



PROJET DE RECHERCHE

Diversité génétique des populations d'ombre commun (*Thymallus thymallus*) du bassin du Haut-Rhône et impact de la fragmentation de l'habitat aquatique

D'après Franck CATTANEO (hepia)

Contexte

L'ombre commun (*Thymallus thymallus*), espèce autochtone, patrimoniale et d'un grand intérêt halieutique, est en régression en Europe de l'Ouest depuis une vingtaine d'années. La conservation de cette espèce nécessite des plans de gestion adaptés, prenant en compte ses exigences écologiques mais aussi ses caractéristiques génétiques, qui sont synonymes de « potentiel d'adaptabilité ». Or à ce jour, lors des repeuplements en ombre en Rhône-Alpes, il n'a pas été tenu compte du patrimoine génétique des populations ; de plus, les obstacles au libre déplacement ont diminué la possibilité de brassage génétique, ce qui compromet la persistance à long terme des populations, par perte d'adaptabilité au milieu.



Ombre pêché dans le Nant de Sion lors d'une pêche de sondage en mars 2009 (photo FDPPMA 74)

La Suisse a lancé le projet « Thymallus » sur la diversité génétique de l'ombre sur l'ensemble de la confédération. Il est intéressant d'étendre la zone d'étude au bassin du Haut-Rhône français, car ce bassin et le bassin lémanique pourraient constituer une zone de contact entre deux lignées distinctes d'ombres, l'une d'origine rhénane et l'autre rhodanienne. De plus, ces deux bassins présentent un important niveau de fragmentation de l'habitat aquatique, en grande partie lié aux aménagements de production hydroélectrique. Ces ouvrages ont pu favoriser un isolement des populations, avec des répercussions potentielles sur les caractéristiques génétiques de celles-ci et sur leur pérennité à long terme.

L'objectif de cette étude est de préciser les différentes origines phylogéographiques des ombres du bassin du Haut-Rhône et de comprendre comment sont structurées génétiquement les populations, afin d'établir ultérieurement des plans de conservation appropriés.

Objectifs du projet :

- réactualiser les connaissances concernant la distribution actuelle de l'ombre commun dans le bassin du Haut-Rhône français ;
- évaluer les impacts de la fragmentation du continuum aquatique sur la structure génétique des populations ;
- estimer le « degré de naturalité » des populations sur la base des taux d'introgression de gènes exotiques ;
- proposer, si nécessaire, des mesures de gestion appropriées aux caractéristiques génétiques des populations en place.

Etapes du projet :

Plusieurs fédérations de pêche de la région Rhône-Alpes ont souhaité s'associer au programme : dans le cadre d'un partenariat avec hepia, ces fédérations souhaitent intégrer les populations d'ombres de certaines rivières de leur département, dans ce programme d'études génétiques des populations d'ombres du bassin du Haut-Rhône français.

Echantillonnage des populations d'ombres, entre le printemps et l'automne 2010, par pêche électrique, piégeage ou pêche à la ligne par des pêcheurs volontaires sur 17 tronçons, permettant d'avoir plusieurs couples de stations « amont-aval d'un ouvrage hydroélectrique », afin de mettre en évidence un effet potentiel de la fragmentation. Ces échantillonnages auront lieu en Haute-Savoie, Savoie, Ain, Isère, Doubs, Jura et Drôme.

Parallèlement à ce programme, des piégeages seront réalisés dans le Nant de Sion en Haute-Savoie : un piège permettra l'échantillonnage des ombres adultes à la montaison, du mois de février à avril 2010, et un piégeage des juvéniles est prévu en juin 2010, afin de récolter des données sur le mode de dévalaison de l'ombre, mal connu.



Mise en place du piège en février 2010



Piège à ombres dans le Nant de Sion (photos FDPPMA 74)

Analyses génétiques sur des échantillons de nageoires prélevées lors des échantillonnages ; ces analyses seront réalisées au laboratoire du Dr Steven Weiss de l'Université de Graz en Autriche. L'ADN mitochondrial des cellules sera analysé pour distinguer si les populations d'ombres de la zone échantillonnée se différencient selon de grandes lignées évolutives ; les microsatellites de l'ADN du noyau cellulaire seront analysés pour mettre en évidence des différenciations génétiques, à des échelles de temps et d'espace plus fines, pouvant résulter d'une fragmentation récente de l'habitat aquatique.

Le rendu final de cette étude s'effectuera au plus tard fin avril 2011.

Merci à :

