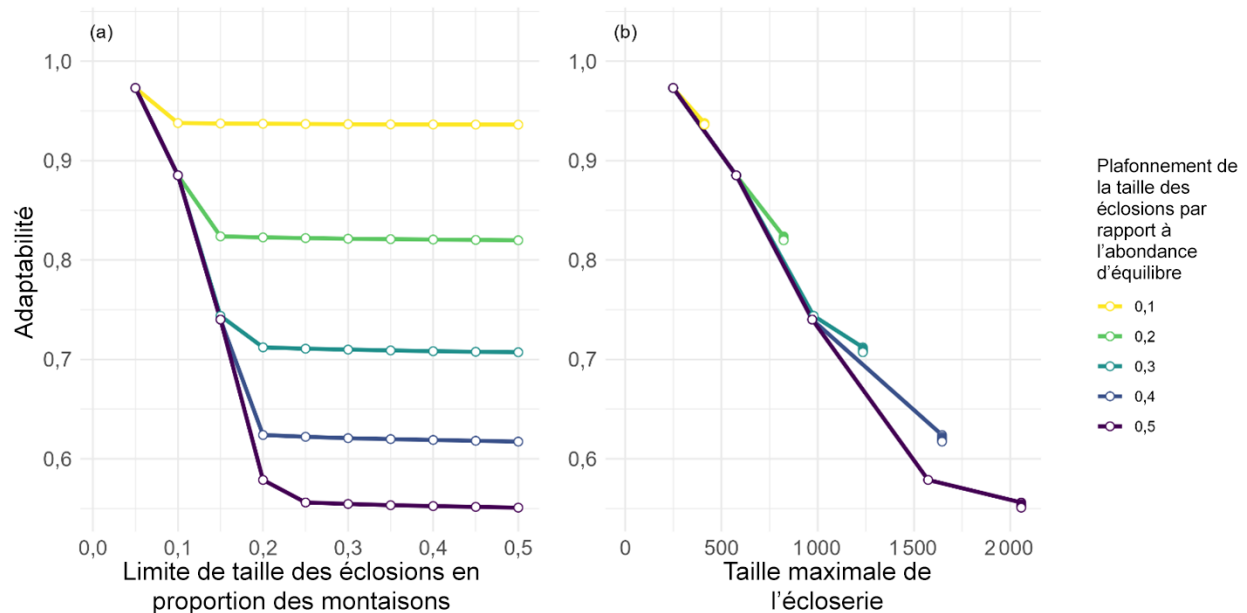


Figure 3. Valeur de l'adaptabilité au niveau de la population après 100 générations de mise en valeur par rapport à la limite sur le prélèvement de stocks de géniteurs en tant que proportion de l'échappée (a), ou à la taille maximale de l'éclosion définie par le nombre maximal de géniteurs (b). Les couleurs représentent des courbes pour différents plafonds d'éclosion établis en tant que proportions de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels de 0,1 à 0,5.

Pour les plafonds de taille des éclosions allant de 10 % à 50 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels, la dépendance des résultats à long terme en matière d'adaptabilité par rapport à la limite proportionnelle de prélèvement de stocks de géniteurs n'est évidente que si la limite est suffisamment basse pour que le plafond ne soit pas atteint (figure 3a). Cela se produit à des limites proportionnelles inférieures à 0,10 à 0,25, en fonction de la taille maximale de

l'écloserie, car les plafonds inférieurs sont atteints avec des proportions d'échappée prélevée comme stock de géniteurs plus faibles. En revanche, les résultats en matière d'adaptabilité après 100 générations suivent de près la taille maximale de l'écloserie dans tous les scénarios modélisés (figure 3b). En outre, pour chacune des cinq valeurs plafond évaluées, il existe des différences négligeables dans les résultats à long terme en matière d'adaptabilité pour toutes les limites proportionnelles de prélèvement de stocks de géniteurs qui permettent d'atteindre le plafond. Par exemple, si le plafond de taille des écloseries est fixé à 30 % de l'abondance à l'état d'équilibre de géniteurs naturels, toutes les limites sur la proportion de l'échappée utilisée comme stock de géniteurs supérieure à 0,15 entraînent une perte proportionnelle à long terme d'adaptabilité légèrement inférieure à 0,30. Cela suggère qu'au cours des premières générations, avant que le plafond d'écloserie ne devienne la limite la plus stricte pour la taille du stock de géniteurs, la proportion de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs n'a pas d'incidence importante sur les résultats à long terme en matière d'adaptabilité. Cependant, ce résultat doit être interprété avec une certaine prudence, car le modèle de Withler *et al.* (2018) est déterministe sans variation aléatoire ou naturelle, et après le début de la mise en valeur à la génération 0, la population augmente de manière prévisible jusqu'à ce que le plafond de l'écloserie soit atteint après un nombre relativement faible de générations.

Sélection des stocks de géniteurs en fonction des marques ou des étiquettes d'écloserie

La contribution relative des géniteurs issus d'écloseries et des géniteurs d'origine naturelle dans une population intégrée peut être gérée au-delà de la proportion de l'échappée utilisée comme stock de géniteurs si les poissons issus d'écloseries sont marqués. Comme il a été souligné précédemment, dans cette situation, l'application directe du cadre de désignation biologique de Withler *et al.* (2018) est préférable à l'utilisation de lignes directrices simplifiées. Cependant, les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique comprennent une ligne directrice pour les situations où les géniteurs issus d'écloseries sont dominants dans l'échappée (c.-à-d. lorsque la $pGIE > 0,5$) :

« Lorsque les poissons d'écloserie identifiables de l'extérieur prédominent la partie de l'échappée accessible pour le prélèvement de stocks de géniteurs, la proportion de poissons d'écloserie utilisée devrait être approximativement l'inverse de leur proportion dans l'échantillon pour assurer une représentation adéquate des poissons sauvages (p. ex. 70 % écloserie, 30 % sauvage dans l'échantillon – le stock de géniteurs devrait comprendre environ 30 % de poissons d'écloserie et 70 % de poissons sauvages). »

Il convient de noter que (1) cette ligne directrice est antérieure à la Politique concernant le saumon sauvage (MPO 2005) et que le terme « sauvage » ci-dessus équivaut à « d'origine naturelle » selon les définitions actuelles; et (2) la représentation proportionnelle des poissons d'écloserie et des poissons d'origine naturelle décrite dans la ligne directrice tient compte du taux de marquage des poissons libérés de l'écloserie. Il convient également de préciser que cette ligne directrice n'utilise pas avec exactitude l'« inverse » des proportions de poissons issus d'écloseries et de poissons d'origine naturelle et dans l'échappée. Au lieu de cela, si la $pGIE$ est la proportion de géniteurs issus d'écloseries dans l'échappée (ou l'échantillon) et la $pGON$ la proportion de géniteurs d'origine naturelle dans l'échappée, alors cette ligne directrice suggère que la proportion de poissons issus d'écloseries dans le stock de géniteurs ($pSIE$) soit de $1 - pGIE$ et que la proportion de poissons d'origine naturelle dans le stock de géniteurs ($pBON$) soit de $1 - pGON$. Il convient de noter que la somme de la $pGIE$ et de la $pGON$ est égale à un par définition et que, par conséquent, cette ligne directrice peut être décrite de

manière plus précise avec la terminologie actuelle comme la ligne directrice « $pBON = pGIE$ ». Cela signifie que l' INP peut être calculée comme suit :

$$INP = \frac{pBON}{pGIE + pBON} = \frac{pBON}{pBON + pBON} \quad (10)$$

L'utilisation de la ligne directrice « $pBON = pGIE$ » pour la sélection des stocks de géniteurs aboutit nécessairement à une INP de 0,50. Pour les populations subissant une forte influence des écloséries, comme une $pGIE$ supérieure à 0,50, il est probable que cette ligne directrice augmente l'influence naturelle au sein de la population intégrée. Toutefois, si la taille globale du stock de géniteurs reste au niveau qui a produit une $pGIE$ supérieure à 0,50, il est probable que la $pGIE$ de la génération suivante restera supérieure à 0,50 sans mesures de gestion supplémentaires. L'application répétée de la ligne directrice « $pBON = pGIE$ » maintiendra une INP de 0,50, mais il convient de souligner que 0,50 est l' INP minimale requise pour une population intégrée-transition et qu'une gestion prudente viserait une INP supérieure à ce minimum. De plus, une désignation ciblée intégrée-sauvage nécessite une INP minimale de 0,80, ce qui ne sera jamais atteint par l'application de cette seule ligne directrice.

Dans l'ensemble, la ligne directrice « $pBON = pGIE$ » n'augmente pas l'influence naturelle au-delà d'une INP de 0,50 et exige le marquage ou l'étiquetage des poissons issus d'écloséries au moment de la sélection des stocks de géniteurs, ce qui permettrait également l'application directe du cadre de désignation biologique complet de Withler *et al.* (2018). Dans ce contexte, l'utilité de ces lignes directrices est minime dans le cadre de la gestion génétique actuelle des populations mises en valeur par le PMVS.

Sélection des stocks de géniteurs en fonction de la variation des traits

Comme la majorité des programmes d'écloséries prélèvent une proportion de l'échappée relativement faible comme stock de géniteurs et que les descendants de ces stocks de géniteurs ont tendance à être surreprésentés dans la génération suivante, le prélèvement ou la fraie biaisé de stocks de géniteurs peut générer des pressions de sélection artificielles sur la population qui éloignent la distribution des traits de ceux qui ont évolué dans l'environnement naturel. Pour maintenir l'état adaptatif naturel des populations mises en valeur, il est essentiel de réduire au minimum l'induction de cette sélection artificielle (Neff *et al.* 2011), ce qui peut être réalisé en maintenant un niveau élevé d'influence naturelle dans la population (c.-à-d. une INP élevée) et en prélevant, dans la mesure du possible, des stocks de géniteurs provenant de l'ensemble de la montaison annuelle et choisi au hasard en ce qui concerne tous les traits et toutes les caractéristiques de la population (McLean *et al.* 2005; CHSRG 2012; DFO 2016).

Les protocoles de prélèvement et de fraie de stocks de géniteurs aléatoires ont été décrits comme des protocoles de fraie génétiquement bénins (Campton 2004), car l'utilisation aléatoire de stocks de géniteurs évite l'imposition délibérée d'une sélection directionnelle (c.-à-d. une approche génétiquement bénigne ou sans danger). Cependant, cette position est remise en question par les preuves évidentes que la fraie naturelle du saumon n'est pas aléatoire, la sélection sexuelle favorisant certains traits plutôt que d'autres (Quinn 2005b; Hankin *et al.* 2009). Les protocoles de fraie aléatoire éliminent ces pressions de sélection observées dans les frayères naturelles, ce qui crée un « manque » de sélection directionnelle par rapport à la fraie naturelle (Quinn 2005a).

La meilleure façon d'illustrer ce phénomène est peut-être de considérer la taille des géniteurs potentiels. En général, dans le cas du saumon du Pacifique, les adultes de grande taille ont un avantage compétitif dans les frayères naturelles, à la fois dans la défense des frayères de haute qualité et dans la compétition directe pour les partenaires potentiels (c.-à-d. accès à des

femelles de plus grande taille et plus fécondes) (Quinn *et al.* 2001; Hankin *et al.* 2009; Berejikian *et al.* 2010). La taille des poissons dans la frayère est liée à l'âge à la montaison, ce qui signifie que ces avantages compétitifs liés à la frayère sont contrebalancés par une exposition supplémentaire à la prédation dans l'océan et l'incapacité de revenir frayer (Quinn *et al.* 2001; Berejikian *et al.* 2010). Cependant, une fois que les adultes migrent avec succès vers l'eau douce et qu'ils sont prélevés comme stock de géniteurs, les pratiques actuelles de fraie en écloserie éliminent la majorité des avantages liés à la taille pour la fraie. Cela améliore ainsi le succès de la fraie des individus plus petits, ce qui peut sélectionner involontairement des tailles plus petites et des âges plus précoces à la montaison (Quinn 2005b; Hankin *et al.* 2009). Une logique semblable peut s'appliquer à d'autres caractéristiques liées à l'adaptabilité chez le saumon du Pacifique (p. ex. taille des œufs). Par conséquent, les tendances générales à des montaisons plus précoces à des tailles plus petites dans de nombreuses populations de saumons du Pacifique ont soulevé des préoccupations quant aux pratiques de fraie aléatoire dans les écloseries (Hankin *et al.* 2009; Ohlberger *et al.* 2018; Oke *et al.* 2020; Devlin *et al.* 2021), d'autant plus que les adultes de petite taille sont des géniteurs moins adaptés, qu'ils sont moins recherchés pour les pêches et qu'ils constituent de moins bonnes proies pour les prédateurs dont la conservation est très préoccupante (p. ex. épaulard résident du Sud) (Oke *et al.* 2020).

Hankin *et al.* (2009) ont modélisé une population de saumon chinook pour imiter la montaison automnale dans la rivière Elk, en Oregon, aux États-Unis, et ont étudié les conséquences de trois protocoles de fraie en écloserie sur la taille et la distribution par âge de la population : (1) fraie aléatoire; (2) fraie aléatoire, à l'exclusion des unibermarins; et (3) fraie, de façon à ce que la taille du mâle dans les paires d'accouplement soit toujours supérieure ou égale à la taille de la femelle. Les deux premiers de ces protocoles ont donné lieu à une sélection en faveur d'un âge plus précoce à la montaison (tailles plus petites dans l'ensemble), tandis que le troisième protocole a produit une distribution de l'âge à la montaison semblable à celle observée dans les populations naturelles. Ces résultats concordent avec l'héritabilité connue de la taille, de l'âge à la montaison et d'autres traits liés à l'adaptabilité du saumon du Pacifique. (Hankin *et al.* 1993; Withler et Beacham 1994b; Silverstein et Hershberger 1995; Heath *et al.* 2002; Funk *et al.* 2005; Devlin *et al.* 2021; McKinney *et al.* 2021; Gamble et Calsbeek, 2023), et a donné lieu à une recommandation selon laquelle les protocoles de fraie qui imitent la fraie naturelle devraient remplacer la fraie aléatoire dans les écloseries (Hankin *et al.* 2009).

La taille des géniteurs est clairement un facteur important dans le succès de la fraie naturelle. Cependant, la recommandation de Hankin *et al.* (2009) est fondée sur une population modélisée plutôt que sur des données empiriques, et de nombreux autres traits sont probablement également affectés par la sélection sexuelle dans l'habitat naturel (Auld *et al.* 2019). Il existe un consensus sur le fait que les protocoles de fraie aléatoire ne reflètent pas avec exactitude la fraie naturelle chez le saumon, et il est probable que la fraie en écloserie ne puisse pas récapituler la fraie dans l'habitat naturel, quel que soit le protocole utilisé (Campton 2005; Quinn 2005a). En outre, malgré les démonstrations de variations transmissibles de traits liés à l'adaptabilité, comme la taille et l'âge à la montaison, chez le saumon du Pacifique (Hankin *et al.* 1993; Withler et Beacham 1994b; Silverstein et Hershberger 1995; Heath *et al.* 2002; Funk *et al.* 2005; Devlin *et al.* 2021; McKinney *et al.* 2021; Gamble et Calsbeek 2023), on sait relativement peu de choses sur l'architecture génétique qui sous-tend la variation de ces traits. Par exemple, des études récentes ont permis d'identifier des haplotypes du chromosome Y ayant des effets importants sur l'âge de maturité chez le saumon chinook mâle (McKinney *et al.* 2020, 2021), ce qui suggère que les protocoles de fraie sélective seraient plus efficaces lorsqu'ils se fondent sur des locus génétiques précis plutôt que directement sur la taille. McKinney *et al.* (2021) ont également mis en garde contre le fait que

les protocoles de fraie sélective fondés sur des traits uniques peuvent avoir des conséquences imprévues si les locus génétiques sous-jacents à la variation du trait sélectionné affectent également la variation d'autres traits liés à l'adaptabilité (c.-à-d. la pléiotropie). En outre, la fraie sélective pour contrer des tendances apparemment mal adaptées dans la distribution d'un trait (p. ex. diminution de la taille ou de l'âge de maturité; Oke *et al.* 2020) nécessite une compréhension complète des pressions sélectives responsables du changement de la distribution du trait, et ce niveau de confiance peut rarement être atteint. En ce qui concerne la diminution de la taille et de l'âge à la montaison, les écloséries peuvent être un facteur contributif, mais ces tendances ont également été observées dans des populations sans mise en valeur au moyen d'écloséries (Ohlberger *et al.* 2018), et d'autres facteurs, comme la sélection par la pêche et les changements environnementaux, peuvent être importants (Bromaghin *et al.* 2011; Oke *et al.* 2020). En effet, certains auteurs ont suggéré que la corrélation la plus étroite avec les tailles plus petites et les âges plus précoces à la montaison chez le saumon chinook est le rétablissement des épaulards résidents du Nord, qui s'attaquent de préférence aux plus gros saumons (Ohlberger *et al.* 2019). Cela pourrait laisser entendre que ces tendances apparemment mal adaptées du saumon du Pacifique ont en fait une valeur adaptative dans certains contextes.

Dans l'ensemble, la modification des protocoles de fraie en éclosérie de manière à ce qu'ils reproduisent plus fidèlement la fraie dans l'habitat naturel présente un intérêt potentiel. Cependant, à l'heure actuelle, on ne possède pas la compréhension approfondie de la fraie naturelle nécessaire pour atténuer les risques associés à la sélection dans les écloséries. Par conséquent, le CHSRG n'a pas approuvé un changement de la fraie aléatoire à la fraie sélective en fonction de la taille (CHSRG 2012). Ils ont plutôt recommandé un essai expérimental de fraie sélective à l'éclosérie nationale de Coleman afin d'évaluer cette possibilité de manière plus approfondie. Aucune recommandation n'a été publiée pour la conception de cet essai (CHSRG 2012). À la connaissance de l'auteur, l'essai recommandé n'a pas été réalisé, ou du moins aucun rapport de l'essai n'a été publié. Il est possible qu'un essai expérimental équivalent soit réalisé dans une éclosérie du PMVS, et les résultats préliminaires d'un effort conceptuellement semblable à l'éclosérie de la rivière Quinsam laissent entendre que l'héritabilité de la taille est suffisamment forte chez le saumon chinook pour que le croisement entre des femelles et des mâles de grande taille produise des descendants de plus grande taille que le croisement entre des femelles et des mâles de petite taille (William Woods, MPO, comm. pers.). Si un essai expérimental complet de fraie sélective en fonction de la taille était envisagé, nous recommanderions l'utilisation d'une population mise en valeur avec une faible *INP*, de sorte que les changements dans les protocoles des écloséries seraient probablement évidents dans la population mise en valeur. Dans ce cas, l'une des principales préoccupations serait l'utilisation d'une population à faible taux d'errance afin de réduire les risques génétiques d'éventuelles errances dans les populations réceptrices. Quoi qu'il en soit, en l'absence de données empiriques indiquant le contraire, l'approche de précaution consiste à maintenir l'utilisation de protocoles de fraie aléatoire qui maximisent la diversité génétique parmi les descendants issus d'écloséries et réduisent au minimum la sélection artificielle intentionnelle dans les populations mises en valeur (HSRG 2004; Campton 2005; CHSRG 2012). Cette approche est non seulement conforme aux lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique (DFO 2016), mais aussi au cadre de désignation biologique élaboré par Withler *et al.* (2018), dans lequel les influences sélectives naturelles sont maintenues dans les populations mises en valeur, de sorte que l'environnement naturel est le facteur dominant qui sous-tend l'adaptation.

