

## Revue des sciences de l'eau

# Connectivité entre les populations du fjord du Saguenay et celles du golfe du Saint-Laurent

Jean-Marie Sévigny, Alexandra Valentin, André Talbot et Nadia Ménard

---

Volume 22, numéro 2, 2009

URI : [id.erudit.org/iderudit/037487ar](https://doi.org/10.7202/037487ar)  
<https://doi.org/10.7202/037487ar>

[Aller au sommaire du numéro](#)

---

Éditeur(s)

Université du Québec - INRS-Eau, Terre et Environnement  
(INRS-ETE)

ISSN 0992-7158 (imprimé)  
1718-8598 (numérique)

[Découvrir la revue](#)

---

Citer cet article

Sévigny, J., Valentin, A., Talbot, A. & Ménard, N. (2009).  
Connectivité entre les populations du fjord du Saguenay et  
celles du golfe du Saint-Laurent. *Revue des sciences de l'eau*, 22  
(2), 315–339. <https://doi.org/10.7202/037487ar>

---

Résumé de l'article

L'analyse des marqueurs microsatellites et d'allozymes chez différentes espèces de poissons de fond (morue, flétan du Groenland et sébaste) et de crustacés (crabe des neiges et crevette nordique) montre que les organismes du Saguenay et du Saint-Laurent appartiennent aux mêmes populations. La seule différenciation génétique est observée au locus Pan I chez la morue. Cette différenciation pourrait toutefois être causée par la sélection, qui agirait dans le fjord du Saguenay, plutôt que par l'isolement génétique de la population. Les données complémentaires disponibles pour les poissons de fond (composition élémentaire des otolithes, morphométrie et faune parasitaire) montrent que les individus capturés dans le Saguenay diffèrent de ceux du Saint-Laurent. Ces différences suggèrent que les individus du Saguenay et du Saint-Laurent passent la majeure partie de leur cycle vital dans des environnements différents. Considérant la très faible survie larvaire observée dans le fjord, cette revue suggère que les populations de poissons de fond du Saguenay constituent des populations puits, dont le recrutement dépend de l'apport de juvéniles depuis le Saint-Laurent. Une fois les individus installés dans le Saguenay, ils y passent la majorité de leur vie. Même si nous ne possédons pas de données complémentaires pour les crustacés, il est possible que le même mécanisme opère chez ces espèces.

---

Tous droits réservés © Revue des sciences de l'eau, 2009  
Ce document est protégé par la loi sur le droit d'auteur. L'utilisation des services d'Érudit (y compris la reproduction) est assujettie à sa politique d'utilisation que vous pouvez consulter en ligne. [<https://apropos.erudit.org/fr/usagers/politique-dutilisation/>]

---

**é**rudit

Cet article est diffusé et préservé par Érudit.

Érudit est un consortium interuniversitaire sans but lucratif composé de l'Université de Montréal, l'Université Laval et l'Université du Québec à Montréal. Il a pour mission la promotion et la valorisation de la recherche. [www.erudit.org](http://www.erudit.org)

# CONNECTIVITÉ ENTRE LES POPULATIONS DU FJORD DU SAGUENAY ET CELLES DU GOLFE DU SAINT-LAURENT \*

*Connectivity between Saguenay Fjord populations and those of the Gulf of St. Lawrence*

---

JEAN-MARIE SÉVIGNY<sup>1\*</sup>, ALEXANDRA VALENTIN<sup>1</sup>, ANDRÉ TALBOT<sup>2</sup> et NADIA MÉNARD<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Direction des sciences halieutiques et aquaculture, Institut Maurice-Lamontagne, Pêches et Océans Canada, 850, route de la Mer, C.P. 1000, Mont-Joli, Québec, Canada G5H 3Z4

<sup>3</sup>Direction de la recherche sur la protection des écosystèmes aquatiques, Environnement Canada, 105, rue McGill, 7<sup>e</sup> étage, Montréal, Québec, Canada H2Y 2E7

<sup>4</sup>Parc marin du Saguenay – Saint-Laurent, 182, rue de l'Église, C.P. 220, Tadoussac, Québec, Canada G0T 2A0

Reçu le 6 août 2008, accepté le 16 novembre 2008

---

## RÉSUMÉ

L'analyse des marqueurs microsatellites et d'allozymes chez différentes espèces de poissons de fond (morue, flétan du Groenland et sébaste) et de crustacés (crabe des neiges et crevette nordique) montre que les organismes du Saguenay et du Saint-Laurent appartiennent aux mêmes populations. La seule différenciation génétique est observée au locus *Pan I* chez la morue. Cette différenciation pourrait toutefois être causée par la sélection, qui agirait dans le fjord du Saguenay, plutôt que par l'isolement génétique de la population. Les données complémentaires disponibles pour les poissons de fond (composition élémentaire des otolithes, morphométrie et faune parasitaire) montrent que les individus capturés dans le Saguenay diffèrent de ceux du Saint-Laurent. Ces différences suggèrent que les individus du Saguenay et du Saint-Laurent passent la majeure partie de leur cycle vital dans des environnements différents. Considérant la très faible survie larvaire observée dans le fjord, cette revue suggère que les populations de poissons de fond du Saguenay constituent des populations puits, dont le recrutement dépend de l'apport de juvéniles depuis le Saint-Laurent. Une fois les individus

installés dans le Saguenay, ils y passent la majorité de leur vie. Même si nous ne possédons pas de données complémentaires pour les crustacés, il est possible que le même mécanisme opère chez ces espèces.

**Mots Clés :** *connectivité, allozyme, microsatellite, Pan I, Gadus morhua, Reinhardtius hippoglossoides, Sebastes spp., Chionoecetes opilio, Pandalus borealis*

## ABSTRACT

Microsatellite and allozyme analyses on various species of bottom fishes (cod, Greenland halibut and redfish) and crustaceans (snow crab, northern shrimp) show that individuals from the Saguenay Fjord and from the St. Lawrence belong to the same populations. The only genetic difference observed is at the *Pan I* locus of cod. This differentiation may be caused by selection that would act in the Saguenay Fjord, rather than due to the genetic isolation of the population. Complementary data

\* Parc marin Saguenay–Saint-Laurent

---

\*Auteur pour correspondance :

Téléphone: 418 775-0636

Télécopie: 418 775-0740

Courriel: Jean-Marie.Sevigny@dfp-mpo.gc.ca

ISSN : 1718-8598

Revue des Sciences de l'Eau 22(2) (2009) 315-339

available for bottom fish (elemental composition of otoliths, body morphometry, and parasite fauna) show clear differences between the Saguenay and the St. Lawrence. These differences suggest residence of individuals in the Saguenay and the St. Lawrence for a large proportion of their life cycle. Considering the low larval survival observed in the fjord, this review suggests that the bottom fish populations from the Saguenay represent sink populations whose recruitment depends largely or solely on migration of juveniles from the St. Lawrence. Although there are no complementary data for crustacean species, it is possible that migration and residence are processes operating for those species as well.