Utilisation d'unibermarins dans les stocks de géniteurs

Une exception possible à l'utilisation aléatoire des géniteurs dans le stock de géniteurs est la mesure dans laquelle des unibermarins sont incorporés dans le stock de géniteurs par rapport à leur présence dans l'échappée. Cette exception est un cas rare dans lequel les effets d'un trait sur la dynamique de la fraie sont suffisamment bien compris pour justifier la modification des protocoles de fraie en éclosérie. Les unibermarins sont des mâles qui migrent vers l'eau douce un an plus tôt que les plus jeunes femelles (Berejikian *et al.* 2010). Ces mâles présentent un cycle biologique et une stratégie de fraie particuliers. Les unibermarins participent à la fraie de manière opportuniste en se faulant entre les femelles et les grands mâles (Gross 1991; Fleming et Gross 1994). Cette stratégie biologique des mâles est un phénomène naturel important dans la majorité des espèces de saumon du Pacifique et peut créer une voie vitale pour le flux génétique entre les cohortes dans les espèces qui effectuent autrement leur montaison à un âge précis (p. ex. saumon coho; Smith *et al.* 2015). Le principal avantage du cycle biologique des unibermarins est la réduction de l'exposition à la mortalité dans l'océan avant leur migration vers les frayères. Cependant, les unibermarins ont généralement un succès de fraie réduit par rapport aux mâles plus grands et plus âgés (Berejikian *et al.* 2000; Quinn *et al.* 2001), et ils sont indésirables pour les pêches en raison de leur petite taille (Heath *et al.* 1994). Il existe des preuves que les unibermarins font l'objet d'une sélection négative en fonction de la fréquence (Berejikian *et al.* 2010; DeFilippo *et al.* 2019). En d'autres termes, lorsqu'il y a peu d'unibermarins dans une population, ils réussissent relativement bien à frayer en évitant la forte concurrence avec les mâles plus grands, mais lorsque leur nombre est élevé dans une population, il y a une plus forte compétition entre eux-mêmes pour frayer de manière opportuniste, et ils sont relativement infructueux à cause de la compétition avec les mâles plus grands qu'eux (Berejikian *et al.* 2010). On pense que cette dynamique de sélection contribue à la persistance du cycle biologique des unibermarins dans les populations naturelles malgré leur succès de fraie réduit dans l'ensemble (Berejikian *et al.* 2010; King *et al.* 2023).

Comme nous l'avons vu plus haut, la fraie en éclosérie élimine une grande partie de la dynamique de la fraie naturelle, y compris le désavantage subi par les unibermarins par rapport aux mâles de plus grande taille. Une forte héritabilité a été démontrée pour le cycle biologique des unibermarins (Heath *et al.* 2002; Devlin *et al.* 2021), mais des facteurs génétiques et environnementaux sous-tendent la tendance d'un mâle à effectuer la montaison en tant qu'unibermarin (Carlson et Seamons 2008). Les écloséries peuvent accroître la probabilité de voir des unibermarins, à la fois par des mécanismes génétiques liés à leur surreprésentation parmi les géniteurs fructueux, et par des mécanismes environnementaux liés aux conditions auxquelles les juvéniles sont soumis avant leur mise en liberté. Par exemple, la tendance à effectuer la montaison en tant qu'unibermarin semble être associée à une interaction entre les taux de croissance juvénile élevés et les seuils de taille selon l'âge en début de vie (Larsen *et al.* 2006; Dodson *et al.* 2013; Harstad *et al.* 2014), de telle sorte que les taux de croissance élevés ciblés par les écloséries peuvent accroître la fréquence des unibermarins (Larsen *et al.* 2013, 2019). Par conséquent, même si une éclosérie est associée à une augmentation du nombre d'unibermarins, il peut être difficile de déterminer les pratiques qui sous-tendent cette augmentation. Cependant, l'héritabilité élevée du cycle biologique des unibermarins, combinée à des preuves récentes d'haplotypes du chromosome Y fortement associés à la tendance à effectuer la montaison en tant qu'unibermarin (McKinney *et al.* 2020, 2021) suggèrent que les mécanismes génétiques jouent un rôle important. Par conséquent, la mesure dans laquelle les unibermarins sont utilisés dans les stocks de géniteurs est probablement un facteur important dans la présence d'unibermarins dans la génération suivante.

Les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique recommandent l'utilisation d'unibermarins proportionnellement à leur abondance dans l'échappée, car ces mâles précoces peuvent contenir du matériel génétique important pour la santé à long terme de la population (DFO 2016). Sur la base de la discussion ci-dessus, il est probable que l'application de cette recommandation conduira à une augmentation de la fréquence des unibermarins dans la descendance issue d'écloseries par rapport à la descendance d'origine naturelle. Cela suggère que les unibermarins devraient être utilisés dans les stocks de géniteurs à une fréquence inférieure à leur représentation proportionnelle dans l'échappée (CHSRG 2012). Toutefois, comme l'indiquent les lignes directrices actuelles du PMVS, les unibermarins peuvent être importants pour l'adaptabilité à long terme de la population. Leur exclusion totale des stocks de géniteurs n'est probablement pas non plus souhaitable (Berejikian *et al.* 2010; CHSRG 2012). Idéalement, les unibermarins devraient être incorporés dans le stock de géniteurs à une proportion de leur représentation dans l'échappée qui reflète leur succès de fraie relatif par rapport aux mâles de plus grande taille (CHSRG 2012), bien que cette valeur soit généralement inconnue. Un examen du succès relatif des unibermarins de saumon chinook dans les chenaux de fraie expérimentaux a permis de déterminer que les unibermarins ont engendré 20,3 % de la progéniture malgré le fait qu'ils frayaient avec un nombre semblable de partenaires, comparativement aux mâles de plus grande taille (Berejikian *et al.* 2010). En comparaison, les estimations du succès de fraie relatif des unibermarins du saumon rouge et du saumon coho dans les systèmes naturels sont très variables (de 3 % à 93 % et de 23 % à 96 %, respectivement) (Foote *et al.* 1997; King *et al.* 2023). Ces résultats soulignent qu'au-delà de la nature dépendante de la fréquence du succès de fraie des unibermarins (Berejikian *et al.* 2010), le succès de fraie relatif des unibermarins est probablement variable selon les populations, les années et les conditions environnementales. Il est donc difficile d'utiliser une seule estimation du succès de fraie relatif des unibermarins pour valider leur utilisation proportionnelle dans les stocks de géniteurs.

Le *California Hatchery Review Report* a fourni trois lignes directrices précises pour l'incorporation d'unibermarins dans les stocks de géniteurs (lignes directrices 1.10.1, 1.10.2 et 1.10.3; CHSRG 2012) :

- Pour le saumon chinook, le nombre d'unibermarins à incorporer dans le stock de géniteurs ne doit pas dépasser le moindre des deux nombres suivants : 1) 50 % du nombre total d'unibermarins rencontrés dans l'écloserie; et 2) 5 % du nombre total de mâles utilisés pour la fraie.
- Pour le saumon chinook et le saumon coho, lorsque le nombre de mâles disponibles comme géniteurs est inférieur ou égal à 50, ou lorsque moins de 50 géniteurs sont utilisés pour atteindre des objectifs de programme précis, le nombre acceptable de jeunes de deux ans est illimité.
- Pour le saumon coho, le nombre d'unibermarins à incorporer dans le stock de géniteurs ne doit pas dépasser le moindre des deux nombres suivants : 1) 50 % du nombre total d'unibermarins rencontrés dans l'écloserie; et 2) 10 % du nombre total de mâles utilisés pour la fraie.

Il convient de noter que la deuxième de ces lignes directrices est pertinente dans les situations où le nombre de géniteurs est limité, comme les programmes ayant des objectifs de conservation dans le PMVS, qui seront examinés plus en détail dans la suite du présent rapport. Cette ligne directrice supprime la restriction relative à l'utilisation d'unibermarins principalement pour maximiser le nombre de géniteurs et la taille effective de la population. Les lignes directrices ci-dessus constituent une mise au point des recommandations antérieures du

HSRG, qui proposaient un taux d'utilisation d'unibermarins maximal de 10 % en général et d'au moins 10 % pour le saumon coho (HSRG, 2004). La principale distinction entre le saumon coho et les autres espèces est l'augmentation du pourcentage de mâles totaux qui peuvent être des unibermarins lors de la fraie du saumon coho. Cette augmentation reflète l'âge relativement précis à la montaison chez le saumon coho, la grande majorité des géniteurs retournant en eau douce à l'âge de trois ans (Van Doornik *et al.* 2002). Par conséquent, les unibermarins constituent la principale voie de flux génétique entre les cohortes de saumons coho, et un taux plus élevé d'inclusion dans le stock de géniteurs est justifié pour éviter une différenciation artificielle entre les trois cohortes de fraie (Smith *et al.* 2015).

En l'absence de renseignements sur le succès de fraie relatif des unibermarins au sein d'une population particulière, les lignes directrices proposées par le CHSRG constituent une approche pratique pour prévenir la surreprésentation de la progéniture des unibermarins dans la descendance issue d'écloseries par rapport à la descendance d'origine naturelle tout en conservant des unibermarins dans les stocks de géniteurs d'écloserie dans une mesure raisonnable.

Procédures de fraie de stocks de géniteurs

Au-delà du prélèvement et de la sélection des stocks de géniteurs, d'autres procédures de fraie doivent également être menées avec des considérations génétiques afin de réduire au minimum les risques génétiques associés aux activités de mise en valeur. Il s'agit avant tout d'égaliser, dans la mesure du possible, les contributions des géniteurs individuels à la génération suivante (Allendorf 1993; Neff *et al.* 2011; Fisch *et al.* 2015). Cette égalisation offre plusieurs avantages génétiques, y compris la minimisation de la sélection involontaire parmi les géniteurs et la maximisation de la diversité génétique parmi les juvéniles libérés. De plus, cette pratique évite d'exacerber la surreprésentation des géniteurs d'écloserie individuels par rapport aux géniteurs naturels dans la génération suivante, et réduit ainsi les répercussions négatives sur la taille effective de la population intégrée et la probabilité de consanguinité, particulièrement lorsque la taille de l'écloserie est relativement importante comparativement à la composante de fraie naturelle de la population (Anderson *et al.* 2020).

La méthode la plus simple pour égaliser les contributions des géniteurs individuels consiste à accoupler les femelles et les mâles dans une fraie 1:1 ou dans toute conception de fraie semblable où la contribution de chaque géniteur est équivalente à celle d'une fraie 1:1 (HSRG 2004; CHSRG 2012; Fisch *et al.* 2015). Par exemple, les œufs de deux femelles (A et B) peuvent être divisés en deux lots égaux, puis la laitance de deux mâles différents (E et F) peut être utilisée indépendamment pour féconder un lot de chacune des femelles (tableau 4). Cette pratique est connue sous le nom de fraie matricielle (dans cet exemple avec une matrice 2×2). Dans une matrice comportant un nombre égal de femelles et de mâles, les contributions de chaque géniteur sont équivalentes à celles d'une conception de fraie 1:1 (c.-à-d. que chaque mâle féconde les œufs de l'équivalent d'une femelle), mais un plus grand nombre de familles contribuent au bassin de descendants.

Tableau 4. Exemple de fraie matricielle 2×2.

		Femelles	
		A	B
Mâles	E	AE	BE
	F	AF	BF

Quatre familles sont générées dans la conception de fraie présentée dans le tableau 4. Si les mêmes géniteurs étaient utilisés dans une conception de fraie 1:1, deux familles seraient générées (p. ex. AE et BF selon le tableau 4), et ces familles seraient environ deux fois plus grandes que les familles de l'exemple de fraie matricielle 2x2. Si l'on considère les bassins complets de descendants potentiels, dans la fraie 1:1, chaque descendant serait un frère ou une sœur à part entière de 50 % du bassin, tandis que dans la fraie matricielle 2x2, chaque descendant serait un frère ou une sœur à part entière de 25 % du bassin et un demi-frère ou une demi-sœur de 50 % du bassin. Malgré l'augmentation globale des relations entre frères et sœurs dans l'ensemble de la progéniture de la fraie matricielle, la diminution de la proportion de frères et sœurs à part entière entraîne une augmentation de la diversité génétique parmi la progéniture, une diminution de la parenté au fil du temps et une augmentation de la taille effective de la population (Engström *et al.* 1996; Fiumera *et al.* 2004; Dupont-Nivet *et al.* 2006; Busack et Knudsen 2007).

La fraie matricielle peut être un fardeau logistique par rapport aux protocoles de fraie 1:1, particulièrement dans les grandes lignes de production en éclosion, mais la fraie matricielle produira toujours une plus grande diversité génétique parmi les descendants des géniteurs comparativement à une fraie 1:1. Deux questions essentielles se posent donc : (1) quelles sont les pratiques exemplaires pour la fraie matricielle; et (2) quand les avantages de la fraie matricielle valent-ils les défis logistiques supplémentaires dans l'éclosion?

Les augmentations de la diversité génétique et de la taille effective de la population obtenues grâce à la fraie matricielle sont d'autant plus importantes que les dimensions de la matrice augmentent. En d'autres termes, par exemple, une matrice 8x8 produit une plus grande diversité génétique qu'une matrice 4x4, et une matrice 4x4 produit une plus grande diversité génétique qu'une matrice 2x2 (Busack et Knudsen 2007). Le tableau 5 présente les résultats d'une matrice 4x4 pour illustrer cet effet de manière simplifiée par rapport aux résultats d'une matrice 2x2 présentés dans le tableau 4.

Tableau 5. Exemple de fraie matricielle 4x4.

		Femelles			
		A	B	C	D
Mâles	E	AE	BE	CE	DE
	F	AF	BF	CF	DF
	G	AG	BG	CG	DG
	H	AH	BH	CH	DH

Dans la matrice 4x4, chaque descendant est un frère ou une sœur à part entière de 6,25 % du bassin de progéniture et un demi-frère ou une demi-sœur de 37,5 % du bassin. Pour comparer directement cette conception à la matrice 2x2, il est nécessaire de considérer deux matrices 2x2, de sorte que le nombre de géniteurs soit de quatre femelles et de quatre mâles dans les deux cas. Dans les résultats de deux matrices 2x2, chaque descendant est un frère ou une sœur à part entière de 12,5 % du bassin de progéniture et un demi-frère ou une demi-sœur de 25 % du bassin. Encore une fois, la diminution du nombre de frères et de sœurs à part entière suffit à accroître la diversité génétique parmi la progéniture de la matrice 4x4. Bien que ce phénomène se poursuive à mesure que les dimensions de la matrice augmentent, les matrices de dimensions plus élevées deviennent rapidement irréalisables dans une situation d'éclosion réelle. À cet égard, la diversité génétique n'augmente pas de façon linéaire avec la

taille de la matrice, de sorte que l'augmentation des dimensions de la matrice a un rendement décroissant (Fiumera *et al.* 2004; Busack et Knudsen 2007).

En ce qui concerne le nombre effectif de reproducteurs contribuant à la taille effective de la population, Busack et Knudsen (2007) ont modélisé l'avantage de la taille de la matrice par rapport à un accouplement factoriel complet d'un stock de géniteurs entier de jusqu'à 120 femelles et 120 mâles. (c.-à-d. lorsque tous les géniteurs se sont accouplés avec chaque géniteur du sexe opposé). Une conception de fraie matricielle 5×5 a permis d'obtenir jusqu'à 80 % de l'avantage factoriel total, tandis qu'une conception de fraie matricielle 10×10 n'a donné lieu qu'à une amélioration relativement faible, passant de 80,0 % à 92,8 %. Cela suggère que la fraie matricielle avec des dimensions supérieures à 5×5 n'est probablement pas suffisamment bénéfique pour justifier les défis logistiques associés à des dimensions plus élevées. En effet, les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique proposent un maximum de quatre femelles dans une matrice à des fins pratiques (DFO 2016), ce qui suggère que même une matrice comprenant cinq femelles constitue un défi important. Dans ce contexte, il est important de noter que Busack et Knudsen (2007) ont également démontré que l'utilisation même d'une fraie matricielle 2×2 permettait d'obtenir jusqu'à 45,6 % de l'avantage factoriel total pour le nombre effectif de reproducteurs dans le stock de géniteurs, ce qui indique que la plus petite matrice possible avec un nombre égal de femelles et de mâles peut produire une augmentation significative de la taille effective de la population.