**Keywords:** *connectivity, allozyme, microsatellite, Pan 1, Gadus morhua, Reinhardtius hippoglossoides, Sebastes spp., Chionoecetes opilio, Pandalus borealis*

## 1. INTRODUCTION

Les fjords sont souvent caractérisés par des conditions environnementales particulières en comparaison de celles qui prévalent en milieu océanique. Dans plusieurs cas, la topographie ainsi que les caractéristiques et la dynamique hydrographiques limitent les échanges d'individus entre les deux environnements. Graduellement, des différences génétiques et phénotypiques apparaissent dans les populations isolées des fjords sous l'effet de la dérive génétique, la réponse génétique et phénotypique à l'environnement et la variabilité du succès reproductif (ex. JØRSTAD *et al.*, 2004; PERRIN *et al.*, 2004; SKÖLD *et al.*, 2003; SUNEETHA et NAEVDAL, 2001).

Les fjords de la côte est du Canada sont devenus des habitats disponibles pour les espèces marines après la dernière déglaciation qui a débuté il y a 13 000 ans. À cette époque, les masses continentales, incluant Terre-Neuve, étaient couvertes de glace et le niveau des océans était inférieur au niveau actuel. Quand la glace s'est retirée, les fjords ont été envahis par l'eau de mer, mais étaient encore probablement sous la forte influence d'eau douce provenant de la fonte des glaciers. La fonte des glaces a été accompagnée par des changements du niveau de la mer qui a atteint le niveau actuel il y a environ 6 000 ans (DIONNE et OCCHIETTI, 1996; SHAW *et al.*, 2002). Ce phénomène a certainement influencé les taux de colonisation et de migration du fjord du Saguenay (Québec).

Le fjord du Saguenay constitue un environnement unique dans le système du Saint-Laurent (SÉVIGNY et COUILLARD, 1994). Ses caractéristiques topographiques, comme la présence d'un seuil peu profond à son embouchure, de deux bassins intérieurs profonds et salins, d'une couche d'eau saumâtre superficielle et d'une thermo-halocline bien définie, pourraient

représenter une barrière à la migration des espèces marines vivant dans le fjord et entraîner leur isolement. Par contre, le fjord du Saguenay est reconnu pour son taux de renouvellement d'eau « flushing » fréquent de 1 à 3 jours pour le bassin extérieur (THERRIault *et al.*, 1984) et de 2 à 6 mois pour le bassin intérieur (LOUCKS et SMITH-SINCLAIR, 1975). Ce taux de renouvellement des eaux, en favorisant le transport larvaire par exemple, pourrait favoriser la connectivité des populations entre le fjord et le système du Saint-Laurent (estuaire et golfe).

Dans le fjord du Saguenay, la morue franche (*Gadus morhua*), la morue ogac (*G. ogac*), le flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*), le sébaste (*Sebastes* sp.) et l'éperlan arc-en-ciel (*Osmerus mordax*) font l'objet d'une pêche sportive hivernale qui génère des retombées économiques estimées à quatre millions de dollars (MPO, 2007). L'intérêt grandissant pour cette activité récréotouristique s'est accompagné de préoccupations concernant la conservation de la ressource et le développement durable de la pêche. Dans ce contexte, une revue de la pêche sportive hivernale et de ses effets potentiels sur la ressource a été effectuée (TALBOT, 1992). Depuis 1995, un programme de suivi de la pêche a été mis en place (MPO, 2007). Parallèlement, des travaux de recherche ont été entrepris au cours des années pour caractériser les populations de diverses espèces marines du Saguenay et leur degré de connectivité avec les populations de l'estuaire et du golfe du Saint-Laurent (SÉVIGNY et COUILLARD, 1994). Cette information est importante pour la mise en place de mesures appropriées de gestion et de conservation de ces populations.

Différentes méthodes (ex. génétique, morphométrique, marquage, parasites, composition chimique des otolithes, etc.) peuvent être utilisées pour déterminer le degré de connectivité entre les populations du Saguenay et du Saint-Laurent. L'approche génétique est basée sur le fait que si la population du Saguenay est isolée de celle du Saint-Laurent, des différences génétiques (mutations) s'accumuleront d'une génération à l'autre. De la même manière, certains éléments traces qui sont incorporés dans les otolithes au cours de la croissance des poissons reflètent les caractéristiques physiques et chimiques de l'eau. Donc, si les populations de poissons du fjord du Saguenay sont isolées de celles du Saint-Laurent, cet isolement devrait se refléter dans la composition élémentaire des otolithes de ces groupes (CAMPANA *et al.*, 2000; CAMPANA *et al.*, 2007; THRESHER, 1999). Le même raisonnement s'applique pour les autres marqueurs de nature phénotypique comme la morphométrie (SWAIN et FOOTE, 1999) et la faune parasitaire (MACKENZIE et ABAUNZA, 1998).

L'objectif de la présente étude est de déterminer si les populations de diverses espèces marines du fjord du Saguenay sont isolées de celles du Saint-Laurent. Pour atteindre cet objectif, la présente étude (i) offre une synthèse des données génétiques disponibles (publiées ou originales) pour la morue,

le flétan du Groenland, le sébaste, le crabe des neiges et la crevette, (ii) présente des données originales sur la composition chimique des otolithes de morue, et (iii) offre une revue des études basées sur les méthodes alternatives à la génétique, pour les espèces de poissons de fond (Tableau 1).

à partir des marqueurs microsatellites et de la composition élémentaire des otolithes, de même que celles décrivant les caractéristiques génétiques du crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*) dans le fjord du Saguenay et dans Bonne-Baie, sont originales.