Malgré les avantages constants de la fraie matricielle pour la diversité génétique par rapport à la fraie 1:1, même pour les petites tailles de matrice, pour les écloséries qui mettent en valeur de grandes populations de saumon du Pacifique (p. ex. les lignées issues d'écloséries du PMVS avec des objectifs de récolte), l'avantage de tout gain de diversité génétique associé à la fraie matricielle peut être relativement mineur (CHSRG 2012), en particulier si l'on tient compte des défis supplémentaires associés à la fraie matricielle lorsque le stock de géniteurs est important. La démonstration de ce point nécessite un examen plus détaillé de la perte aléatoire de variantes génétiques compte tenu de la taille effective de la population. Il y a trois seuils généralement reconnus pour la taille effective de la population (N_e) en ce qui concerne le maintien de la diversité génétique : (1) N_e supérieur à 50 pour éviter la dépression de consanguinité et prévenir un « vortex d'extinction »; (2) N_e supérieur à 500 pour maintenir une variation génétique additive; et (3) N_e supérieur à 5 000 pour maintenir une variation quasi neutre et permettre l'établissement de nouvelles mutations (Frankel et Soulé 1981; Lande 1995; CHSRG 2012). En effet, la « règle des 50/500 » est un principe bien établi dans la gestion de la conservation (Franklin 1980; Jamieson et Allendorf 2012, mais voir Frankham *et al.* 2014). Il n'y a pas de méthode simple pour estimer le N_e d'une population de saumon à partir de la taille de recensement de la population (N_c), et le N_e peut être considérablement inférieur au N_c pour les populations sauvages (Frankham 1995; Ferchaud *et al.* 2016). Les méthodes génétiques permettent d'estimer le nombre effectif de reproducteurs (N_r) dans une échappée (voir Waples 2006; Waples et Do 2008; Wang 2009; Waples 2024), et la taille effective de la population peut être calculée comme suit :

$$N_e = g \times N_r \quad (10)$$

où g est l'âge moyen au moment de la fraie ou le temps de génération (Waples 1990). Par ailleurs, si les estimations de N_r sont disponibles annuellement sur le temps de génération, N_e peut être calculé comme la somme des estimations de N_r (Withler *et al.* 2014). Quoi qu'il en soit, les estimations génétiques de N_r ne sont pas disponibles pour de nombreuses populations mises en valeur par le PMVS, et les estimations de la relation entre N_e et N_c sont généralement très variables chez les salmonidés. Par exemple, pour la truite arc-en-ciel (*O. mykiss*), les

estimations de N_e/N_c varient de 0,17 à 0,40 dans une population de l'Oregon (Araki *et al.* 2007b) et de 0,53 ou 0,73 dans une population de l'État de Washington selon la méthodologie (Ardren et Kapuscinski 2003). Par ailleurs, une étude portant sur dix populations de saumon de l'Atlantique (*Salmo salar*) a évalué la relation entre les valeurs N_e estimées génétiquement et les estimations de la taille des populations recensées (Ferchaud *et al.* 2016), et a révélé que la moyenne de N_e/N_c pour l'ensemble des populations était de 0,22. Cependant, encore une fois, cette valeur était très variable entre les populations (0,11 à 0,54), avec une variance de 19 % dans les estimations de N_e/N_c entre les années seulement. Dans l'ensemble, ces résultats suggèrent une plage relativement semblable de valeurs N_e/N_c entre les études (de 0,1 à 0,5, environ), mais comme la variation entre les populations varie de deux à cinq fois entre les études, il serait inexact d'appliquer naïvement ces ratios à une population inconnue de saumons du Pacifique. Pourtant, même les estimations les plus faibles de ce ratio suggèrent que, dans de nombreux cas, le N_e des grandes populations bénéficiant d'une mise en valeur par écloserie est probablement suffisamment supérieur au seuil de $N_e > 500$ pour que les conceptions de fraie en écloserie 1:1 ne présentent pas de risque important pour le maintien de la variation génétique additive au sein de la population.

Les géniteurs mâles individuels peuvent également être surreprésentés parmi la progéniture des écloseries en raison des protocoles par lesquels la laitance est combinée aux œufs. La laitance prélevée sur différents mâles n'a pas un même rendement en ce qui concerne le succès de fécondation en raison de la compétition spermatique et d'autres facteurs (Gharrett et Shirley 1985; Withler 1988; Withler et Beacham 1994a; Gile et Ferguson 1995; Campton 2004). Par conséquent, si la laitance de plusieurs mâles est ajoutée aux œufs de plusieurs femelles, ce qui a toujours été une pratique courante (Campton 2004), il est très probable que les spermatozoïdes d'un nombre relativement faible de mâles fécondent la majorité des œufs de toutes les femelles. Cette dominance est observée de façon constante, que la laitance de différents mâles soit ajoutée simultanément ou séquentiellement à un groupe d'œufs (Withler et Beacham 1994a). Par conséquent, il est préférable que la laitance d'un seul mâle soit ajoutée aux œufs d'une femelle (ou à un lot d'œufs dans le cadre d'une fraie matricielle) (HSRG, 2004; DFO 2016). La possibilité de cryoconservation de la laitance peut donner lieu à des préoccupations semblables si la laitance d'un mâle est à la fois utilisée directement dans la fraie et cryoconservée pour une utilisation ultérieure; la progéniture du mâle devient surreprésentée au fil des années d'éclosion, la parenté augmente dans l'ensemble, et les demi-frères et sœurs peuvent s'accoupler si les années de montaison se chevauchent entre les descendants des différentes années d'éclosion. Pour les lignées issues d'écloseries ayant des cibles de production importantes, il peut être difficile de séparer les œufs de différentes femelles avant l'ajout de la laitance. Dans ce cas, il est possible d'éviter la dominance d'un mâle en particulier lors de la fécondation en mettant en commun les œufs d'un groupe de femelles, en divisant le groupe en un nombre de lots équivalent au nombre de femelles contribuant aux œufs du groupe, et en fécondant chaque lot avec la laitance d'un mâle différent (voir les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique; DFO 2016). Ce protocole n'invalide aucun des principes qui sous-tendent les pratiques exemplaires décrites ci-dessus.

L'une des préoccupations concernant l'utilisation d'un seul mâle pour féconder un groupe d'œufs est la perte complète du groupe en raison de l'infécondité du mâle (Fiumera *et al.* 2004; Busack et Knudsen 2007). Cette préoccupation peut être atténuée par l'application stricte des techniques exemplaires de fraie en écloserie. Une autre technique utilisée dans certains cas est l'ajout séquentiel de la laitance de deux mâles. Les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique comprennent une stratégie recommandée pour cette pratique afin de réduire au minimum les effets négatifs potentiels en ce qui concerne la dominance d'un mâle en particulier, qui comprend des directives selon lesquelles la laitance d'un autre mâle doit

toujours être utilisée en premier pour tout groupe d'œufs (DFO 2016). Cette recommandation est à la fois logique et scientifiquement valable si un protocole séquentiel est jugé nécessaire, mais il convient de souligner que ces modifications mineures du protocole ne changent pas le fait que les pratiques exemplaires génétiques évitent de mélanger la laitance pendant la fraie. Sur la base des descriptions des plans de gestion de la santé des poissons du PMVS, certaines écloséries ont élaboré d'autres stratégies intrigantes pour l'ajout de laitance aux œufs. Par exemple, à l'éclosérie de la rivière Conuma, les œufs de trois femelles de saumon chinook sont placés dans un bac divisé, puis les œufs de chaque femelle sont fécondés avec la laitance d'un mâle différent. Après un bref intervalle, le diviseur est retiré, et tous les œufs et la laitance sont mélangés. Ces pratiques peuvent constituer une solution intermédiaire dans laquelle les contributions génétiques des mâles individuels demeurent relativement égales, mais où les conséquences potentielles de l'infécondité masculine sont atténuées. Cela dit, les résultats génétiques des pratiques non standard sont inconnus et devraient être testés avant d'être pleinement approuvés.

Le maintien de contributions égales entre les géniteurs dans une éclosérie peut se heurter à l'inégalité du sex-ratio dans l'échappée, et donc dans un stock de géniteurs sélectionné de manière aléatoire. Un sex-ratio inégal créera nécessairement des contributions génétiques inégales entre les géniteurs femelles et mâles, à moins que les individus du sexe le plus abondant soient exclus; les géniteurs du sexe le moins abondant apporteront une contribution proportionnellement plus importante à la progéniture de l'éclosérie. Les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique offrent des pratiques exemplaires pour la fraie lorsque les sex-ratios des stocks de géniteurs sont inégaux (DFO 2016). Il s'agit principalement de fraie matricielle avec des dimensions inégales qui reflètent le ratio entre les femelles et les mâles dans le stock de géniteurs (voir un exemple pour un ratio femelle:mâle de 3:2 dans le tableau 6).

Tableau 6. Exemple de fraie matricielle pour un sex-ratio inégal. Pour un ratio femelle:mâle de 3:2 dans le stock de géniteurs, une matrice 2×3 est utilisée.

		Femelles		
		A	B	C
Mâles	E	AE	BE	CE
	F	AF	BF	CF

Malgré l'application de ces lignes directrices, le nombre effectif de reproducteurs sera inférieur à celui d'un prélèvement équivalent de géniteurs ayant un sex-ratio égal (Frankham 1995). Cette perte de taille effective de la population (N_e) est progressive jusqu'à ce que le sex-ratio devienne considérablement asymétrique. Par exemple, en supposant un accouplement aléatoire, un sex-ratio de 70:30 produit un N_e qui représente environ 84 % du N_e d'un sex-ratio de 50:50, alors que pour un sex-ratio de 90:10, le N_e tombe à 36 % du N_e d'un sex-ratio de 50:50 (Tave 1984). Par conséquent, jusqu'à ce que le sex-ratio devienne plus asymétrique qu'un ratio de 70:30, toute mesure potentielle visant à égaliser les femelles et les mâles dans le stock de géniteurs peut ne présenter qu'un gain limité, mais lorsque le sex-ratio est fortement asymétrique, il est probablement avantageux d'égaliser la représentation des sexes parmi les géniteurs d'éclosérie (Tave 1984), tant que ces mesures n'entraînent pas une augmentation substantielle de l'asymétrie du sex-ratio parmi les géniteurs naturels (c.-à-d. que le stock de géniteurs représente une faible proportion de l'échappée).

Une dernière considération importante concernant l'égalisation de la contribution génétique du stock de géniteurs parmi les descendants des écloséries est que l'égalisation des contributions au moment de la fraie ne produira pas nécessairement des contributions égales parmi les

poissons relâchés des écloseries. La variation de la fécondité des femelles, du succès de la fécondation et de la survie parmi les familles ajoutera une variation de la contribution génétique après le choix d'une conception d'accouplement et le jumelage des partenaires. Par conséquent, l'approche la plus efficace pour égaliser les contributions génétiques des géniteurs parmi les poissons relâchés des écloseries consiste à normaliser la taille des familles aux étapes du processus de production proches de la mise en liberté des juvéniles (Neff *et al.* 2011). Cette approche peut souvent s'avérer difficile sur le plan logistique, car elle nécessite de maintenir les familles séparées pendant la majeure partie de leur séjour dans l'écloserie. Malgré cela, la réduction des risques associés à un lien de parenté élevé entre les poissons relâchés des écloseries peut valoir le défi logistique, particulièrement dans les programmes de conservation où la taille des populations est habituellement faible et où relativement peu de familles peuvent constituer le stock de géniteurs.

Objectifs de conservation et équilibre des risques génétiques concurrents

Les écloseries ayant des objectifs de conservation ou de rétablissement peuvent souvent faire face à des risques génétiques concurrents qui compliquent la planification et la gestion de la contribution accrue au sein de la population intégrée. Le défi fondamental est la dichotomie entre le désir de maintenir ou d'augmenter l'abondance des géniteurs naturels au moyen de la mise en valeur en écloserie, et la nécessité de maintenir l'état adaptatif naturel de la population de sorte qu'après le rétablissement, la population soit en bonne santé et autonome dans l'habitat naturel. Comme l'a souligné le HSRG, une étape nécessaire pour relever ces défis consiste à établir des seuils quantitatifs pour la transition entre les phases de conservation et de rétablissement qui établissent la pondération relative des différents risques génétiques (et autres) (HSRG 2020).

La taille effective d'une population mise en valeur avec un objectif de conservation jouera un rôle important dans la détermination des pratiques exemplaires en matière de prélèvement et de fraie des stocks de géniteurs. Si N_e est inférieur à 50, alors une forte parenté entre les géniteurs signifie que la consanguinité est probable (Franklin 1980). La consanguinité accroît davantage le lien de parenté entre les descendants, ce qui entraîne de nouvelles réductions du N_e dans un cycle de rétroaction positive. C'est ce qu'on appelle un « vortex d'extinction », qui se traduit par une diversité génétique extrêmement faible, exposant la population à un risque élevé de disparition (Gilpin et Soulé 1986). Les populations auparavant abondantes dont le nombre de géniteurs diminue pour atteindre un N_e de 50 ou moins sont manifestement très préoccupantes sur le plan de la conservation. La dérive génétique (c.-à-d. le hasard) joue un rôle important dans les changements génétiques au sein de ces populations, et la sélection est relativement inefficace (Adkison 1995). Dans ces scénarios, la principale préoccupation en matière de conservation est le maintien de la diversité génétique par l'augmentation de la taille effective de la population (HSRG 2017, 2020). Il convient de noter qu'il existe de nombreuses populations sauvages de saumons du Pacifique qui sont stables au fil du temps et dont le N_e de géniteurs est extrêmement faible. Il peut s'agir de l'état naturel de ces populations, et l'adaptation est probablement facilitée dans une certaine mesure par un éloignement naturel avec les autres populations. (Slatkin 1985; Milner et Bailey 1989). Cependant, ces populations restent génétiquement vulnérables face à un environnement en évolution. À faible N_e (p. ex. moins de 50), les écloseries peuvent jouer un rôle qui, à certains égards, est à l'opposé des risques habituels de surreprésentation des géniteurs d'écloserie. Le prélèvement d'une grande proportion de l'échappée comme stock de géniteurs peut entraîner non seulement un renforcement démographique de la population, mais aussi une égalisation des contributions génétiques parmi les géniteurs par rapport à celles attendues si le stock de géniteurs avait frayé dans l'habitat naturel (Hedrick *et al.* 2000; O'Reilly et Kozfkay 2014; Berejikian et Van Doornik

2018). Par conséquent, la production en écloserie peut entraîner une augmentation de la taille effective de la population, en particulier par l'application de la fraie matricielle, au coût de fortes influences sélectives des écloséries dans la population. Ce coût est atténué dans une certaine mesure en raison de la forte influence de la dérive génétique à ces tailles de population, peu importe l'équilibre entre les géniteurs issus d'écloséries et les géniteurs naturels. Il est important de noter que cet argument ne signifie pas que les influences naturelles ne sont pas pertinentes dans les écloséries de conservation, mais plutôt que la perte de diversité génétique et la probabilité de consanguinité sont les principaux risques pour la génétique de la population. Conformément à cette conclusion, les avantages potentiels d'une influence relativement élevée des écloséries dans les programmes de conservation sont reconnus dans les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique (DFO 2016) :

Pour les populations en processus de rétablissement actifs : Les prélèvements de géniteurs peuvent comprendre jusqu'à 50 % des géniteurs en montaison, en particulier si l'habitat est très pauvre, ce qui entraîne une production sauvage médiocre. Au fur et à mesure que les populations diminuent, du point de vue génétique, il peut être préférable d'utiliser tous les géniteurs disponibles comme stock de géniteurs. Cependant, cette stratégie comporte le risque de perte catastrophique de toute la population en cas de problème à l'écloserie.

Lorsque la majorité de l'échappée est prélevée comme stock de géniteurs et que la taille effective de la population mise en valeur est faible, les protocoles de fraie visant à réduire au minimum la consanguinité et à maximiser la diversité génétique parmi la progéniture deviennent encore plus critiques. Au-delà des approches normalisées décrites plus haut dans le présent rapport, il est possible de génotyper tous les géniteurs dans les programmes de conservation, ce qui permet d'utiliser la généalogie des géniteurs pour éclairer l'accouplement dans le cadre du programme (Fraser 2008; O'Reilly et Kozfkay 2014). Des efforts considérables peuvent être nécessaires pour produire et tenir à jour cette information dans un délai qui permette d'éclairer la sélection des couples avant la fraie. Toutefois, une stratégie fondée sur la généalogie est l'option la plus efficace pour maximiser la diversité génétique au fil du temps (Tave 1984; Fraser 2008; O'Reilly et Kozfkay 2014) et a été employée efficacement par le PMVS dans les phases initiales du programme de rétablissement du saumon rouge du lac Cultus au début des années 2000 (Ackerman *et al.* 2014).

L'utilisation de laitance cryoconservée dans ces scénarios de conservation extrêmes présente des avantages potentiels. Malgré le risque de surreprésentation des géniteurs mâles individuels mentionné plus haut, la laitance cryoconservée peut accroître la diversité génétique parmi les géniteurs contribuant à une année d'éclosion, en particulier si le nombre de géniteurs mâles est limité (Bøe *et al.* 2021). Les risques associés à la surreprésentation peuvent être quelque peu atténués par l'utilisation de l'information génétique pour guider la sélection des paires dans les stocks de géniteurs. De plus, la cryoconservation de la laitance établit une banque de variations génétiques qui offre une protection contre une perte future de la population. Si la laitance est prélevée sur des mâles d'origine naturelle ou sur des mâles avant la présence d'une forte influence des activités d'écloserie, l'utilisation de la laitance conservée peut également accroître les influences naturelles dans un stock de géniteurs (Ackerman *et al.* 2014; Withler *et al.* 2014). Toutefois, l'incorporation de laitance cryoconservée après de longues périodes de stockage peut poser un problème : l'introduction de variations génétiques reflétant un état antérieur de la population qui n'est plus adapté aux conditions actuelles. L'adaptation à partir d'une variation génétique de longue date peut se faire rapidement, en particulier en réponse à un changement environnemental (Barrett et Schluter 2008), ce qui justifie cette préoccupation. Cependant, dans le contexte d'un risque élevé de consanguinité et d'une perte aléatoire de variation génétique

lorsque la taille effective de la population approche 50, il est probable que les avantages d'une augmentation de la diversité des géniteurs l'emportent sur les risques d'introduction d'une variation qui a perdu sa valeur adaptative dans les conditions actuelles.