## 2. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 2.1 Source des données

Une grande partie des résultats présentés dans cette revue provient d'analyses d'échantillons recueillis au cours de travaux de recherche effectués depuis les années 1990. Ces travaux, dont certains ont été publiés, s'intéressaient à la structure génétique des populations de diverses espèces à l'échelle du golfe du Saint-Laurent (GSL) ou de l'Atlantique du nord-ouest ANO) (Tableau 1). Pour les besoins de la présente revue, les données issues de ces travaux antérieurs ont été réanalysées en utilisant des tests statistiques complémentaires et en utilisant uniquement les échantillons provenant du golfe du Saint-Laurent et du fjord du Saguenay. Les données décrivant la structure de populations de la morue franche (*G. morhua*)

### 2.2 Échantillonnage

Les méthodes d'échantillonnage de la morue franche et du crabe des neiges sont décrites plus en détail puisque ces données n'ont jamais fait l'objet de publication. Les méthodes d'échantillonnage du sébaste, du flétan du Groenland et de la crevette nordique sont décrites dans les références citées au Tableau 1 et les sites apparaissent dans les figures 1 et 2.

#### 2.2.1 Morue (*Gadus sp.*)

Au total, 190 morues, représentant les deux sexes et mesurant 45 cm et plus, ont été échantillonnées dans le golfe du Saint-Laurent et le fjord du Saguenay entre 2002 et 2007 (Tableau 2 et Figure 1). Les morues du golfe ont été capturées à la palangre dans le détroit de Cabot au large de Terre-Neuve (DCTN), de l'autre côté du détroit au large du Cap-Breton

**Tableau 1. Origine des données disponibles pour l'étude de la connectivité des populations d'espèces marines du fjord du Saguenay et celles du système du Saint-Laurent. Les marqueurs utilisés sont aussi indiqués.**

**Table 1. Origin of the data available for the study of the connectivity between populations of marine species of the Saguenay Fjord and those of the St. Lawrence system. The markers used are also indicated.**

Espèce	Échantillonnage		Marqueurs	
	Échelle	Date	Génétique	Autres
<b>Poissons</b>				
Morue <i>Gadus morhua</i>	GSL	2003-2007	microsatellite* <i>Pan 1</i> *	Otolithe*
Flétan du Groenland <i>Reinhardtius hyppoglossoides</i>	ANO	1990-1991	allozyme <sup>1</sup>	parasite <sup>2</sup>
Sébaste <i>Sebastes mentella</i>	ANO	2001-2003	microsatellite <sup>3</sup>	otolithe <sup>4</sup> morphométrie <sup>3</sup>
<b>Crustacés</b>				
Crabe des neiges <i>Chionoecetes opilio</i>	ANO	1990-2003	microsatellite <sup>6*</sup>	
Crevette nordique <i>Pandalus borealis</i>	ANO	1990	allozyme <sup>5</sup>	

<sup>1</sup> SEVIGNY *et al.* (1992).

<sup>2</sup> ARTHUR et ALBERT (1993)

<sup>3</sup> VALENTIN (2006)

<sup>4</sup> CAMPANA *et al.* (2007)

<sup>5</sup> SÉVIGNY *et al.* 2000

<sup>6</sup> PUEBLA *et al.* 2008

\* Données originales

Tableau 2. Description des échantillons de morue franche (*Gadus morhua*) utilisés pour l'analyse génétique et pour l'analyse des otolithes indiquant, pour chaque site, la date de l'échantillonnage et le nombre d'individus analysés par les deux méthodes. L'effectif  $N$  otolithes est un sous-échantillon de l'effectif total représenté par  $N$  génétique. Le poids moyen de l'otolithe (SE pour erreur standard) a été calculé sur  $N$  otolithes.

Table 2. Description of the cod (*Gadus morhua*) samples used for the genetic analysis and for the analysis of the composition of the otoliths indicating, for each site, the sampling date and the number of individuals analyzed for each method. The sample size  $N$  otoliths is a sub-sample of the total sample size represented by  $N$  génétique. Mean weight of the otolith (SE for standard error) was calculated based on  $N$  otoliths.

Échantillon	Date	Poids otolithe mg (SE)	$N$ Otolithes	$N$ Génétique
Anticosti	2005	360 (17)	40	41
Grande-Rivière	2002	462 (27)	13	15
Saguenay	2003, 2005	502 (41)	9	61 <sup>a</sup>
Détroit de Cabot–Terre-Neuve	2007	-	-	49
Détroit de Cabot–Cap Breton	2007	-	-	38
Total			62	190

<sup>a</sup> 476 *G. morhua* et 14 *G. ogac*.

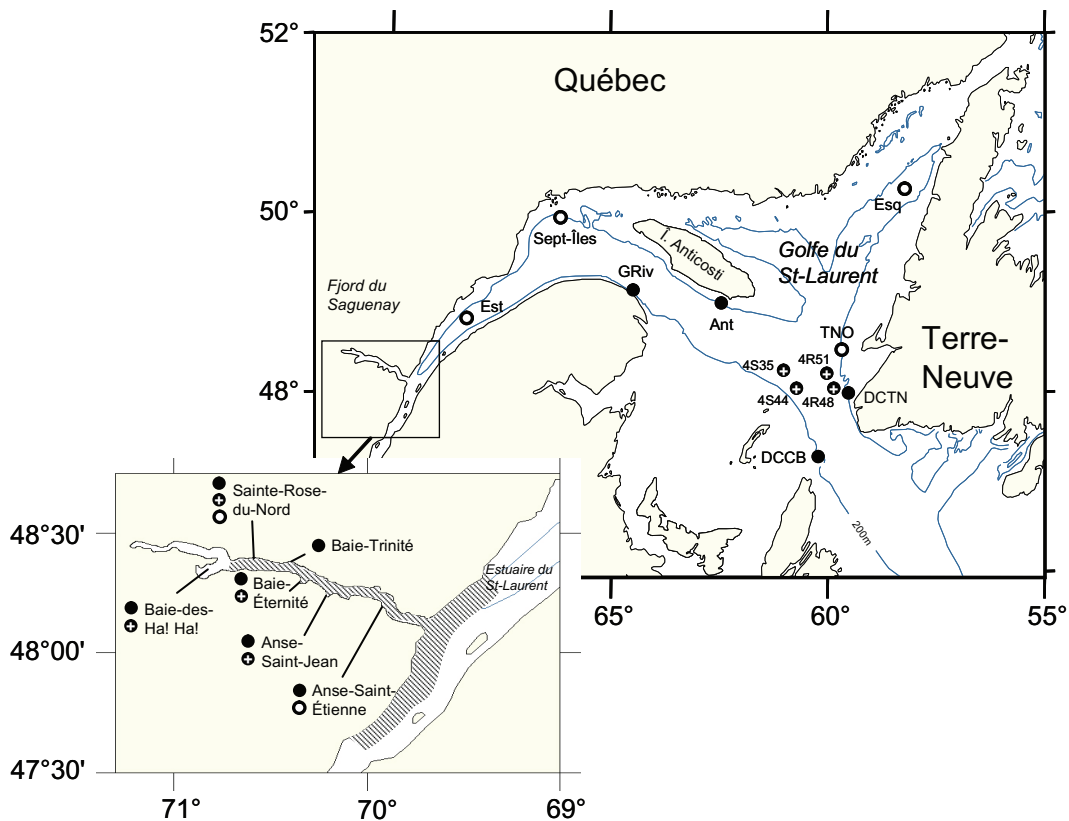


Figure 1. Carte du golfe du Saint-Laurent localisant les sites d'échantillonnage de la morue franche, *Gadus morhua* (cercles noirs), du flétan du Groenland, *Reinhardtius hippoglossoides* (cercles blancs) et du sébaste, *Sebastes mentella* (cercles noirs avec croix blanches). L'agrandissement montre les sites localisés dans le fjord du Saguenay avec les limites du Parc marin du Saguenay–Saint-Laurent (zone hachurée).

Map of the Gulf of St. Lawrence showing the location of the sampling sites for northern cod, *Gadus morhua* (dark circles), Greenland halibut, *Reinhardtius hippoglossoides* (white circles) and redfish, *Sebastes mentella* (dark circles with white crosses). The inset map shows the sites located inside the Saguenay Fjord as well as the boundaries of the Saguenay–St.-Lawrence marine park (hatched area).



(DCCB), ainsi qu'au large de Grande-Rivière (GRiv) et au sud de l'île d'Anticosti (Ant). Des échantillons de tissu (muscle ou gonade) ont été prélevés et conservés dans l'éthanol. Les otolithes des individus d'Anticosti et de Grande-Rivière ont été conservés dans des enveloppes. Les individus du Saguenay ont été pris à la ligne pendant la pêche hivernale, ou au filet maillant à la fin de l'été dans différentes régions du fjord : Baie-des-Ha! Ha!, Sainte-Rose-du-Nord, Anse-Saint-Jean, Rivière-Éternité et Baie-Éternité (Figure 1). Des carcasses et les têtes congelées ont été expédiées à l'Institut Maurice-Lamontagne, où les otolithes ont été prélevés et des échantillons de muscle ont été préservés dans l'éthanol.

### 2.2.2 Crabe des neiges (*C. opilio*)

Les sites d'échantillonnage du crabe des neiges sont représentés à la figure 2. Dans Bonne-Baie, le site est localisé dans le bassin extérieur, qui s'avance dans le golfe du Saint-Laurent avec un seuil d'une profondeur d'environ 50 m. Les

échantillons de crabe des neiges de Bonne-Baie et du fjord du Saguenay étaient constitués de mâles matures mesurant entre 70-152 mm (largeur de carapace) qui ont été capturés entre les mois de mai et septembre 1991 à l'aide de casiers appâtés de type japonais. Les autres échantillons, constitués majoritairement de juvéniles de la cohorte 1998, ont été recueillis à l'aide d'un chalut Nephrops ou Campelen (PUEBLA *et al.*, 2008). Les échantillons de tissus ont été congelés ou préservés dans l'éthanol et transportés à l'Institut Maurice-Lamontagne où les analyses génétiques ont été effectuées.

## 2.3 Analyses de laboratoire

### 2.3.1 Analyses génétiques

Les méthodes de laboratoires, les allozymes et les marqueurs microsatellites utilisés pour l'analyse génétique des échantillons de sébaste, flétan du Groenland, crevette nordique et crabe des neiges sont décrits dans les études citées dans le tableau 1. Pour