Compte tenu de l'importance accordée à la diversité génétique au sein de la population dans les populations préoccupantes sur le plan de la conservation, en particulier lorsque le N_e est extrêmement faible (p. ex. $N_e < 50$), il est tentant d'envisager des transplantations de géniteurs provenant d'autres populations afin d'accroître la taille effective et la taille de recensement de la population. Les pratiques exemplaires générales pour la mise en valeur du saumon du Pacifique sont claires. Par exemple, les stocks de géniteurs devraient être choisis parmi les stocks locaux adaptés au bassin et présentant des caractéristiques de cycle biologique appropriées pour les objectifs du programme (ligne directrice 1.1.1. dans CHSRG 2012), ce qui est repris par l'encadrement des objectifs de production locale et le prélèvement de stocks de géniteurs qui représentent adéquatement l'ensemble de la population de donneurs dans les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique (DFO 2016). Même dans un contexte de conservation axé sur la diversité génétique au sein de la population, la transplantation de poissons provenant d'autres populations est probablement à considérer comme une option de dernier recours sur le plan génétique, et il serait nécessaire de réduire au minimum la différenciation génétique entre la population préoccupante sur le plan de la conservation et la population d'origine des individus transplantés. La transplantation d'individus peut sans aucun doute accroître la diversité génétique au sein d'une population réceptrice, mais si la population source des individus transplantés n'est pas très semblable sur le plan génétique à la population réceptrice, alors toute augmentation de la diversité se ferait au détriment de la variation entre les populations et de l'intégrité génétique. De plus, si les transplantations introduisent des variations substantiellement différentes au niveau de la population préoccupante, la pratique peut augmenter le nombre de saumons dans l'habitat, mais la mesure dans laquelle la population génétique originale est conservée peut être relativement faible (Anderson *et al.* 2014). En outre, les saumons locaux sont très probablement mieux adaptés à leur habitat local que les saumons provenant d'autres habitats étrangers (Fraser *et al.* 2011) et en théorie, les transplantations pourraient conduire à une dépression consécutive à des croisements distants (Allendorf et Waples 1996, bien qu'il y ait peu de données probantes sur la dépression consécutive à des croisements distants chez le saumon sauvage du Pacifique; Dann *et al.* 2010; Lehnert *et al.* 2014). Ces deux facteurs pourraient constituer une menace pour la viabilité à long terme de la population après que les poissons transplantés se seront croisés avec les poissons locaux. Dans l'ensemble, les géniteurs transplantés peuvent être utiles dans les populations dont la conservation est extrêmement préoccupante, mais les risques génétiques associés aux transplantations sont suffisamment élevés pour justifier une approche de précaution.

Contrairement aux populations dont le N_e est inférieur à 50, dans les populations dont le N_e est supérieur à 500, la consanguinité est relativement improbable, et la variation génétique additive est généralement stable (c.-à-d. que la perte de la majorité des variantes génétiques par hasard est improbable; Franklin 1980). Dans ces cas, la sélection est relativement efficace, et le maintien des influences sélectives naturelles dans la population intégrée est essentiel pour l'adaptabilité et la productivité à long terme au niveau de la population (Withler *et al.* 2018). Comme indiqué précédemment dans le présent rapport, il est essentiel de prélever des stocks de géniteurs dans une proportion de l'échappée conforme aux objectifs du programme d'écloserie et d'éviter d'exacerber la surreprésentation d'un nombre relativement faible de géniteurs d'écloserie afin d'empêcher une diminution du N_e induite par l'écloserie. Entre un N_e inférieur à 50 et un N_e supérieur à 500, les types de risques présents pour la génétique de la population ne changent pas, mais la hiérarchisation de ces risques en ce qui concerne la mise

en valeur en éclosion change, car le risque dominant passe de la perte de diversité génétique au sein de la population par des processus neutres à la perte de l'adaptabilité naturelle de la population par la sélection induite par l'éclosion (c.-à-d. processus adaptatifs).

La discussion ci-dessus est valable lorsque la taille effective de la population est entre 50 et 500 et qu'il y a un changement du risque génétique dominant. En réalité, cette transition est continue à mesure que N_e augmente ou diminue, de sorte que de nombreux facteurs contextuels peuvent déterminer l'utilisation la plus appropriée de la production en éclosion pendant le rétablissement de la population (p. ex. état de l'habitat, capacité des écloseries et autres considérations relatives à l'abondance de la population). Par conséquent, nous ne prescrivons pas de seuil recommandé pour la hiérarchisation des priorités relatives des différents risques génétiques en général et, conformément aux recommandations du HSRG, nous suggérons que ces seuils soient élaborés dans le cadre d'une approche de gestion intégrée (HSRG 2017, 2020). De plus, si l'on ne fait pas attention, la « règle des 50/500 » peut facilement être mal appliquée, car une taille de population suffisante pour stabiliser la variation génétique additive peut ne pas être équivalente à une taille de population viable minimale, en partie en raison des échelles temporelles pendant lesquelles les processus génétiques se produisent (Jamieson et Allendorf 2012), et les N_e seuils de 50 et de 500 font également l'objet d'un débat en ce qui concerne la viabilité à long terme (Rieman et Allendorf 2001; Frankham *et al.* 2014; Pérez-Pereira *et al.* 2022). Toutefois, à titre d'exemple, le HSRG a fourni une démonstration d'un déclencheur quantitatif possible pour la transition entre la phase de recolonisation et la phase d'adaptation locale du rétablissement, soit un N_e observé supérieur à 200 (HSRG 2020).

Une mise en garde importante à propos de la définition des seuils pour la hiérarchisation des risques génétiques est la reconnaissance qu'il n'existe pas de méthode simple pour convertir l'estimation d'une taille de recensement de population en une estimation de la taille effective de la population de saumon du Pacifique, comme il a été évoqué dans une section précédente du présent rapport. Il existe des méthodes génétiques établies pour estimer le nombre effectif de reproducteurs dans une population sauvage (Waples et Do 2008), qui peut ensuite être converti en taille effective de la population. Ces méthodes ont été appliquées précédemment avec succès dans des populations préoccupantes sur le plan de la conservation et mises en valeur par le PMVS (p. ex. saumon rouge des lacs Cultus et Sakinaw, et saumon chinook d'été de la rivière Puntledge; Ackerman *et al.* 2014; Withler *et al.* 2014; Wetklo *et al.* 2020). Dans le but d'établir des approches communes entre les programmes d'éclosion, il pourrait être utile de procéder à un échantillonnage et à des analyses génétiques uniformes afin de permettre une estimation directe du N_e entre les lignées d'éclosion du PMVS, dont l'objectif principal est la conservation.

Incertitudes, lacunes et travaux futurs

- Les objectifs du présent rapport étaient délibérément axés sur les risques génétiques associés aux écloseries. Cependant, la production de saumons du Pacifique en éclosion et leur mise en liberté entraînent plusieurs autres catégories de facteurs de risque (p. ex. écologiques, pathologiques) qui doivent également être pris en compte pour exploiter les écloseries d'une manière scientifiquement défendable. Par exemple, dans des situations extrêmes de conservation, le prélèvement d'une forte proportion de l'échappée comme stock de géniteurs peut être une bonne pratique sur le plan génétique, mais cela n'est pas toujours souhaitable en raison de l'augmentation d'autres risques. Dans cet exemple, une défaillance technique pourrait également entraîner la perte catastrophique de la totalité ou

de la majorité d'une année de fraie, ce qui est une possible conséquence qu'il ne faut pas négliger.

- L'objectif du présent rapport n'était pas de fournir un examen systématique des ouvrages scientifiques sur les écloséries. L'essentiel de ce rapport reposait plutôt sur les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique (DFO 2016) et les questions particulières soulevées par les membres du comité directeur du PMVS (voir la section Contexte). Dans la plupart des cas, l'information qui a contribué à la rédaction de ce rapport s'appuyait sur les publications du HSRG ainsi que des recherches ciblées dans les bases de données des ouvrages scientifiques et la modélisation des stades de vie. Les résultats ont ensuite été présentés dans le contexte du PMVS. Bien que cette approche reflète le consensus scientifique actuel sur les sujets abordés, une approche systématique future pourrait comprendre d'autres études pertinentes.
- Le présent rapport résume les pratiques exemplaires en matière de gestion génétique des stocks de géniteurs au sein des populations intégrées de saumon du Pacifique. L'opérationnalisation de ces pratiques nécessitera un équilibre entre les préoccupations génétiques et logistiques. Celles-ci sont mises en évidence tout au long du rapport, y compris lorsqu'il peut y avoir une certaine souplesse avec les conséquences relativement mineures sur le plan génétique. Cependant, la majorité des pratiques exemplaires décrites ici sont actuellement utilisées dans les écloséries. Toute autre observation sur la hiérarchisation des préoccupations génétiques par rapport aux autres préoccupations dépasse la portée de ce rapport.
- Des objectifs biologiques clairement définis pour les lignées d'écloserie constituent une composante fondamentale d'une gestion génétique efficace. L'application des désignations d'INP pour les populations est en cours d'élaboration et constituera une étape clé dans la gestion par le PMVS du flux génétique et des influences adaptatives dans les populations intégrées de saumon du Pacifique. Cela pourrait mener à une utilisation généralisée de techniques permettant l'identification des poissons issus d'écloséries, de sorte que des lignes directrices simplifiées fondées sur la proportion d'échappée prélevée comme stock de géniteurs ne soient pas nécessaires. Dans la mesure du possible, le cadre de désignation biologique de Withler *et al.* (2018) devrait être utilisé pour gérer les contributions mises en valeur dans les lignées d'écloserie du PMVS.
- Dans les lignées d'écloserie ayant un objectif de récolte, il y a un compromis clair entre l'étendue de la production en écloserie et l'influence naturelle proportionnelle dans la population intégrée. Le présent rapport ne tient pas compte de ce compromis au-delà de l'application des désignations biologiques établies par Withler *et al.* (2018). À l'avenir, il conviendra d'examiner les risques génétiques au sein des populations et des unités de conservation associés à une production élevée en écloserie.
- Conformément aux pratiques actuelles, l'utilisation de populations intégrées est recommandée pour les activités de mise en valeur dans le cadre du PMVS. Toutefois, dans des cas extrêmes, des géniteurs en captivité ont été utilisés pour soutenir les efforts de conservation (p. ex. saumon rouge du lac Cultus, saumon rouge du lac Sakinaw, saumon chinook d'été de la rivière Puntledge). Bien que ces programmes soient utiles, ils peuvent ressembler davantage à des populations en ségrégation qu'à des populations intégrées. Compte tenu du déclin continu de l'abondance de nombreuses populations de saumon du Pacifique, si l'utilisation de géniteurs en captivité augmente au cours des prochaines décennies, il est recommandé de mener des travaux futurs afin de fournir une orientation sur les pratiques exemplaires en matière de gestion génétique. Bon nombre des risques

décrits dans le présent rapport pour les populations ayant des objectifs de conservation deviendraient, le cas échéant, encore plus importants pour les géniteurs en captivité.

- Le ratio entre les recrues par géniteur d'écloserie et les recrues par géniteur naturel (α) au sein des populations mises en valeur par le PMVS reste très incertain, notamment en ce qui concerne la variabilité de ce ratio entre les installations et les années d'éclosion. Il devrait être possible d'estimer ces valeurs dans de nombreuses écloseries, et le fait de combler cette lacune améliorerait considérablement les analyses présentées dans ce rapport. En outre, cela permettrait de valider la relation entre le prélèvement proportionnel de l'échappée pour les stocks de géniteurs et l'*INP* prévu par l'équation 9.
- Le modèle des stades de vie élaboré par Withler *et al.* (2018), et appliqué dans le présent rapport, repose sur une paramétrisation fondée sur les populations de saumon chinook de la côte est de l'île de Vancouver. Bon nombre de ces paramètres sont très incertains, et l'ajout de données supplémentaires améliorerait la capacité prédictive du modèle. En outre, la collecte de données pertinentes sur les populations d'écloseries d'autres régions permettrait d'évaluer la généralité des résultats de la modélisation.
- Le modèle des stades de vie de Withler *et al.* (2018) est déterministe, alors que les populations de saumon du Pacifique sont touchées par de nombreux processus stochastiques. Des travaux futurs visant à ajouter de la stochasticité au modèle offriraient une occasion précieuse d'évaluer davantage les résultats du prélèvement de géniteurs et d'autres stratégies de gestion génétique sur les influences adaptatives dans les populations intégrées.
- Une hypothèse clé sous-jacente aux valeurs seuils de l'*INP*, de la *pGIE* et de la *pBON* dans le cadre des désignations biologiques de Withler *et al.* (2018) est que l'accouplement entre les poissons issus d'écloseries et les poissons d'origine naturelle est proportionnel à leur abondance relative dans les frayères naturelles. Il est recommandé de mener des recherches pour valider cette hypothèse.
- Il n'est pas recommandé de sélectionner intentionnellement des géniteurs parmi les stocks de géniteurs potentiels de l'écloserie, mais l'une des exceptions possibles à envisager est lorsque les pratiques d'écloserie antérieures ont été reconnues de façon concluante comme ayant provoqué un changement artificiel dans les traits ou les caractéristiques de la population mise en valeur. Par exemple, la variation génétique du saumon chinook d'automne de la rivière Puntledge a été introduite dans le saumon chinook d'été de la rivière Puntledge en raison d'un prélèvement inexact des stocks de géniteurs dans le passé, qui a été associée à une période de montaison plus tardive du saumon chinook d'été. Par conséquent, les efforts de mise en valeur se sont concentrés sur la composante précoce de la montaison afin de réduire l'influence de la variation génétique du saumon chinook d'automne (Wetklo *et al.* 2020). Dans des scénarios comme celui-ci, des exceptions aux recommandations générales peuvent être justifiées. Toutefois, cette incertitude est fournie avec un degré élevé de prudence, car des circonstances semblables à cet exemple se produiront rarement en raison de la complexité des traits biologiques.
- On ignore encore beaucoup de choses au sujet de la compétition dans les frayères naturelles et de la sélection sexuelle du saumon du Pacifique. Il est peu probable qu'il soit possible de récapituler pleinement ces dynamiques dans la fraie en écloserie, mais la recherche visant à mieux comprendre la fraie naturelle pourrait mener à de meilleures recommandations pour les pratiques de fraie en écloserie.

- Grâce aux récentes publications sur les génomes du saumon du Pacifique, il est maintenant possible de combler le manque de connaissances sur l'architecture génétique qui sous-tend de nombreux traits liés à l'adaptabilité chez ces espèces. Cette information nous permettra non seulement de mieux comprendre l'interdépendance des différents traits et la possibilité de conséquences imprévues de la fraie en éclosion, mais aussi d'ouvrir des possibilités de gestion génétique fondée sur les variantes associées aux traits.
- L'estimation du taux de succès de fraie des unibermarins par rapport aux autres mâles dans les populations naturelles demeure très variable. L'amélioration de la précision de ces estimations pour l'ensemble des espèces permettrait d'améliorer l'utilisation proportionnelle recommandée d'unibermarins dans la fraie en éclosion.
- Les unibermarins fécondent généralement un petit nombre d'œufs provenant de plusieurs femelles, ce qui n'est pas pris en compte dans les protocoles de fraie 1:1. Il n'est pas clair si le fait de refléter cet aspect de la fraie des unibermarins en éclosion offrirait un avantage génétique important. Des modèles de génétique des populations pourraient être utilisés pour évaluer cette possibilité à l'avenir.
- Il y a une certaine incertitude quant aux dimensions de matrice maximales qui devraient être utilisées dans la fraie en éclosion. Des dimensions plus élevées sont avantageuses, mais peuvent poser des problèmes logistiques. Le présent rapport soutient une dimension maximale pratique de cinq. Toutefois, ce chiffre pourrait être augmenté ou légèrement diminué en fonction de la situation dans certaines éclosions.
- La mesure dans laquelle la fraie 1:1 ou matricielle égalise la contribution des géniteurs parmi les descendants libérés des éclosions du PMVS n'est pas claire et pourrait être évaluée par un marquage fondé sur la parenté des échantillons d'ADN des juvéniles prélevés au moment de la mise en liberté.
- L'ajout séquentiel de laitance aux œufs crée la possibilité d'une surreprésentation des géniteurs mâles parmi la progéniture de l'éclosion, mais l'utilisation de la laitance d'un seul mâle peut entraîner une perte en raison de l'infécondité du mâle. La caractérisation des taux d'infécondité masculine dans les stocks de géniteurs du PMVS permettrait de dissiper cette incertitude.
- Il est clair qu'il n'existe pas de lien direct entre la taille de recensement de la population (N_c) et la taille effective de la population (N_e) chez les salmonidés, et les estimations de N_e/N_c sont très variables. Des travaux futurs pourraient caractériser cette relation dans les populations mises en valeur par le PMVS afin d'améliorer la pertinence des données disponibles pour soutenir la prise de décisions en matière de conservation.
- Une lacune importante dans le processus de planification des populations mises en valeur avec des objectifs de conservation et de rétablissement est la nécessité d'établir des seuils quantitatifs (p. ex. tailles effectives de population) pour passer d'un stade de rétablissement à l'autre et équilibrer les différents risques génétiques tout au long de ces stades. Les orientations relatives à un processus de rétablissement échelonné sur des phases distinctes de mise en valeur dépassent la portée du présent rapport, mais méritent d'être élaborées à l'avenir.
- La plupart des données présentées dans ce rapport proviennent d'études sur le saumon chinook. Toutefois, dans la plupart des cas, ces renseignements et conseils devraient être généralement pertinents pour l'ensemble des espèces de saumon du Pacifique (et pour la truite arc-en-ciel, *O. mykiss*).

Conclusions

Dans ce rapport, nous examinons les connaissances scientifiques actuelles concernant la gestion des stocks de géniteurs en éclosion, et nous comparons les pratiques exemplaires actuelles avec les lignes directrices du PMVS en matière de gestion génétique, qui ont été établies dans les années 1980 (DFO 2016). Ces lignes directrices sont présentées à l'annexe A à titre de référence, accompagnées de commentaires sur la cohérence des lignes directrices avec l'information contenue dans le présent rapport de réponse scientifique. En général, les lignes directrices actuelles du PMVS sont largement conformes aux pratiques exemplaires actuelles, ce qui suggère que le respect de ces lignes directrices au cours des quatre dernières décennies a contribué à réduire au minimum les risques génétiques associés au PMVS. Cette cohérence n'est peut-être pas surprenante, car les lignes directrices initiales ont été élaborées sur la base de principes génétiques fondamentaux concernant la taille effective de la population et l'adaptation, qui n'ont pas changé de manière substantielle au fil du temps. Au-delà de cette cohérence globale entre les pratiques exemplaires actuelles et les lignes directrices actuelles du PMVS en matière de gestion génétique, les données probantes examinées dans le présent rapport mènent à un nombre relativement faible de révisions ou d'ajouts possibles pour garantir que les risques génétiques sont réduits au minimum dans les populations mises en valeur par le PMVS. En particulier :

1. La limite d'un tiers de l'échappée prélevée comme stock de géniteurs est probablement trop élevée pour être conforme à la désignation intégrée-sauvage de Withler *et al.* (2018) dans la majorité des éclosiers, et n'est probablement pas conforme à la désignation intégrée-transition dans certaines éclosiers.
2. Les unibermarins devraient être inclus dans le stock de géniteurs, mais leur intégration dans la fraie en éclosion devrait se produire à un taux inférieur à leur représentation proportionnelle dans l'échappée afin de refléter plus fidèlement leur succès de fraie relatif dans les habitats naturels.
3. Des seuils quantitatifs et défendables pour la hiérarchisation des risques génétiques dans les programmes de conservation devraient être définis et mis en œuvre; ces seuils devraient vraisemblablement tenir compte de la taille effective de la population intégrée sur le plan génétique.