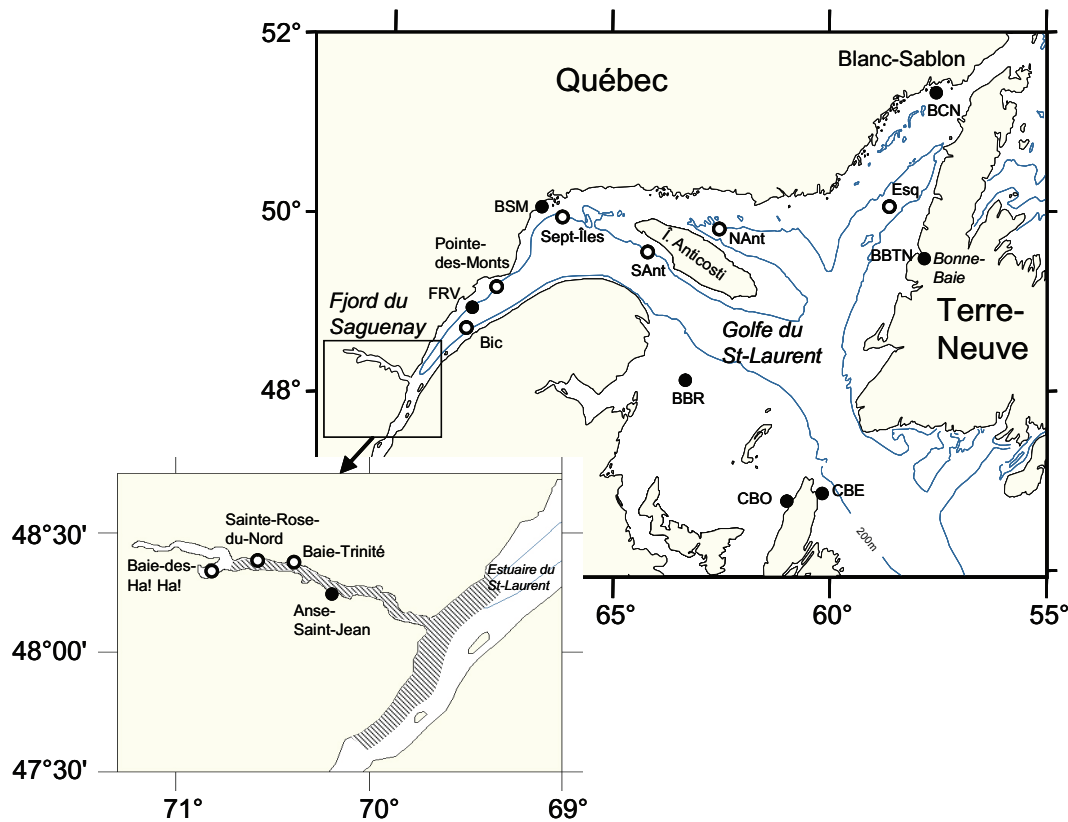


Figure 2. Carte du golfe du Saint-Laurent localisant les sites d'échantillonnage du crabe des neiges, *Chionoecetes opilio* (cercles noirs) et de la crevette nordique, *Pandalus borealis* (cercles blancs). L'agrandissement montre les sites localisés dans le fjord du Saguenay avec les limites du Parc marin du Saguenay–Saint-Laurent (zone hachurée).  
Map of the Gulf of St. Lawrence showing the location of the sampling sites for snow crab, *Chionoecetes opilio* (dark circles) and northern shrimp, *Pandalus borealis* (white circles). The inset map shows the sites located inside the Saguenay Fjord as well as the boundaries of the Saguenay–St. Lawrence marine park (hatched area).

le crabe des neiges, le locus Cop 3 n'a pas été analysé au cours de la présente étude. Les caractéristiques des loci microsatellites utilisés pour distinguer les spécimens de morue franche et de morue ogac et pour décrire la structure des populations de la morue franche apparaissent au tableau 3. La variabilité du locus *Pan I* a également été déterminée chez cette espèce.

### 2.3.2 Analyses spectrométriques

L'analyse de la composition élémentaire des otolithes de morue franche a été réalisée sur un sous-échantillon d'individus (N = 62) provenant des sites du fjord du Saguenay, d'Anticosti et de Grande-Rivière. La composition élémentaire des otolithes a été déterminée pour le baryum (Ba), le bore (B), le calcium (Ca), le lithium (Li), le potassium (K), le sodium

(Na), le strontium (Sr), le plomb (Pb), le magnésium (Mg), le manganèse (Mn), zinc (Zn) et le fer (Fe).

La préparation des otolithes pour l'analyse de la composition élémentaire a été effectuée selon les protocoles décrits par CAMPANA *et al.*, (2000, 2007). Les otolithes étaient initialement décontaminés par brossage et rinçages successifs, séchés, pesés puis dissous dans de l'acide nitrique. Tous les échantillons ont été analysés par spectrométrie de masse au plasma (ICP-MS), sur un spectromètre Thermo X-7 ICP-MS équipé d'une interface haute performance (HPI). Deux séries d'analyses ont été réalisées. Pour l'une des séries, la quantification était basée sur des solutions standards (ICP-MS), alors que l'autre série recourait à une analyse par dilution isotopique (ID-ICP-MS). Les échantillons ont également été analysés par spectrométrie d'émission au plasma (ICP-ES), sur un spectromètre Varian Vista Pro ICP-ES. La

**Tableau 3.** Caractéristiques des microsatellites et du locus *Pan I* utilisés pour la description de la structure génétique des populations de morue franche (*Gadus morhua*). La taille des allèles correspond à celle observée pendant la présente étude.

**Table 3.** Characteristics of the microsatellites and of the *Pan I* locus used for the description of the cod (*Gadus morhua*) population genetic structure. Allele size corresponds to that observed in the present study.

Locus	Motif répété des allèles	Taille des allèles (bp)	Séquence des amorces (5'-3')	Références
Gmo 2	(GT)	104-142	F-CCC TCA GAT TCA AAT GAA GGA R-GTG TGA GAT GAC TGT GTC G	BROOKER <i>et al.</i> , 1994
Gmo 8	(GACAT)	110-314	F-GCA AAA CGA GAT GCA CAG ACA CC R-TGG GGG AGG CAT CTG TCA TTC A	MILLER <i>et al.</i> , 2000
Gmo 19	(GACA)	118-246	F-CAC AGT GAA GTG AAC CCA CTG R-GTC TTG CCT GTA AGT CAG CTT G	MILLER <i>et al.</i> , 2000
Gmo 34	(GACA)	86-182	F-TCC ACA GAA GGT CTC CTA A R-GGT TGG ACC TCA TGG TGA A	MILLER <i>et al.</i> , 2000
Gmo 36	(GGT)	164-204	F-ACC GCA T[G/C]C CCT TTT CA R-GGT GAT GGA GGC TCT AGT	MILLER <i>et al.</i> , 2000
Gmo 132	(GT)	100-130	F-GGA ACC CAT TGG ATT CAG GC R-CGA AAG GAC GAG CCA ATA AC	BROOKER <i>et al.</i> , 1994
Tch 5	(GATA)	181-397	F-GCC TTA ATA TCA CGC ACA R-TCG CAT TGA GCC TAG TTT	O'REILLY <i>et al.</i> , 2000
Tch 11	(GATA)	110-214	F-ATC CAT TGG TGT TTC AAC R-TCG AGT TCA GGT GGA CAA	O'REILLY <i>et al.</i> , 2000
Tch 14	(GAAA)	100-250	F-CAT ACA TTG GTC ACT CTT TCT TAC R-AAA CTG ATA TAC GCC CAA CT	O'REILLY <i>et al.</i> , 2000
Tch 19	(GTCT)	52-216	F-TAT GCT GAT TGG TTA GGC R-GAT CAT TTG TTT CAG AGA GC	O'REILLY <i>et al.</i> , 2000
Tch 22	(GACA)	79-95	F-ATC ATA TCT GGC CAA GTT C R-CTC TCT CTG AAT CCC TCT G	O'REILLY <i>et al.</i> , 2000
<i>Pan I</i>		40, 102, 142	F-GGCAAATGAAACCCAGAAAA R-ATGACACTTGTGGCAAGCAG	NIELSEN <i>et al.</i> , 2007

quantification pour l'analyse par ICP-ES était basée sur des solutions standards. Les détails méthodologiques concernant les analyses spectroscopiques sont décrits dans (CAMPANA *et al.*, 2000 et 2007). La performance et la fiabilité des méthodes analytiques variaient en fonction de l'élément considéré. La méthode et les isotopes retenus pour l'analyse des différents éléments sont décrits dans le tableau 4.

Deux procédures ont été adoptées (i) pour éviter que des facteurs liés à la préparation de l'échantillon ou à l'instrument ne confondent les analyses statistiques comparant les différents sites et (ii) pour minimiser la variance des données de composition élémentaire. Premièrement, la séquence d'analyse spectrométrique des échantillons a été déterminée par randomisation. Deuxièmement, un échantillon de référence, composé d'un mélange d'échantillons, a été analysé à intervalles réguliers pendant les analyses spectrométriques. Les données de composition élémentaire ont été standardisées en fonction de la valeur moyenne obtenue pour l'échantillon de référence.

Pour chaque élément, un seuil de détection a été déterminé sur la base des valeurs obtenues pour six solutions de réactifs (blancs) analysées régulièrement entre les échantillons. Le seuil de détection était calculé comme trois fois l'écart-type du blanc (Tableau 4). Le fer a été éliminé des analyses statistiques parce que les valeurs étaient trop proches du seuil de détection.

## 2.4 Analyses statistiques

### 2.4.1 Données génétiques

Les données de microsattellites de morue ont d'abord été analysées avec le logiciel MICRO-CHECKER (VAN OOSTERHOUT *et al.*, 2004) pour détecter la présence d'allèles nuls et autres erreurs techniques. Les données ont ensuite été introduites dans une analyse factorielle des correspondances afin de différencier les espèces sur la base de leur génotype.

Les données de variabilité génétique du sébaste, basées sur 13 microsattellites, sont tirées de VALENTIN (2006). *Sebastes mentella* est l'espèce présente dans la Saguenay (BOURGEOIS, 1993; ROQUES *et al.*, 2002; VALENTIN, 2006) Les quatre échantillons de l'espèce *S. mentella* du golfe du Saint-Laurent et l'échantillon *S. mentella* du Saguenay ont été sélectionnés tels quels pour fins d'analyse statistiques (Figure 1).

Les données de variabilité génétique du flétan du Groenland sont celles de SÉVIGNY *et al.* (1992). Cette étude s'intéressait à des classes d'âge différentes ainsi qu'à une population d'individus en état de fraie (TNO dans la présente étude). Étant donné l'absence de différences génétiques observée entre les classes d'âge, les données ont été regroupées par site pour la

**Tableau 4. Méthodes analytiques, isotopes retenus et seuils de détection utilisés pour la quantification des différents éléments. Les commentaires renseignent sur les motivations du choix de la méthode retenue.**

**Table 4. Analytical methods, isotopes selected and levels of detection used for the quantification of the different elements. The commentaries provide information on the rationale for the choice of the method.**

Élément	Méthode analytique	Isotope	Seuil de détection <sup>a</sup> (mg•kg <sup>-1</sup> )	Commentaires
Barium	ID-ICPMS	Ba 138	0,00323	Principal isotope du Ba
Bore	ID-ICPMS	B 11	0,00426	Seul isotope du B disponible
Calcium	ICP-ES	Ca 315.887	2,41	Meilleure précision que ICP-MS
Lithium	ID-ICPMS	Li 7	0,000438	Seul isotope du Li disponible.
Potassium	ICPMS	K 39	0,558	ICP-ES très sensible à la matrice d'analyse
Sodium	ICP-ES	Na 589.592	0,253	ICP-ES moins sujet aux interférences et très sensible
Strontium	ID-ICPMS	Sr 88	0,102	principal isotope du Sr
Plomb	ICPMS	Pb 208	0,0000599	Principal isotope du Pb
Magnésium	ID-ICPMS	Mg 26	0,0166	Principal isotope ( <sup>24</sup> Mg) éliminé à cause d'interférences moléculaires
Manganèse	ICPMS	Mn 55	0,000313	Mn est mono-isotopique
Zinc	ID-ICPMS	Zn 66	0,014	principal isotope du Zn
Fer <sup>b</sup>	ICP-ES	Fe 238.204	0,0260	pas analysable par ICP-MS à cause d'interférences moléculaires

<sup>a</sup> calculé comme trois fois l'écart-type du blanc

<sup>b</sup> le fer a été éliminé des analyses statistiques, car les valeurs étaient trop proches du seuil de détection.



présente étude (quatre sites dans le golfe et deux dans le fjord du Saguenay; Figure 1).

Les données de variabilité génétique de la crevette nordique sont celles de SÉVIGNY *et al.* (2000). Leur étude n'a pas mis en évidence des différences systématiques entre les stades de maturité (mâles, femelles primipares et femelles multipares). Pour la présente étude, les données ont donc été regroupées par site (six sites dans l'estuaire et le golfe du Saint-Laurent et trois dans le fjord du Saguenay; Figure 2).

Pour chaque espèce, les indices statistiques décrivant et comparant les caractéristiques génétiques des échantillons ont été déterminés à l'aide des logiciels GENETIX 4.04 (BELKHIR *et al.*, 1996-2004) et FSTAT (GOUDET, 2001). Le nombre d'allèles ( $N_{all}$ ), la richesse allélique ( $R_{all}$ ) (EL MOUSADIK et PETIT, 1996), ainsi que les hétérozygoties observés ( $H_o$ ) et attendus sous l'hypothèse de Hardy-Weinberg ( $H_e$ ) ont été calculés. La statistique  $F_{is}$ , une mesure de la déviation de  $H_o$  par rapport à  $H_e$ , a été calculée selon la méthode de WEIR et COCKERHAM (1984). L'hypothèse nulle  $F_{is} = 0$  a été testée par permutation des données. La statistique  $F_{st}$ , un indice de la différenciation génétique, a été calculée. Les valeurs de  $F_{st}$  ont également été déterminées pour chaque paire d'échantillons (sites). L'hypothèse nulle  $F_{st} = 0$  a été testée par permutation des données. Les valeurs de probabilité des tests impliquant des comparaisons multiples ont été ajustées selon la méthode de Bonferroni (RICE, 1989).

#### 2.4.2 Données de composition élémentaire des otolithes de morue

Les données pour Pb, Mg, Mn et le Zn montraient une distribution asymétrique et ont été transformées en logarithme. Les concentrations pour Ba, Li, K, Na, Sr, Pb et Mg étaient influencées par le poids des otolithes, ce qui aurait pu affecter les analyses intersites. Pour chacun de ces éléments, l'effet du poids de l'otolithe a donc été éliminé en soustrayant de chaque concentration la valeur du produit du poids de l'otolithe et de la pente intra-site moyenne. Cette pente était déterminée par analyse de covariance, ANCOVA, avec la concentration comme variable dépendante, le site comme effet et le poids comme covariable (Tableau 5). Pour le sodium et le strontium, la pente commune a été utilisée au lieu de la pente intra-site moyenne. Pour ces deux éléments, un des sites présentait une pente contradictoire avec celle des autres groupes, associée avec un  $r^2$  faible, ce qui rendait la valeur de la pente peu fiable. L'interaction des termes de l'ANCOVA (site x poids de l'otolithe) était significative pour le sodium et le plomb.