Collaborateurs

Collaborateur	Organisme d'appartenance	Rôle
Timothy Healy	MPO – Secteur des sciences	Auteur
Carrie Holt	MPO – Secteur des sciences	Auteur
Angus Straight	MPO PMVS	Client
Paige Ackerman	MPO PMVS	Client
Geoff Lowe	MPO – Secteur des sciences	Président
Mike Bradford	MPO – Secteur des sciences	Réviseur
Wendy Vandersteen	Taplow Ventures	Réviseur

Approuvé par

Andrew Thomson
Directeur régional
Direction des sciences, Région du Pacifique
Pêches et Océans Canada

30 mai 2024

Sources de renseignements

- Ackerman, P.A., Barnetson, S., Lofthouse, D., McClean, C., Stobbart, A. and Withler, R.E., 2014. [Back from the Brink: The Cultus Lake Sockeye Salmon Enhancement Program from 2000-2014](#). Can. Manuscr. Rep. Fish. Aquat. Sci. 3032: vii + 63 p.
- Adkison, M.D., 1995. Population differentiation in Pacific salmon: local adaptation genetic drift, or the environment?. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 52(12): pp. 2762–2777.
- Allendorf, F.W., 1993. Delay of adaptation to captive breeding by equalizing family size. Conservation Biology. 7(2): pp. 416–419.
- Allendorf, F.W. and Waples, R.S. 1996. Conservation and genetics of salmonid fishes. Pp. 238–280 in J.C. Avise and J.L. Hamrick, eds. Conservation genetics: case histories from nature. Kluwer Academic Publishers, Norwell, Massachusetts.
- Anderson, J.H., Pess, G.R., Carmichael, R.W., Ford, M.J., Cooney, T.D., Baldwin, C.M. and McClure, M.M., 2014. Planning Pacific Salmon and Steelhead reintroductions aimed at long-term viability and recovery. North American Journal of Fisheries Management. 34: pp. 72–93.
- Anderson, J.H., Warheit, K.I., Craig, B.E. Seamons, T.R. and Haukenes, A.H., 2020. A review of hatchery reform science in Washington State. Washington Department of Fish and Wildlife.
- Araki, H., Cooper, B. and Blouin, M.S. 2007a. Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. Science, 318(5847), pp.100–103.
- Araki, H., Waples, R.S., Ardren, W.R., Cooper, B. and Blouin, M.S. 2007b. Effective population size of steelhead trout: influence of variance in reproductive success, hatchery programs, and genetic compensation between life-history forms. Molecular Ecology, 16(5), pp.953–966.
- Araki, H., Berejikian, B.A., Ford, M.J. and Blouin, M.S. 2008. Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. Evolutionary applications, 1(2), pp.342–355.
- Araki, H., Cooper, B. and Blouin, M.S. 2009. Carry-over effect of captive breeding reduces reproductive fitness of wild-born descendants in the wild. Biology Letters, 5(5), pp.621–624.
- Ardren, W.R. and Kapuscinski, A.R. 2003. Demographic and genetic estimates of effective population size (N_e) reveals genetic compensation in steelhead trout. Molecular Ecology, 12(1), pp.35–49.
- Auld, H.L., Noakes, D.L. and Banks, M.A. 2019. Advancing mate choice studies in salmonids. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 29, pp.249–276.
- Barrett, R.D. and Schluter, D. 2008. Adaptation from standing genetic variation. Trends in Ecology & Evolution, 23(1), pp.38–44.

- Baskett, M.L. and Waples, R.S. 2013. Evaluating alternative strategies for minimizing unintended fitness consequences of cultured individuals on wild populations. *Conservation Biology*, 27(1), pp.83–94.
- Beacham, T.D., Jonsen, K.L., Supernault, J., Wetklo, M., Deng, L. and Varnavskaya, N. 2006a. Pacific Rim population structure of Chinook salmon as determined from microsatellite analysis. *Transactions of the American Fisheries Society*, 135(6), pp.1604–1621.
- Beacham, T.D., McIntosh, B., MacConnachie, C., Miller, K.M., Withler, R.E. and Varnavskaya, N. 2006b. Pacific Rim population structure of sockeye salmon as determined from microsatellite analysis. *Transactions of the American Fisheries Society*, 135(1), pp.174–187.
- Beacham, T.D., Candy, J.R., Le, K.D. and Wetklo, M. 2009. Population structure of chum salmon (*Oncorhynchus keta*) across the Pacific Rim, determined from microsatellite analysis. *Fisheries Bulletin*, 107, pp.244–260.
- Beacham, T.D., Wetklo, M., Deng, L. and MacConnachie, C. 2011. Coho salmon population structure in North America determined from microsatellites. *Transactions of the American Fisheries Society*, 140(2), pp.253–270.
- Beacham, T.D., Wallace, C., Jonsen, K., McIntosh, B., Candy, J.R., Rondeau, E.B., Moore, J.S., Bernatchez, L. and Withler, R.E. 2020. Accurate estimation of conservation unit contribution to coho salmon mixed-stock fisheries in British Columbia, Canada, using direct DNA sequencing for single nucleotide polymorphisms. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 77(8), pp.1302–1315.
- Berejikian, B.A., Van Doornik, D.M., Endicott, R.C., Hoffnagle, T.L., Tezak, E.P., Moore, M.E. and Atkins, J. 2010. Mating success of alternative male phenotypes and evidence for frequency-dependent selection in Chinook salmon, *Oncorhynchus tshawytscha*. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 67(12), pp.1933–1941.
- Berejikian, B.A. and Van Doornik, D.M. 2018. Increased natural reproduction and genetic diversity one generation after cessation of a steelhead trout (*Oncorhynchus mykiss*) conservation hatchery program. *PLoS One*, 13(1), p.e0190799.
- Berejikian, B.A., Tezak, E.P. and LaRae, A.L. 2000. Female mate choice and spawning behaviour of chinook salmon under experimental conditions. *Journal of Fish Biology*, 57(3), pp.647–661.
- Bøe, K., Bjørn, B., Tangvold Bårdsen, M., Nordtug Wist, A., Wolla, S. and Sivertsen, A. 2021. Opportunities and challenges related to sperm cryopreservation in Atlantic salmon gene banks. *Conservation Science and Practice*, 3(12), p.e552.
- Bourret, V., O'reilly, P.T., Carr, J.W., Berg, P.R. and Bernatchez, L. 2011. Temporal change in genetic integrity suggests loss of local adaptation in a wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) population following introgression by farmed escapees. *Heredity*, 106(3), pp.500–510.
- Bromaghin, J.F., Nielson, R.M. and Hard, J.J. 2011. A model of Chinook salmon population dynamics incorporating size-selective exploitation and inheritance of polygenic correlated traits. *Natural Resource Modeling*, 24(1), pp.1–47.
- Busack, C.A. and Currens, K.P. 1995. Genetic risks and hazards in hatchery operations: fundamental concepts and issues. In *American Fisheries Society Symposium* (Vol. 15, No. 7, pp.1–80).
- Busack, C. and Knudsen, C.M. 2007. Using factorial mating designs to increase the effective number of breeders in fish hatcheries. *Aquaculture*, 273(1), pp.24–32.

- Campton, D.E. 2004. Sperm competition in salmon hatcheries: the need to institutionalize genetically benign spawning protocols. *Transactions of the American Fisheries Society*, 133(5), pp.1277–1289.
- Campton, D.E. 2005. Sperm competition in salmon hatcheries—the need to institutionalize genetically benign spawning protocols: Response to Comment. *Transactions of the American Fisheries Society*, 134(6), pp.1495–1498.
- Carlson, S.M. and Seamons, T.R. 2008. A review of quantitative genetic components of fitness in salmonids: implications for adaptation to future change. *Evolutionary Applications*, 1(2), pp.222–238.
- Charlesworth, B. 2009. Effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nature Reviews Genetics*, 10(3), pp.195–205.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A. and Blouin, M.S. 2012a. Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(1), pp.238–242.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A., Waples, R.S. and Blouin, M. 2012b. Effective size of a wild salmonid population is greatly reduced by hatchery supplementation. *Heredity*, 109(4), pp.254–260.
- Christie, M.R., Ford, M.J. and Blouin, M.S. 2014. On the reproductive success of early-generation hatchery fish in the wild. *Evolutionary Applications*, 7(8), pp.883–896.
- California Hatchery Scientific Review Group (CHSRG). 2012. California Hatchery Review Report. Prepared for the US Fish and Wildlife Service and Pacific States Marine Fisheries Commission.
- Dann, T.H., Smoker, W.W., Hard, J.J. and Gharrett, A.J. 2010. Outbreeding depression after two generations of hybridizing southeast Alaska coho salmon populations?. *Transactions of the American Fisheries Society*, 139(5), pp.1292–1305.
- DeFilippo, L.B., Schindler, D.E., Ohlberger, J., Schaberg, K.L., Foster, M.B., Ruhl, D. and Punt, A.E. 2019. Recruitment variation disrupts the stability of alternative life histories in an exploited salmon population. *Evolutionary Applications*, 12(2), pp.214–229.
- Devlin, R.H., Supernault, J., Gezan, S.A., Chan, M.T., Wetklo, M., Biagi, C.A., Sakhrani, D., Barnettson, S., Dixon, G., Tattersall, E. and Davidson, W.S. 2021. Environmental and genetic influences on fitness-related traits in a hatchery coho salmon population. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 78(7), pp.852–868.
- DeWoody, J.A., Harder, A.M., Mathur, S. and Willoughby, J.R. 2021. The long-standing significance of genetic diversity in conservation. *Molecular Ecology*, 30(17), pp.4147–4154.
- DFO. 2013. [A Biological Risk Management Framework for Enhancing Salmon in the Pacific Region](#). Salmonid Enhancement Program, Fisheries and Oceans Canada, Pacific Region.
- DFO. 2016. [A Compilation of Operational and Planning Guidelines for the Salmonid Enhancement Program. Salmonid Enhancement Program](#). Fisheries and Oceans Canada, Pacific Region.
- DFO. 2018. [SEP Production Planning: A Framework](#). Salmonid Enhancement Program. Fisheries and Oceans Canada, Pacific Region.
- Dodson, J.J., Aubin-Horth, N., Thériault, V. and Páez, D.J. 2013. The evolutionary ecology of alternative migratory tactics in salmonid fishes. *Biological Reviews*, 88(3), pp.602–625.

- Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., Haffray, P. and Chevassus, B. 2006. Effect of different mating designs on inbreeding, genetic variance and response to selection when applying individual selection in fish breeding programs. *Aquaculture*, 252(2–4), pp.161–170.
- Eliason, E.J., Clark, T.D., Hague, M.J., Hanson, L.M., Gallagher, Z.S., Jeffries, K.M., Gale, M.K., Patterson, D.A., Hinch, S.G. and Farrell, A.P. 2011. Differences in thermal tolerance among sockeye salmon populations. *Science*, 332(6025), pp.109–112.
- Engström, G., McMillan, I., McKay, L. and Quinton, M. 1996. Comparison of mating systems in a fish population: a simulation study. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 113(1–6), pp.559–566.
- Ferchaud, A.L., Perrier, C., April, J., Hernandez, C., Dionne, M. and Bernatchez, L. 2016. Making sense of the relationships between N_e , N_b and N_c towards defining conservation thresholds in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Heredity*, 117(4), pp.268–278.
- Fisch, K.M., Kozfkay, C.C., Ivy, J.A., Ryder, O.A. and Waples, R.S. 2015. Fish hatchery genetic management techniques: integrating theory with implementation. *North American Journal of Aquaculture*, 77(3), pp.343–357.
- Fiumera, A.C., Porter, B.A., Looney, G., Asmussen, M.A. and Avise, J.C. 2004. Maximizing offspring production while maintaining genetic diversity in supplemental breeding programs of highly fecund managed species. *Conservation Biology*, 18(1), pp.94–101.
- Fleming, I.A. and Gross, M.R. 1994. Breeding competition in a Pacific salmon (coho: *Oncorhynchus kisutch*): measures of natural and sexual selection. *Evolution*, 48(3), pp.637–657.
- Footo, C.J., Brown, G.S. and Wood, C.C. 1997. Spawning success of males using alternative mating tactics in sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54(8), pp.1785–1795.
- Ford, M.J. 2002. Selection in captivity during supportive breeding may reduce fitness in the wild. *Conservation Biology*, 16(3), pp.815–825.
- Ford, M.J., Murdoch, A.R., Hughes, M.S., Seamons, T.R. and LaHood, E.S. 2016. Broodstock history strongly influences natural spawning success in hatchery steelhead (*Oncorhynchus mykiss*). *PLoS One*, 11(10), p.e0164801.
- Frankel, O.H. and Soulé, M.E. 1981. *Conservation and evolution*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Frankham, R. 1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. *Genetics Research*, 66(2), pp.95–107.
- Frankham, R., Briscoe, D.A. and Ballou, J.D. 2002. *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Frankham, R., Bradshaw, C.J. and Brook, B.W. 2014. Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation*, 170, pp.56–63.
- Franklin, I.R. 1980. Evolutionary change in small populations. In: *Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective* (eds. M.E. Soulé and B.A. Wilcox). Sinauer Associates, Sunderland, MA, pp.135–149.
- Fraser, D.J. 2008. How well can captive breeding programs conserve biodiversity? A review of salmonids. *Evolutionary Applications*, 1(4), pp.535–586.

- Fraser, D.J., Weir, L.K., Bernatchez, L., Hansen, M.M. and Taylor, E.B. 2011. Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis. *Heredity*, 106(3), pp.404–420.
- Funk, W.C., Tyburczy, J.A., Knudsen, K.L., Lindner, K.R. and Allendorf, F.W. 2005. Genetic basis of variation in morphological and life-history traits of a wild population of pink salmon. *Journal of Heredity*, 96(1), pp.24–31.
- Gamble, M.M. and Calsbeek, R.G. 2023. Sex-specific heritabilities for length at maturity among Pacific salmonids and their consequences for evolution in response to artificial selection. *Evolutionary Applications*, 16(8), pp.1458–1471.
- García-Dorado, A. and Caballero, A. 2021. Neutral genetic diversity as a useful tool for conservation biology. *Conservation Genetics*, 22(4), pp.541–545.
- Gharrett, A.J. and Shirley, S.M. 1985. A genetic examination of spawning methodology in a salmon hatchery. *Aquaculture*, 47(2-3), pp.245–256.
- Gile, S.R. and Ferguson, M.M. 1995. Factors affecting male potency in pooled gamete crosses of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Environmental Biology of Fishes*, 42, pp.267–275.
- Gilpin, M.E. and Soulé, M.E. 1986. Minimum viable populations: processes of extinction. In: *Conservation Biology: The Science of Scarcity and Diversity* (ed. M.E. Soulé). Sinauer Associates, Sunderland, MA, pp.19–34.
- Gross, M.R. 1991. Salmon breeding behavior and life history evolution in changing environments. *Ecology*, 72(4), pp.1180–1186.
- Hankin, D.G., Nicholas, J.W. and Downey, T.W. 1993. Evidence for inheritance of age of maturity in chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 50(2), pp.347–358.
- Hankin, D.G., Fitzgibbons, J. and Chen, Y. 2009. Unnatural random mating policies select for younger age at maturity in hatchery Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) populations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 66(9), pp.1505–1521.
- Harstad, D.L., Larsen, D.A. and Beckman, B.R. 2014. Variation in minijack rate among hatchery populations of Columbia River basin Chinook salmon. *Transactions of the American Fisheries Society*, 143(3), pp.768–778.
- Heath, D.D., Devlin, R.H., Heath, J.W. and Iwama, G.K. 1994. Genetic, environmental and interaction effects on the incidence of jacking in *Oncorhynchus tshawytscha* (chinook salmon). *Heredity*, 72(2), pp.146–154.
- Heath, D.D., Rankin, L., Bryden, C.A., Heath, J.W. and Shrimpton, J.M. 2002. Heritability and Y-chromosome influence in the jack male life history of chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Heredity*, 89(4), pp.311–317.
- Hedrick, P.W., Hedgecock, D., Hamelberg, S. and Croci, S.J. 2000. The impact of supplementation in winter-run chinook salmon on effective population size. *Journal of Heredity*, 91(2), pp.112–116.
- Holderegger, R., Kamm, U. and Gugerli, F. 2006. Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. *Landscape Ecology*, 21, pp.797–807.
- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2004. Hatchery Reform: Principles and Recommendations of the HSRG. Long Live the Kings, Seattle, WA.

- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2009. Columbia River Hatchery Reform System-wide Report.
- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2014. On the Science of Hatcheries: An Updated Perspective on the Role of Hatcheries in Salmon and Steelhead Management in the Pacific Northwest.
- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2015. Annual Report to Congress on the Science of Hatcheries, 2015: A Report on the Application of Up-to-Date Science in the Management of Salmon and Steelhead Hatcheries in the Pacific Northwest.
- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2017. Implementation of Hatchery Reform in the Context of Recovery Planning Using the AHA/ISIT Tool.
- Hatchery Scientific Review Group (HSRG). 2020. Developing Recovery Objectives and Phase Triggers for Salmonid Populations.
- Jamieson, I.G. and Allendorf, F.W. 2012. How does the 50/500 rule apply to MVPs?. *Trends in Ecology & Evolution*, 27(10), pp.578–584.
- Janowitz-Koch, I., Rabe, C., Kinzer, R., Nelson, D., Hess, M.A. and Narum, S.R. 2019. Long-term evaluation of fitness and demographic effects of a Chinook Salmon supplementation program. *Evolutionary Applications*, 12(3), pp.456–469.
- Kahilainen, A., Puurtinen, M. and Kotiaho, J.S. 2014. Conservation implications of species–genetic diversity correlations. *Global Ecology and Conservation*, 2, pp.315–323.
- King, E.M., Tallmon, D.A., Vulstek, S.C., Russell, J.R. and McPhee, M.V. 2023. Reproductive success of jack and full-size males in a wild coho salmon population. *Royal Society Open Science*, 10(4), p.221–271.
- Kline, P.A. and Flagg, T.A. 2014. Putting the red back in Redfish Lake, 20 years of progress toward saving the Pacific Northwest's most endangered salmon population. *Fisheries*, 39(11), pp.488–500.
- Lande, R. 1976. Natural selection and random genetic drift in phenotypic evolution. *Evolution*, pp.314–334.
- Lande, R. 1995. Mutation and conservation. *Conservation biology*, 9(4), pp.782–791.
- Larsen, D.A., Beckman, B.R., Strom, C.R., Parkins, P.J., Cooper, K.A., Fast, D.E. and Dickhoff, W.W. 2006. Growth modulation alters the incidence of early male maturation and physiological development of hatchery-reared spring Chinook salmon: a comparison with wild fish. *Transactions of the American Fisheries Society*, 135(4), pp.1017–1032.
- Larsen, D.A., Harstad, D.L., Fuhrman, A.E., Knudsen, C.M., Schroder, S.L., Bosch, W.J., Galbreath, P.F., Fast, D.E. and Beckman, B.R. 2019. Maintaining a wild phenotype in a conservation hatchery program for Chinook salmon: the effect of managed breeding on early male maturation. *PloS One*, 14(5), e0216168.
- Larsen, D.A., Harstad, D.L., Strom, C.R., Johnston, M.V., Knudsen, C.M., Fast, D.E., Pearsons, T.N. and Beckman, B.R. 2013. Early life history variation in hatchery-and natural-origin spring Chinook salmon in the Yakima River, Washington. *Transactions of the American Fisheries Society*, 142(2), pp.540–555.
- Lehnert, S.J., Love, O.P., Pitcher, T.E., Higgs, D.M. and Heath, D.D. 2014. Multigenerational outbreeding effects in Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Genetica*, 142, pp.281–293.

- Marie, A.D., Bernatchez, L. and Garant, D. 2010. Loss of genetic integrity correlates with stocking intensity in brook charr (*Salvelinus fontinalis*). *Molecular Ecology*, 19(10), pp.2025–2037.
- McKinney, G.J., Seeb, J.E., Pascal, C.E., Schindler, D.E., Gilk-Baumer, S.E. and Seeb, L.W. 2020. Y-chromosome haplotypes are associated with variation in size and age at maturity in male Chinook salmon. *Evolutionary Applications*, 13(10), pp.2791–2806.
- McKinney, G.J., Nichols, K.M. and Ford, M.J. 2021. A mobile sex-determining region, male-specific haplotypes and rearing environment influence age at maturity in Chinook salmon. *Molecular Ecology*, 30(1), pp.131–147.
- McLean, J.E., Bentzen, P. and Quinn, T.P. 2005. Nonrandom, size-and timing-biased breeding in a hatchery population of steelhead trout. *Conservation Biology*, 19(2), pp.446–454.
- McMillan, J.R., Morrison, B., Chambers, N., Ruggerone, G., Bernatchez, L., Stanford, J. and Neville, H. 2023. A global synthesis of peer-reviewed research on the effects of hatchery salmonids on wild salmonids. *Fisheries Management and Ecology*, 30(5), pp.446–463.
- Milner, A.M. and Bailey, R.G. 1989. Salmonid colonization of new streams in Glacier Bay National park, Alaska. *Aquaculture Research*, 20(2), pp.179–192.
- Mobrand, L.E., Barr, J., Blankenship, L., Campton, D.E., Evelyn, T.T., Flagg, T.A., Mahnken, C.V., Seeb, L.W., Seidel, P.R. and Smoker, W.W. 2005. Hatchery reform in Washington State: principles and emerging issues. *Fisheries*, 30(6), pp.11–23.
- MPO. 2005. [La politique du Canada pour la conservation du saumon sauvage du Pacifique](#).
- Naish, K.A., Taylor III, J.E., Levin, P.S., Quinn, T.P., Winton, J.R., Huppert, D. and Hilborn, R. 2007. An evaluation of the effects of conservation and fishery enhancement hatcheries on wild populations of salmon. *Advances in marine biology*, 53, pp.61–194.
- Naish, K.A., Seamons, T.R., Dauer, M.B., Hauser, L. and Quinn, T.P. 2013. Relationship between effective population size, inbreeding and adult fitness-related traits in a steelhead (*Oncorhynchus mykiss*) population released in the wild. *Molecular Ecology*, 22(5), pp.1295–1309.
- Neff, B.D., Garner, S.R. and Pitcher, T.E. 2011. Conservation and enhancement of wild fish populations: preserving genetic quality versus genetic diversity. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68(6), pp.1139–1154.
- Ohlberger, J., Ward, E.J., Schindler, D.E. and Lewis, B. 2018. Demographic changes in Chinook salmon across the Northeast Pacific Ocean. *Fish and Fisheries*, 19(3), pp.533–546.
- Ohlberger, J., Schindler, D.E., Ward, E.J., Walsworth, T.E. and Essington, T.E. 2019. Resurgence of an apex marine predator and the decline in prey body size. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(52), pp.26682–26689.
- Oke, K.B., Cunningham, C.J., Westley, P.A.H., Baskett, M.L., Carlson, S.M., Clark, J., Hendry, A.P., Karatayev, V.A., Kendall, N.W., Kibele, J. and Kindsvater, H.K. 2020. Recent declines in salmon body size impact ecosystems and fisheries. *Nature communications*, 11(1), p.4155.
- O'Reilly, P.T. and Kozfkay, C.C. 2014. Use of microsatellite data and pedigree information in the genetic management of two long-term salmon conservation programs. *Reviews in fish biology and fisheries*, 24, pp.819–848.

- Pérez-Pereira, N., Wang, J., Quesada, H. and Caballero, A. 2022. Prediction of the minimum effective size of a population viable in the long term. *Biodiversity and Conservation*, 31(11), pp.2763–2780.
- Quinn, T.P. 2005a. Comment: Sperm competition in salmon hatcheries—the need to institutionalize genetically benign spawning protocols. *Transactions of the American Fisheries Society*, 134(6), pp.1490–1494.
- Quinn, T.P. 2005b. *The Behavior and Ecology of Pacific Salmon and Trout*. University of Washington Press, Seattle, WA.
- Quinn, T.P., Hendry, A.P. and Buck, G.B. 2001. Balancing natural and sexual selection in sockeye salmon: interactions between body size, reproductive opportunity and vulnerability to predation by bears. *Evolutionary Ecology Research*, 3(8), pp.917–937.
- Rieman, B.E. and Allendorf, F.W. 2001. Effective population size and genetic conservation criteria for bull trout. *North American Journal of Fisheries Management*, 21(4), pp.756–764.
- Ruggerone, G.T. and Irvine, J.R. 2018. Numbers and biomass of natural-and hatchery-origin pink salmon, chum salmon, and sockeye salmon in the north Pacific Ocean, 1925–2015. *Marine and Coastal Fisheries*, 10(2), pp.152–168.
- Ryman, N. and Laikre, L. 1991. Effects of supportive breeding on the genetically effective population size. *Conservation Biology*, 5(3), pp.325–329.
- Schindler, D.E., Hilborn, R., Chasco, B., Boatright, C.P., Quinn, T.P., Rogers, L.A. and Webster, M.S. 2010. Population diversity and the portfolio effect in an exploited species. *Nature*, 465(7298), pp.609–612.
- Schindler, D.E., Armstrong, J.B. and Reed, T.E. 2015. The portfolio concept in ecology and evolution. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 13(5), pp.257–263.
- Shedd, K.R., Lescak, E.A., Habicht, C., Knudsen, E.E., Dann, T.H., Hoyt, H.A., Prince, D.J. and Templin, W.D. 2022. Reduced relative fitness in hatchery-origin Pink Salmon in two streams in Prince William Sound, Alaska. *Evolutionary Applications*, 15(3), pp.429–446.
- Silverstein, J.T. and Hershberger, W.K. 1995. Genetics of size and growth rate through sexual maturity in freshwater-reared coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). *Theoretical and Applied Genetics*, 90, pp.733–739.
- Slatkin, M. 1985. Gene flow in natural populations. *Annual review of ecology and systematics*, 16(1), pp.393–430.
- Smith, C.T., Baumsteiger, J., Ardren, W.R., Dettlaff, Y., Hawkins, D.K. and Van Doornik, D.M. 2015. Eliminating variation in age at spawning leads to genetic divergence within a single salmon population. *Journal of Fish and Wildlife Management*, 6(1), pp.4–18.
- Tave, D. 1984. Effective breeding efficiency: An index to quantify the effects that different breeding programs and sex ratios have on inbreeding and genetic drift. *The Progressive Fish-Culturist*, 46(4), pp.262–268.
- Taylor, E.B. 1991. A review of local adaptation in Salmonidac, with particular reference to Pacific and Atlantic salmon. *Aquaculture*, 98(1-3), pp.185–207.
- Taylor, E.B., Beacham, T.D. and Kaeriyama, M. 1994. Population structure and identification of North Pacific Ocean chum salmon (*Oncorhynchus keta*) revealed by an analysis of minisatellite DNA variation. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 51(6), pp.1430–1442.

- Teixeira, J.C. and Huber, C.D. 2021. The inflated significance of neutral genetic diversity in conservation genetics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(10), p.e2015096118.
- Thériault, V., Moyer, G.R., Jackson, L.S., Blouin, M.S. and Banks, M.A. 2011. Reduced reproductive success of hatchery coho salmon in the wild: insights into most likely mechanisms. *Molecular Ecology*, 20(9), pp.1860–1869.
- Van Doornik, D.M., Ford, M.J. and Teel, D.J. 2002. Patterns of temporal genetic variation in coho salmon: estimates of the effective proportion of 2-year-olds in natural and hatchery populations. *Transactions of the American Fisheries Society*, 131(6), pp.1007–1019.
- Waples, R.S. 1990. Conservation genetics of Pacific salmon. II. Effective population size and the rate of loss of genetic variability. *Journal of Heredity*, 81(4), pp.267–276.
- Waples, R.S. 2006. A bias correction for estimates of effective population size based on linkage disequilibrium at unlinked gene loci. *Conservation Genetics*, 7(2), pp.167–184.
- Waples, R.S. 2024. Practical application of the linkage disequilibrium method for estimating contemporary effective population size: A review. *Molecular Ecology Resources*, 24(1), p.e13879.
- Waples, R.S. and Do, C.H.I. 2008. LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources*, 8(4), pp.753–756.
- Wang, J. 2009. A new method for estimating effective population sizes from a single sample of multilocus genotypes. *Molecular Ecology*, 18(10), pp.2148–2164.
- Wetklo, M., Withler, R.E. and Guimond, E. 2020. Puntledge river summer Chinook parentage-based tagging study Year 6. Fish and Wildlife Compensation Program.
- Withler, R.E. 1988. Genetic consequences of fertilizing chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) eggs with pooled milt. *Aquaculture*, 68(1), pp.15–25.
- Withler, R.E. and Beacham, T.D. 1994a. Genetic consequences of the simultaneous or sequential addition of semen from multiple males during hatchery spawning of chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Aquaculture*, 126(1-2), pp.11–23.
- Withler, R.E. and Beacham, T.D. 1994b. Genetic variation in body weight and flesh colour of the coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) in British Columbia. *Aquaculture*, 119(2–3), pp.135–148.
- Withler, R.E., O'Brien, D.S., Watson, N.M. and Supernault, K.J. 2014. Maintenance of genetic diversity in natural spawning of captively-reared endangered sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*. *Diversity*, 6(2), pp.354–379.
- Withler, R.E., Bradford, M.J., Willis, D.M., and Holt, C. 2018. [Genetically Based Targets for Enhanced Contributions to Canadian Pacific Chinook Salmon Populations](#). DFO Can. Sci. Advis. Sec. Res. Doc. 2018/019. xii + 88 p. (Erratum: October 2023)
- Wright, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16(2), pp.97.

Annexe A

L'information présentée ci-dessous est un extrait de *La politique du Canada pour la conservation du saumon sauvage du pacifique* de 2016 (MPO 2016), qui contient les lignes directrices relatives à la gestion génétique des stocks de géniteurs d'écloserie qui ont servi de fondement au présent rapport de réponse scientifique. Entre les sections citées du MPO (2016) sont intercalées des lignes en gras commençant par « Commentaires », qui fournissent de brefs énoncés concernant la cohérence de l'information précédente avec l'examen mis à jour présenté dans la section Analyse et réponse plus haut.

4. Lignes directrices opérationnelles pour le prélèvement de géniteurs et la fraie dans les écloseries du Programme de mise en valeur des salmonidés (PMVS)

4,1. Portée des lignes directrices

Ces lignes directrices ont été élaborées pour guider le prélèvement de géniteurs et la fraie du saumon du Pacifique dans les écloseries et les installations d'incubation du PMVS. Elles décrivent les objectifs de production et fournissent des stratégies pour gérer les ressources génétiques, afin de préserver autant que possible l'ensemble du matériel génétique au sein d'une population existante pour n'importe quel objectif. Les lignes directrices ne s'appliquent pas à la truite arc-en-ciel et à la truite fardée, car la gestion de ces espèces est une responsabilité provinciale.

4,2. Objectifs de production du programme

Les projets de mise en valeur sont planifiés et mis en œuvre dans le cadre d'un processus de planification intégrée. Ils consistent à établir des cibles et des stratégies concernant les libérations pour les juvéniles qui produiront le nombre d'adultes désiré tout en tenant compte des interactions entre les espèces, des effets sur les stocks existants, de la récolte, de la capacité de l'habitat et de la capacité du projet. Ce processus est décrit dans le cadre de planification de la production du PMVS (MPO 2012). Ce cadre définit également cinq objectifs propres à la production de poissons, et chaque groupe de poissons pris en compte dans la planification de la production doit répondre à au moins un de ces objectifs. Ces objectifs influencent à leur tour le prélèvement de géniteurs et les stratégies de fraie.

- Récolte – La mise en valeur pour les pêches qui dépendent de la production en écloserie et qui disparaîtraient ou deviendraient gravement limitées en l'absence d'une mise en valeur. Cela comprend les possibilités de récolte pour les pêches des Premières Nations et les pêches récréatives ou commerciales. Lorsque l'objectif consiste à offrir une possibilité de pêche ciblée, des objectifs de production peuvent être établis en tenant compte à la fois des besoins en matière de fraie naturelle et de récolte.
- Évaluation – Les poissons produits pour le marquage lorsque l'information sur l'évaluation des stocks contribue aux priorités d'évaluation de la région du Pacifique, telles que le Traité sur le saumon du Pacifique. L'information peut également contribuer à l'évaluation comme définie dans le cadre régional d'évaluation des stocks, les priorités régionales d'évaluation des stocks et les priorités régionales d'évaluation du PMVS, c'est-à-dire, les poissons produits pour mesurer le rendement des programmes. Les poissons produits à des fins d'évaluation répondent généralement à d'autres objectifs également, mais, dans quelques cas, les poissons sont produits uniquement pour le marquage aux fins d'évaluation.
- Conservation – La mise en valeur d'un stock très susceptible de disparaître du pays ou de la planète, ou d'un stock vulnérable qui a été désigné comme une priorité régionale

(p. ex. les populations visées par une stratégie de conservation/rétablissement officielle). Cela comprend la reconstitution des populations ou des unités de conservation disparues à l'échelle locale et/ou à risque élevé de disparaître du pays.

- Rétablissement – La mise en valeur d'un stock dont la taille est en deçà de la capacité de charge apparente. Cela comprend le rétablissement de populations décimées et l'atténuation de la perte d'habitat.
- Intendance et éducation – Des poissons peu nombreux produits pour offrir une occasion d'intendance ou d'éducation. La production à ces fins est évaluée en fonction de la contribution aux objectifs en matière d'intendance et d'éducation, et non en fonction des niveaux de production ou de la contribution à la récolte ou aux échappées.

Commentaires : Bien qu'il ne s'agisse pas de l'objet du présent rapport, un programme et des objectifs biologiques clairement définis pour les lignées d'écloserie sont des éléments clés de l'évaluation des programmes de mise en valeur et de l'atténuation des risques génétiques.

Les objectifs de production pour la conservation et le rétablissement sont fixés à des niveaux qui permettent la reconstitution de la population frayant naturellement, mais qui limitent le risque de modifier ses variations génétiques en régulant la proportion de poissons mis en valeur qui frayent dans la population frayant naturellement. Par conséquent, les cibles et les stratégies concernant les libérations doivent être établies de sorte que les montaisons de saumon provenant de la mise en valeur ne dépassent pas 50 % des cibles concernant les échappées. Ce pourcentage peut être dépassé au cours des années précédant l'atteinte de la cible. Les cibles de prélèvement pour le stock de géniteurs ne doivent pas dépasser 30 % de l'échappée.

Commentaires : Les intentions des lignes directrices ci-dessus sont compatibles avec l'atténuation des risques génétiques pour le saumon sauvage du Pacifique. Toutefois, les limites proposées devraient dépendre de la désignation biologique de la population comme définie dans Withler *et al.* (2018). Pendant au moins certaines phases de conservation ou de rétablissement, il est probable qu'une population aura une désignation cible intégrée-sauvage ou intégrée-transition, et il est peu probable que les limites de 50 % et de 30 % ci-dessus soient compatibles avec ces cibles dans tous les cas.

Lorsque l'objectif est de reconstituer une population locale disparue, ou lorsque la population est au centre d'un processus de rétablissement officiel, comme dans le cadre de la stratégie de rétablissement des saumons rouges du lac Cultus (Cultus Sockeye Recovery Team 2005), les plans de prélèvement de géniteurs et la contribution accrue doivent être établis lors du processus de planification du rétablissement ou de la production et peuvent dépasser ces limites afin de répondre aux objectifs et aux calendriers de rétablissement.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport.

Des exceptions peuvent également être appliquées dans les bassins versants où l'habitat de fraie naturel est très limité, comme la rivière Capilano où l'installation d'un barrage a restreint l'accès des poissons à une grande partie de l'habitat de fraie.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport.