La concentration moyenne par élément et par site a été calculée et représentée graphiquement. Par ailleurs, les données corrigées pour l'effet du poids de l'otolithe ont été soumises à une analyse de fonctions discriminantes (AFD) associée

**Tableau 5.** Différences de composition élémentaire des otolithes entre les sites basées sur une analyse de covariance avec le poids de l'otolithe comme covariable.

**Table 5.** Differences in the elemental composition of the otoliths between sites based on co-variance analyses with the weight of the otolith as the covariable.

Élément	Pente intra-site moyenne	Poids de l'otolithe x site	Site
Ba	0,1802	ns	<0,01
B	.	ns	ns
Ca	.	ns	ns
Li	-0,0350	ns	<0,01
K	-26,2910	ns	<0,01
Na	-31,4600 <sup>a</sup>	<0,01	0,02
Sr	120,2900 <sup>a</sup>	ns	<0,01
lnPb	-2,9101	0,04	<0,01
lnMg	-1,1853	ns	ns
lnMn	.	ns	<0,01
lnZn	.	ns	ns

<sup>a</sup>pente commune au lieu de la pente intra-site moyenne

à une procédure de rééchantillonnage de type « bootstrap » (1 000 itérations). Les coordonnées réelles et les coordonnées « bootstrap » des individus sur les axes discriminants ont été calculées et représentées graphiquement. Le succès de classification des fonctions discriminantes a été calculé sur les valeurs de « bootstrap ».

## 3. RÉSULTATS

### 3.1 Morue franche (*Gadus morhua*)

#### 3.1.1 Génétique

L'analyse factorielle des correspondances permet de différencier sans équivoque les individus appartenant aux espèces *G. morhua* et *G. ogac*, sur la base de leur génotype. Les individus des deux espèces forment deux groupes distincts sur le premier axe de l'analyse (Figure 3). La majorité des individus (N = 176) appartient à l'espèce *G. morhua*. Les 14 spécimens de *G. ogac* qui se démarquaient du groupe principal proviennent tous du Saguenay et ne sont pas inclus dans les analyses subséquentes pour éviter que des différences interspécifiques n'interfèrent dans les comparaisons inter-sites.

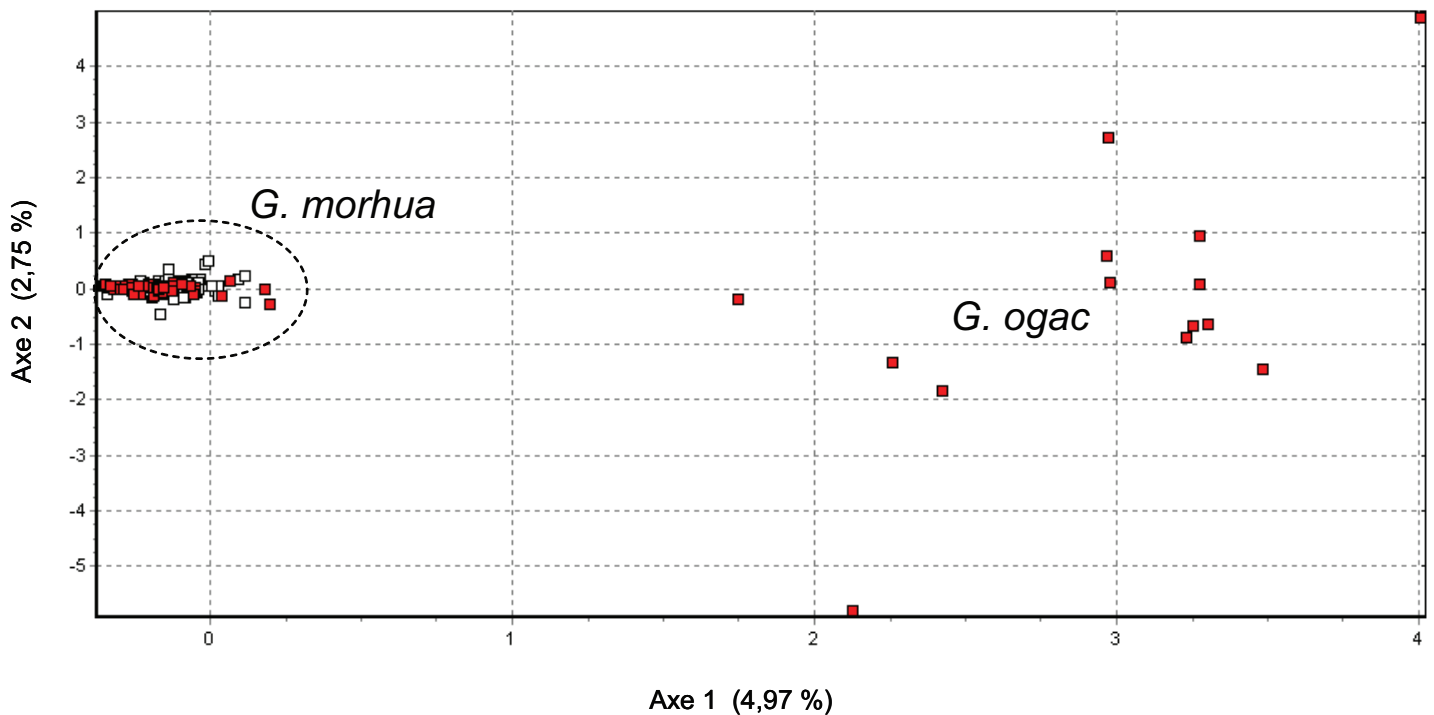


Figure 3. Coordonnées des individus du fjord du Saguenay (en rouge) et des individus du golfe du Saint-Laurent (en blanc) sur les deux premiers axes de l'analyse factorielle des correspondances réalisée sur les données génétiques. La séparation entre les espèces est sans équivoque. Les 14 individus de l'espèce *G. ogac* proviennent uniquement du fjord du Saguenay.