Pour les groupes de production ayant un objectif de récolte défini, la proportion des échappées frayant naturellement qui peut être composée de poissons d'écloserie et prélevés pour les stocks de géniteurs peut être établie dans le cadre d'un processus de planification intégrée approuvé ou d'une table ronde sur la récolte. Un tel processus permettra d'établir un lien entre

la production de poisson et la planification des récoltes pour la pêche cible et tiendra compte des exigences en matière d'écloserie et d'échappée naturelle. Si la proportion de l'échappée qui sera constituée de poissons mis en valeur ou prélevés comme géniteurs n'est pas établie dans le cadre d'un processus de planification intégrée approuvé, les limites fixées pour le rétablissement s'appliqueront.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport.

4.3. Gestion génétique – Pratiques relatives au prélèvement de géniteurs et à la fraie

Indépendamment des objectifs de production du programme, une quantité suffisante de géniteurs qui représentent adéquatement toute la population de donneurs et ses caractéristiques génétiques est essentielle pour réduire au minimum la possibilité de perte de variation et les effets génétiques indésirables. Les pratiques de sélection de géniteurs et de fraie appropriées peuvent réduire au minimum les risques d'événements génétiques et maintenir la variabilité génétique de la population. De telles pratiques sont essentielles pour déterminer la constitution génétique d'une population et son adaptabilité à long terme.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport.

4.4. Prélèvement de géniteurs

4.4.1. Pour tous les objectifs du programme. Les géniteurs prélevés doivent être choisis au hasard, dans la mesure du possible, pour représenter l'ensemble de la période de montaison, des groupes d'âge, des tailles, etc. Les principaux aspects sont les suivants :

- Maximiser la population de reproduction réelle.
- Utiliser des poissons de la totalité de la période de montaison.
- Prélever des géniteurs de façon aléatoire dans toute la population pour représenter les poissons de l'éventail complet de caractéristiques physiques, y compris les poissons petits ou sexuellement précoces.

Commentaires : Les trois points ci-dessus sont conformes au présent rapport.

- Prélever des unibermarins proportionnellement à leur abondance dans l'échappée, car ces mâles précoces peuvent contenir du matériel génétique important pour l'adaptabilité à long terme de la population.

Commentaires : Les unibermarins ne contribuent pas à la fraie naturelle à un taux correspondant à leur abondance proportionnelle dans l'échappée. Les unibermarins devraient être utilisées pour la fraie, mais à un taux inférieur à leur abondance proportionnelle. Pour en savoir plus, consultez la section Analyse et réponse.

- Éviter la sélection artificielle ou intentionnelle de reproducteurs afin de préserver et de maintenir la diversité génétique et de réduire au minimum la sélection artificielle.
- Lorsque les cibles concernant le nombre d'œufs sont faibles ($\leq 10\,000$ œufs) ou lorsque les conditions météorologiques ou les circonstances logistiques restreignent le prélèvement de géniteurs à une courte période (p. ex. une fin de semaine), des stratégies pour améliorer la représentativité doivent être employées. Cela peut inclure la collecte de certains stocks de géniteurs à partir du plus grand nombre de sites possible dans la rivière ou le prélèvement de géniteurs à partir d'une partie différente de la période de montaison chaque année.

Commentaires : Les deux points ci-dessus sont conformes au présent rapport.

4.4.2. Lorsque l'objectif est le rétablissement ou la conservation

a) Pour les populations décimées qui ne font pas partie des processus de planification active du rétablissement

- Ne retirez pas plus du tiers de l'échappée frayant naturellement aux fins d'utilisation par l'écloserie. Cela peut signifier que les objectifs de production ne seront pas atteints. Laissez les autres poissons frayer naturellement pour maintenir une population viable frayant naturellement.
 - Lors du prélèvement de reproducteurs au moyen d'une barrière ou d'une fascine de collecte à l'écloserie, prélevez environ le tiers des poissons manipulés à chaque occasion, en les stratifiant selon le sexe.

Commentaires : Le point ci-dessus est incompatible avec les pratiques exemplaires actuelles fondées sur les désignations biologiques établies par Withler *et al.* (2018). Les prélèvements proportionnels pour les stocks de géniteurs doivent être déterminés dans le contexte de la désignation biologique ciblée de la population. Dans certains cas, un tiers sera approprié, tandis que dans d'autres, ce sera trop libéral ou trop prudent. Pour en savoir plus, consultez la section Analyse et réponse.

- Lors du prélèvement de géniteurs sans barrière ni passe à poissons à l'écloserie (p. ex. pêche à la ligne, pêche à la senne), il peut être difficile d'estimer le tiers de la montaison totale. S'il semble que les montaisons sont faibles, le prélèvement de géniteurs devrait être prudent. Consultez le personnel compétent et tenez compte des échappées de l'année de cycle précédente.

Commentaires : Le point ci-dessus est conforme au présent rapport si la limite d'un tiers est ajustée pour refléter la désignation biologique de la population, comme mentionné dans les commentaires précédents.

- Lorsque les nombres de poissons dans les montaisons sont faibles, les stocks de géniteurs utilisés seront souvent limités et comprendront un petit nombre d'adultes. Il est essentiel de respecter rigoureusement les lignes directrices relatives à la fraie afin de réduire au minimum les risques de modification génétique.

Commentaires : Le point ci-dessus est conforme au présent rapport.

- Lorsqu'il y a des proportions environ égales de poissons sauvages et de poissons d'écloserie identifiables de l'extérieur dans la montaison, il est acceptable d'inclure les deux groupes dans le stock de géniteurs selon leur fréquence, si l'on reconnaît que tous les poissons d'écloserie n'ont pas été marqués à leur libération.
- Lorsque les poissons d'écloserie identifiables de l'extérieur prédominent la partie de l'échappée accessible pour le prélèvement de stocks de géniteurs, la proportion de poissons d'écloserie utilisée devrait être approximativement l'inverse de leur proportion dans l'échantillon pour assurer une représentation adéquate des poissons sauvages (p. ex. 70 % écloserie, 30 % sauvage dans l'échantillon – le stock de géniteurs devrait comprendre environ 30 % de poissons d'écloserie et 70 % de poissons sauvages).

Commentaires : Les deux points ci-dessus, qui constituent des lignes directrices générales, sont incompatibles avec les désignations biologiques établies par Withler *et al.* (2018). En fonction de la désignation biologique cible de la population mise en valeur, ces points peuvent être trop libéraux ou trop prudents. Pour en savoir plus, consultez Withler *et al.* (2018).

- Lorsque les poissons d'écloserie ne sont pas identifiables de l'extérieur, il faut utiliser des méthodes de prélèvement de géniteurs qui comprennent toutes les périodes de montaison et tailles pour fournir un mélange de poissons d'écloserie et de poissons sauvages qui représente la population.

Commentaires : Le point ci-dessus est conforme au présent rapport.

b) Pour les populations en processus de rétablissement officiels

Les plans et options de prélèvement de géniteurs doivent être mis au point à l'avance dans le cadre du processus de planification du rétablissement et doivent être examinés et approuvés par l'équipe responsable du rétablissement. Les considérations générales sont les suivantes :

- Dans la mesure du possible, évitez d'utiliser des poissons d'écloserie identifiables comme géniteurs. Toutefois, lorsque le nombre de saumons dans les montaisons est extrêmement faible, l'inclusion de certains poissons provenant d'écloserie peut être nécessaire.
- Les prélèvements de géniteurs peuvent comprendre jusqu'à 50 % des reproducteurs en montaison, en particulier si l'habitat est très pauvre, ce qui entraîne une production sauvage médiocre. Au fur et à mesure que les populations diminuent, du point de vue génétique, il peut être préférable d'utiliser tous les géniteurs disponibles comme stock de géniteurs. Cependant, cette stratégie comporte le risque de perte catastrophique de toute la population en cas de problème à l'écloserie.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport dans son ensemble. Cependant, il est peu probable qu'il soit possible d'éviter totalement les poissons d'écloserie dans les stocks de géniteurs dans tous les cas, et même dans les populations sauvages intégrées, la *pBON* peut être aussi faible que 0,77, ce qui suggère que le biais total contre les poissons d'écloserie dans les stocks de géniteurs peut être inutilement prudent et pourrait nuire au rétablissement de la population.

4.4.3. Lorsque l'objectif du programme est la récolte

- La proportion des échappées prélevées comme stock de géniteurs devrait être déterminée dans le cadre du processus de planification de la production pour la pêche cible. En l'absence d'un processus de planification, la proportion retirée doit être la même que celle utilisée pour l'objectif de rétablissement, c'est-à-dire pas plus du tiers des échappées frayant naturellement.
- Lorsque l'objectif de mise en valeur est une pêche ciblée, il est fréquent que les géniteurs soient entièrement prélevés au niveau de la fascine de l'écloserie et qu'ils soient composés des poissons qui reviennent à l'écloserie. L'ajout de saumon sauvage dans le stock de géniteurs de l'écloserie (environ 10 %) peut être bénéfique. Cependant, il est acceptable d'obtenir tous les géniteurs requis parmi les poissons qui reviennent à l'écloserie lorsque les populations de géniteurs dépassent 100 paires, car une petite proportion de la montaison est susceptible de provenir de poissons frayant naturellement.
- Il est peu probable que l'ajout de géniteurs sauvages capturés à l'extérieur de l'écloserie entraîne des répercussions appréciables lorsque les populations de géniteurs dépassent 100 paires, mais il sera bénéfique si elles sont plus petites.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport dans son ensemble. L'incorporation de poissons d'origine naturelle dans les stocks de géniteurs d'écloserie est essentielle pour éviter la ségrégation des saumons d'écloserie et pour maintenir les influences naturelles dans la population. Toutefois, en fonction de la

désignation biologique cible de la population, comme définie dans Withler *et al.* (2018), il est possible de dépasser la limite d'un tiers indiquée ci-dessus (p. ex. intégrée-écloserie).

4.5. Fraie

4.5.1. Tous les objectifs – Toutes les tailles de stock de géniteurs

- Il faut induire la fraie de tous les géniteurs entièrement matures prélevés, sans égard à l'âge, à la taille ou à d'autres caractéristiques physiques. N'excluez pas d'individu pour quelque raison que ce soit, à l'exception de ceux qui présentent des symptômes de maladie ou des blessures physiques pouvant compromettre la fécondité ou la viabilité des gamètes.
- Utilisez l'accouplement entièrement aléatoire et évitez toute sélection. Les modèles naturels d'accouplement sont complexes et mal compris, et il est peu probable qu'ils soient maintenus dans un environnement d'écloserie.
- Utilisez un mâle et une femelle, sauf dans la mesure décrite ci-dessous. Cette stratégie garantit que chaque mâle apporte une contribution génétique égale.
- Ne mélangez pas la laitance de deux ou plusieurs mâles pour ensuite l'ajouter aux œufs. Cette pratique est connue sous le nom de « mélange » de la laitance et peut faire que la laitance d'un seul mâle féconde une part disproportionnée des œufs.

Commentaires : Les quatre points ci-dessus sont conformes au présent rapport.

- Il est fortement recommandé de ne pas réutiliser les mâles, sauf dans le cadre de protocoles de fraie précis. Dans un protocole séquentiel, deux mâles peuvent être utilisés de façon séquentielle par femelle. Un mâle donné doit être le premier mâle pour une seule femelle, comme suit :

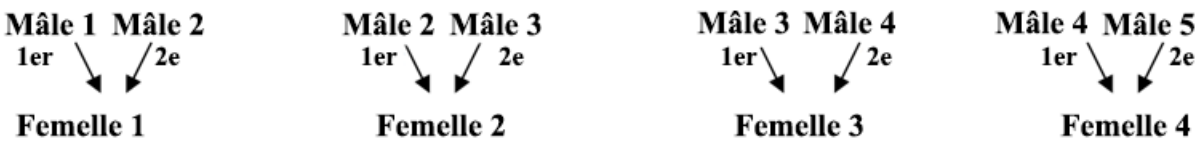


Figure A1. Diagramme du MPO (2016) montrant un protocole séquentiel utilisant deux mâles par femelle.

Commentaires : Le point ci-dessus est généralement conforme au présent rapport lorsque l'utilisation séquentielle des mâles est jugée nécessaire. Cependant, la réutilisation des mâles n'est pas conforme aux pratiques exemplaires génétiques.

- Consultez un biologiste de soutien si vous prévoyez réutiliser des mâles d'une autre façon que conformément aux protocoles de fraie présentés dans ces lignes directrices.
- En général, ne remettez pas à l'eau les mâles vivants qui ont été utilisés pour frayer en écloserie dans leurs réseaux d'origine. Ces mâles auront déjà contribué de façon disproportionnée au matériel génétique du stock comparativement aux poissons sauvages, et, s'ils sont libérés, auront la possibilité de contribuer encore plus. Cependant, consultez un biologiste de soutien s'il y a un sex-ratio très disproportionné entre les géniteurs naturels.

Commentaires : Les deux points ci-dessus sont conformes au présent rapport.

4.5.2. Fraie de géniteurs de plus de 50 paires

- Lorsque vous procédez à la fraie de plus de 50 paires de géniteurs ayant :

Région du Pacifique

- Un sex-ratio d'environ 1:1, accouplez chaque femelle avec un mâle individuel. Cela contribue à conserver la diversité génétique.
- Plus de femelles que de mâles, utilisez la fraie matricielle (tableau 1) ou la stratégie de fraie hiérarchique suivante, où la laitance de mâles individuels est divisée entre les femelles disponibles. La laitance ne doit pas être mélangée.



Figure A2. Diagramme du MPO (2016) montrant un exemple de protocole de fraie hiérarchique avec des sex-ratios inégaux (p. ex. plus de femelles que de mâles).

- La fraie un à un est préférable. Cependant, dans les situations de fraie où il est difficile sur le plan logistique de garder les œufs de femelles individuelles séparés avant la fécondation (p. ex. plus de 250 croisements indépendants ou travail sur le terrain en région éloignée), l'accouplement factoriel peut être envisagé. Les œufs d'un certain nombre de femelles sont regroupés, puis doucement et soigneusement mélangés. Les œufs regroupés sont divisés en lots égaux dans des contenants distincts, le nombre de contenants étant égal au nombre de femelles constituantes. Chaque lot est ensuite fécondé avec la laitance provenant d'un mâle différent, comme suit. La laitance ne doit pas être mélangée.

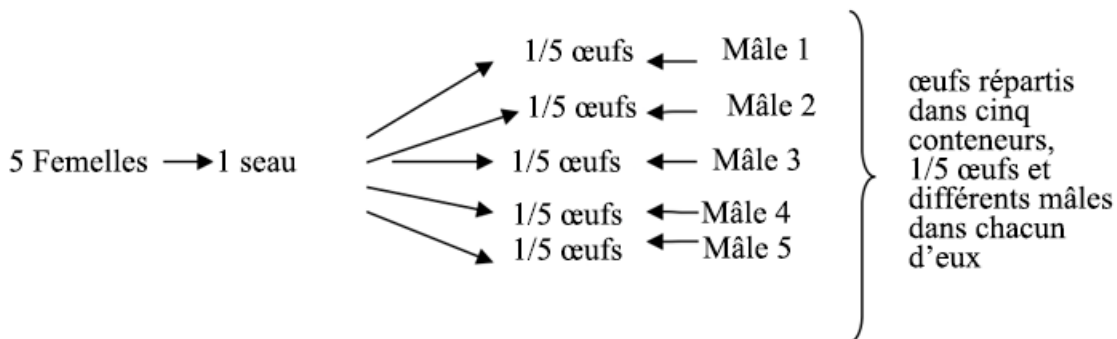


Figure A3. Diagramme du MPO (2016) montrant l'accouplement factoriel, avec cinq femelles.

Commentaires : La section ci-dessus est conforme au présent rapport. Il convient de noter que le tableau 1 mentionné ci-dessus dans MPO (2016) ne se trouve pas dans cette annexe, mais qu'il contient les mêmes renseignements que les tableaux 4 et 6 de la section Analyse et réponse.

4.5.3. Fraie de géniteurs de moins de 50 paires

- Lors de la fraie de moins de 50 paires, quel que soit le sex-ratio, il faut essayer d'utiliser tous les adultes dans la reproduction matricielle afin de maximiser la variation génétique des œufs (tableau 1). Dans la fraie matricielle, les œufs de chaque femelle sont divisés en lots égaux. Chaque lot d'une femelle doit être fécondé par un mâle différent. Cette stratégie permet d'utiliser tous les géniteurs, même lorsque le rapport des sexes est inégal, et maximise les combinaisons génétiques et la contribution de chaque parent. Elle permet également de faire le suivi de l'information concernant les familles, au besoin.

Commentaires : Le point ci-dessus est conforme au présent rapport. Voir la note concernant le tableau 1 dans les commentaires précédents.

- Le choix de la matrice dépendra de la maturité, de la disponibilité et du sex-ratio des géniteurs. Un minimum de deux individus du sexe le moins fréquent est recommandé pour chaque matrice et à des fins de commodité, et un maximum de quatre femelles.

Commentaires : Le point ci-dessus est généralement conforme au présent rapport. Si cela est possible d'un point de vue logistique, le fait de porter le nombre maximal de femelles à cinq aurait du mérite. Les augmentations au-delà de cinq apportent des avantages supplémentaires, mais les rendements diminuent. Pour en savoir plus, consultez la section Analyse et réponse.

Annexe B

pGIE (équation 7)

$$pGIE = \frac{RIE}{RIE + RON}$$

$$pGIE = \frac{G \times pS \times \alpha \times R_N}{(G \times pS \times \alpha \times R_N) + (G \times (1 - pS) \times R_N)}$$

$$pGIE = \frac{pS \times \alpha}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)}$$

pBON (équation 8)

$$pBON = \frac{RON}{RIE + RON}$$

$$pBON = \frac{G \times (1 - pS) \times R_N}{(G \times pS \times \alpha \times R_N) + (G \times (1 - pS) \times R_N)}$$

$$pBON = \frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)}$$

INP (équation 9)

$$INP = \frac{pBON}{pGIE + pBON}$$

$$INP = \frac{\frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)}}{\frac{(pS \times \alpha)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)} + \frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)}}$$

$$INP = \frac{(1 - pS)}{(pS \times \alpha) + (1 - pS)}$$

Annexe C

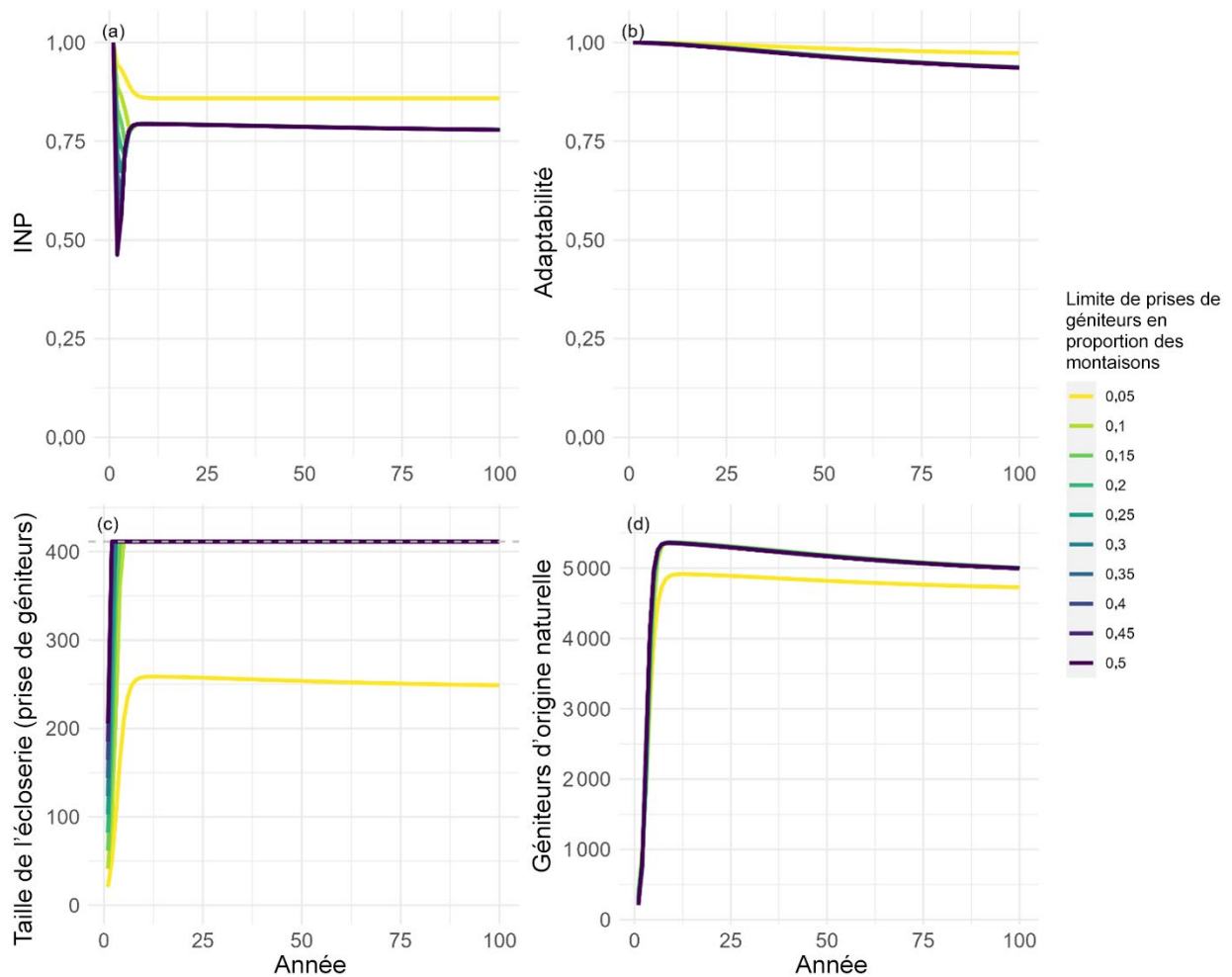


Figure C1. Influence naturelle proportionnelle (INP) modélisée (a), adaptabilité au niveau de la population (b), taille de l'écloserie (c), et abondance des géniteurs naturels (d) sur 100 générations simulées avec une taille d'écloserie maximale (c.-à-d. nombre maximal de géniteurs) de 10 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels dans la population. Les couleurs montrent des courbes pour différentes limites de prélèvement de stocks de géniteurs déterminées par la proportion de l'échappée; à noter que les courbes pour les prélèvements de géniteurs proportionnels se chevauchent essentiellement à plus de 0,05.

Région du Pacifique

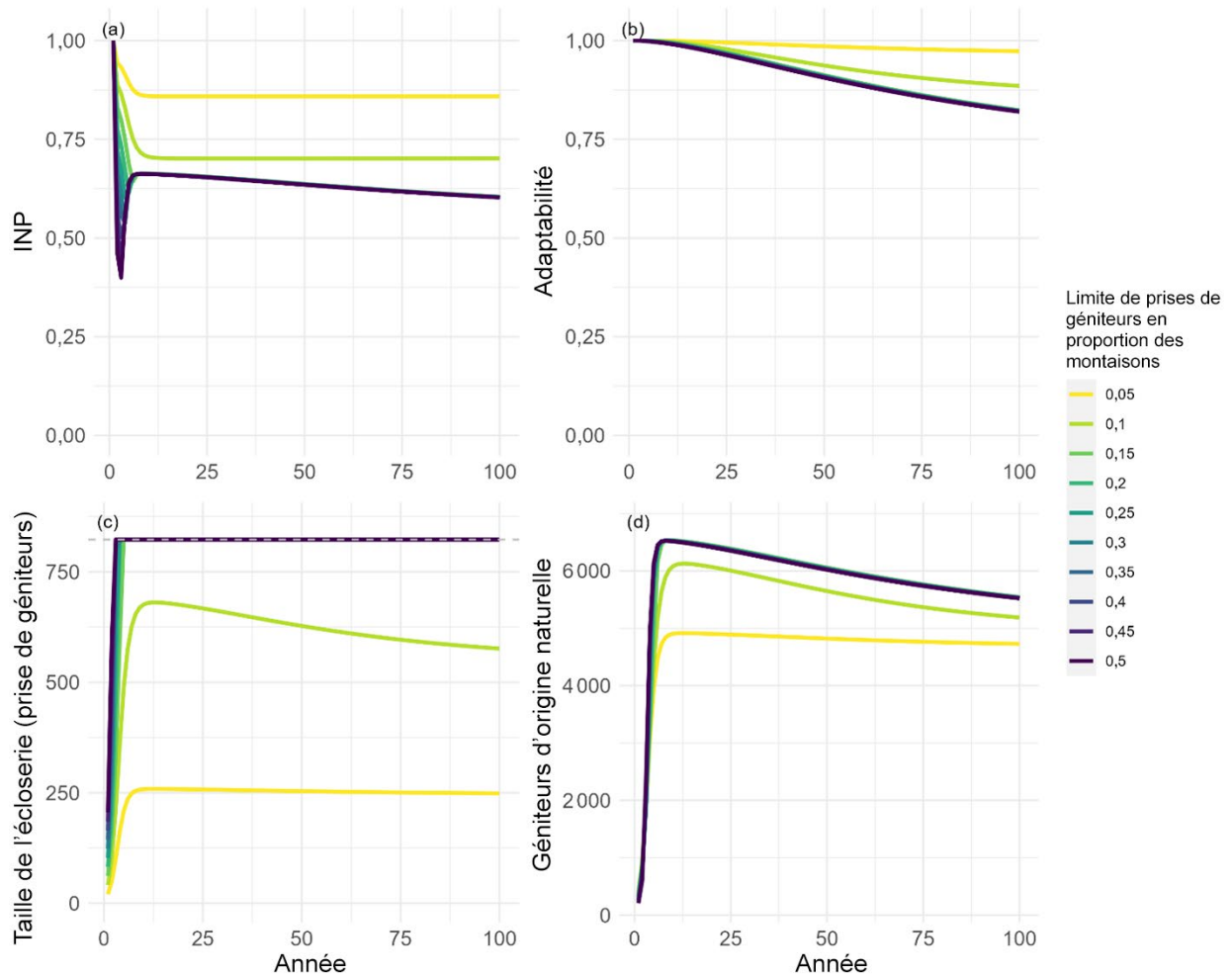


Figure C2. Influence naturelle proportionnelle (INP) modélisée (a), adaptabilité au niveau de la population (b), taille de l'écloserie (c), et abondance des géniteurs naturels (d) sur 100 générations simulées avec une taille d'écloserie maximale (c.-à-d. nombre maximal de géniteurs) de 20 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels dans la population. Les couleurs montrent des courbes pour différentes limites de prélèvement de stocks de géniteurs déterminées par la proportion de l'échappée; à noter que les courbes pour les prélèvements de géniteurs proportionnels se chevauchent essentiellement à plus de 0,10.

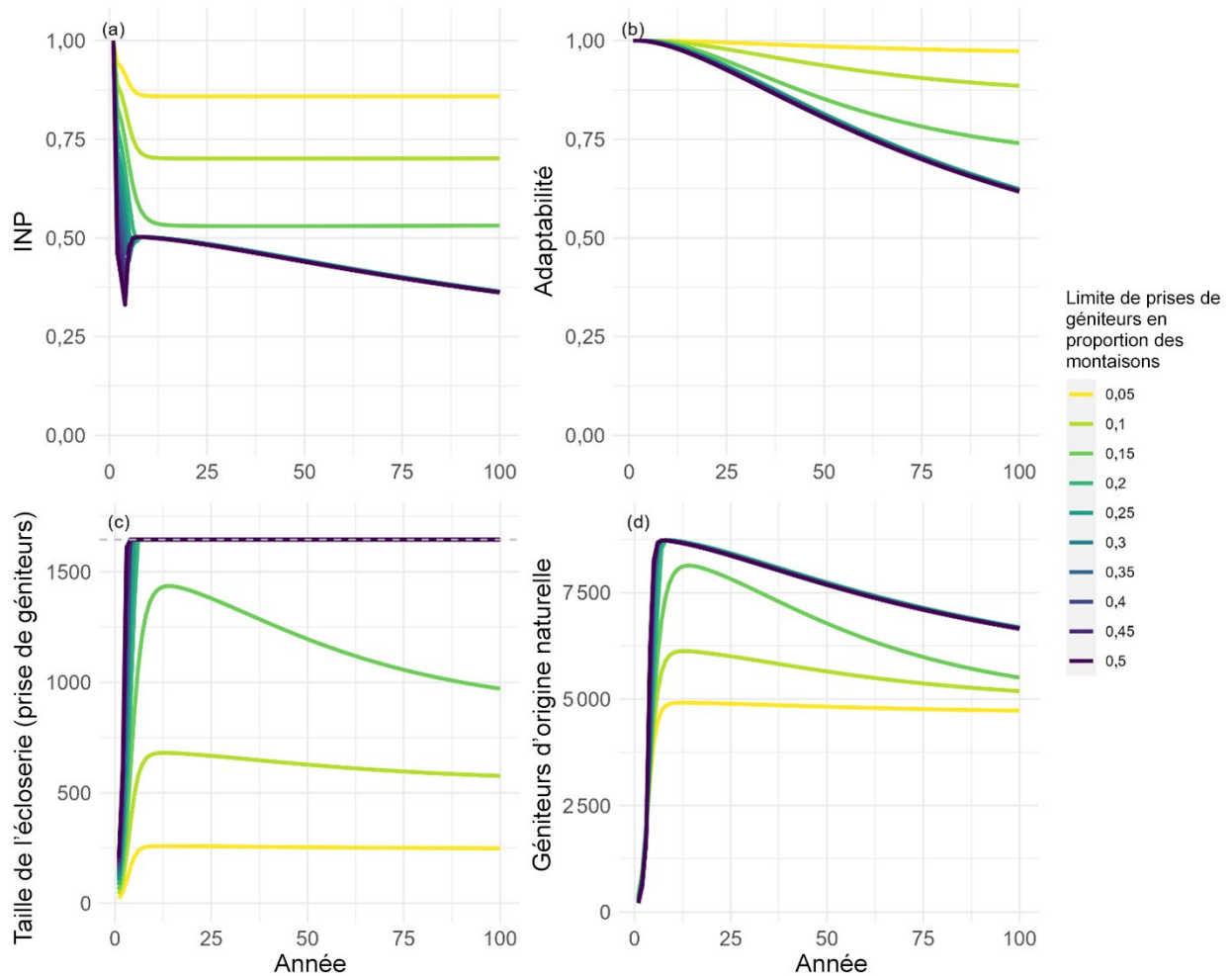


Figure C3. Influence naturelle proportionnelle (INP) modélisée (a), adaptabilité au niveau de la population (b), taille de l'écloserie (c), et abondance des géniteurs naturels (d) sur 100 générations simulées avec une taille d'écloserie maximale (c.-à-d. nombre maximal de géniteurs) de 40 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels dans la population. Les couleurs montrent des courbes pour différentes limites de prélèvement de stocks de géniteurs déterminées par la proportion de l'échappée; à noter que les courbes pour les prélèvements de géniteurs proportionnels se chevauchent essentiellement à plus de 0,15.

Région du Pacifique

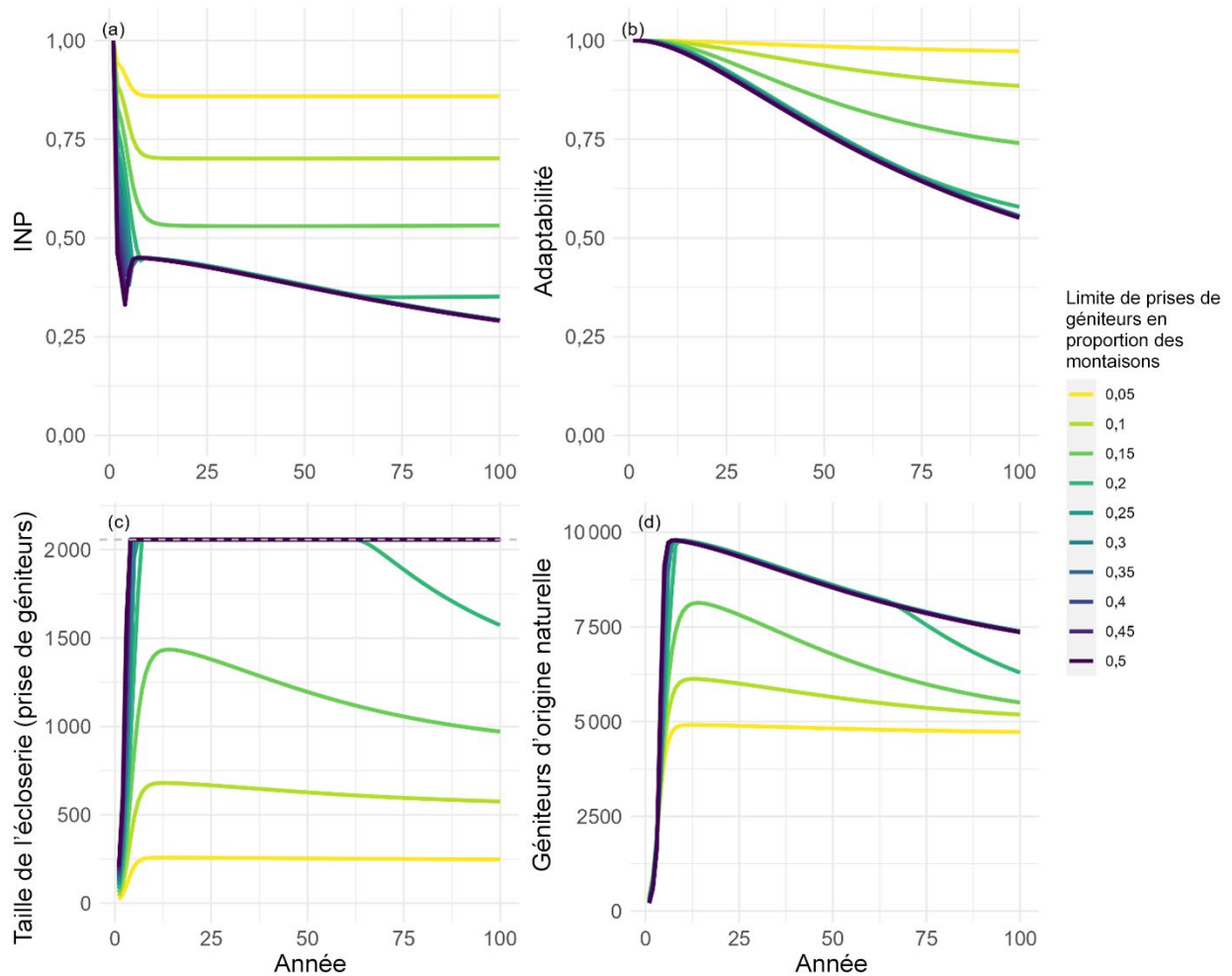


Figure C4. Influence naturelle proportionnelle (INP) modélisée (a), adaptabilité au niveau de la population (b), taille de l'écloserie (c), et abondance des géniteurs naturels (d) sur 100 générations simulées avec une taille d'écloserie maximale (c.-à-d. nombre maximal de géniteurs) de 50 % de l'abondance à l'équilibre de géniteurs naturels dans la population. Les couleurs montrent des courbes pour différentes limites de prélèvement de stocks de géniteurs déterminées par la proportion de l'échappée; à noter que les courbes pour les prélèvements de géniteurs proportionnels se chevauchent essentiellement à plus de 0,20.

Le présent rapport est disponible auprès du :

Centre des avis scientifiques (CAS)
Région du Pacifique
Pêches et Océans Canada
3190, chemin Hammond Bay
Nanaimo (C.-B.) V9T 6N7

Courriel : DFO.PacificCSA-CASPacifique.MPO@dfo-mpo.gc.ca

Adresse Internet : www.dfo-mpo.gc.ca/csas-sccs/

ISSN 1919-3815

ISBN 978-0-660-72781-3 N° cat. Fs70-7/2024-032F-PDF

© Sa Majesté le Roi du chef du Canada, représenté par le ministre du
ministère des Pêches et des Océans, 2024



La présente publication doit être citée comme suit :

MPO. 2024. Preuves scientifiques pour éclairer les pratiques de fraie dans les stations d'alevinage du saumon de Pêches et Océans Canada dans la région du Pacifique. Secr. can. des avis sci. du MPO. Rép. des Sci. 2024/032.

Also available in English:

DFO. 2024. Scientific Evidence to Inform Spawning Practices at Fisheries and Oceans Canada Salmon Hatcheries in the Pacific Region. DFO Can. Sci. Advis. Sec. Sci. Resp. 2024/032.