*Coordinates of the individuals of the Saguenay Fjord (red) and of the Gulf of St. Lawrence (white) on the first two axes of the factorial correspondence analysis carried out on genetic data. The separation between species is unequivocal. The 14 *G. ogac* individuals come from the Saguenay Fjord only.*

Le tableau 6 résume les statistiques descriptives  $N_{all}$ ,  $R_{all}$ ,  $H_o$ , ainsi que les résultats des tests de déviation par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg ( $F_{is}$ ). Les résultats sont présentés par locus et par site. La richesse allélique des microsatellites, par site et par locus, varie entre 2,0 et 14,4 et l'hétérozygotie observée entre 0,139 et 1. Le locus *Pan I* présente deux allèles et une hétérozygotie observée variant de 0,395 à 0,488 selon le site. Un déficit global en hétérozygote est observé pour les échantillons du Saguenay et du nord du Golfe. Ce déficit est principalement causé par les loci Gmo 19, Tch 11 et Tch 22.

Le tableau 7 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre les paires de sites, pour les microsatellites et *Pan I* analysés séparément. Pour les microsatellites, les valeurs de  $F_{st}$  sont faibles et aucune n'est significativement différente de zéro. Cette absence de différence suggère que les morues du golfe du Saint-Laurent et du fjord du Saguenay forment une seule et même population.

Pour le locus *Pan I*, les valeurs de  $F_{st}$  indiquent des différences significatives entre le Saguenay, d'une part, et les

sites d'Anticosti et du détroit de Cabot, d'autre part, avec des valeurs variant entre 0,081 et 0,132.

### 3.1.2 *Otolithes*

Pour les otolithes, les résultats des ANCOVA indiquent que les concentrations de sept éléments (Ba, Li, K, Na, Sr, Pb et Mn) sont significativement différentes entre les sites (Tableau 5). La figure 4 illustre les concentrations moyennes par élément et par site et suggère que le Saguenay se distingue des sites de Grande-Rivière et d'Anticosti pour ces sept éléments. La différenciation du Saguenay est confirmée par l'analyse de fonctions discriminantes qui incorporent tous les éléments. Les individus du Saguenay sont distinctement séparés des individus provenant des autres sites, sur le premier axe discriminant qui résume 85 % de la dispersion totale (Figure 5). Les valeurs de « bootstrap » supportent cette différenciation. Elles montrent très peu de chevauchement et assurent un succès de classification élevé (96,4 %). La différenciation entre les sites de Grande-

Tableau 6. Statistiques décrivant les caractéristiques génétiques chez la morue (*Gadus morhua*) par locus et par site : effectif ( $N$ ), nombre d'allèles ( $N_{all}$ ), richesse allélique ( $R_{all}$ ) calculée pour un échantillon de 13 individus, hétérozygotie observée ( $H_o$ ) et coefficient de consanguinité ( $F_{is}$ ). Les valeurs de  $F_{is}$  significatives après corrections de Bonferroni ( $P < 0,0008$ ) sont indiquées en caractères gras.

Table 6. Descriptive statistics of cod (*Gadus morhua*) genetic characteristics per locus and site: sample size ( $N$ ), number of alleles ( $N_{all}$ ), allelic richness ( $R_{all}$ ) calculated for a sample size of 13 individuals, observed heterozygosity ( $H_o$ ), and inbreeding coefficient ( $F_{is}$ ). Significant  $F_{is}$  values after Bonferroni corrections ( $P < 0.0008$ ) are indicated in bold characters.

LOCUS	SITE				
	Fjord du Saguenay	Grande-Rivière	Anticosti	Détroit Cabot Terre-Neuve	Détroit Cabot Cap-Breton
Gmo 2					
$N$	45	15	39	47	36
$N_{all}$	12	6	11	12	9
$R_{all}$	7,1	5,7	7,3	7,8	7,3
$H_o$	0,711	0,867	0,692	0,723	0,833
$F_{is}$	0,120	-0,093	0,133	0,113	-0,054
Gmo 8					
$N$	47	15	40	48	38
$N_{all}$	21	14	17	22	17
$R_{all}$	13,2	12,9	12,6	12,9	12,3
$H_o$	0,957	1,000	0,925	0,917	1,000
$F_{is}$	-0,034	-0,091	0,006	0,007	-0,082
Gmo 19					
$N$	45	15	40	46	37
$N_{all}$	21	14	18	19	19
$R_{all}$	13,6	13,1	12,9	13,2	13,8
$H_o$	0,756	0,867	0,775	0,739	0,838
$F_{is}$	<b>0,197</b>	0,064	<b>0,160</b>	<b>0,209</b>	0,110
Gmo 34					
$N$	47	13	40	48	37
$N_{all}$	5	4	4	4	4
$R_{all}$	3,6	4,0	3,9	3,0	3,3
$H_o$	0,277	0,385	0,600	0,271	0,676
$F_{is}$	0,216	0,055	-0,058	0,128	-0,175
Gmo 36					
$N$	46	15	39	48	37
$N_{all}$	3	2	4	4	3
$R_{all}$	2,7	2,0	2,7	2,7	2,6
$H_o$	0,370	0,600	0,333	0,396	0,297
$F_{is}$	0,263	-0,167	0,192	0,109	0,426
Gmo 132					
$N$	47	15	38	45	36
$N_{all}$	10	6	6	11	8
$R_{all}$	6,7	5,7	4,6	7,0	6,2
$H_o$	0,745	0,600	0,737	0,667	0,778
$F_{is}$	0,031	0,125	-0,135	0,115	-0,057
Tch 5					
$N$	45	13	40	48	38
$N_{all}$	19	12	19	18	16
$R_{all}$	13,3	12,0	13,3	12,7	12,2
$H_o$	0,933	0,769	0,925	0,875	0,921
$F_{is}$	0,002	0,175	0,011	0,059	0,004

**Tableau 6.** (suite)  
**Table 6.** (continued)

LOCUS	SITE				
	Fjord du Saguenay	Grande-Rivière	Anticosti	Détroit Cabot Terre-Neuve	Détroit Cabot Cap-Breton
Tch 11					
$N$	47	14	40	48	38
$N_{all}$	20	13	20	20	19
$R_{all}$	13,8	12,6	13,6	13,3	13,5
$H_o$	0,830	0,714	0,925	0,813	0,868
$F_{is}$	0,121	0,244	0,015	0,127	0,074
Tch 14					
$N$	46	15	38	48	38
$N_{all}$	23	13	18	25	19
$R_{all}$	14,0	12,3	13,6	14,4	13,4
$H_o$	0,957	0,933	0,947	0,875	0,895
$F_{is}$	-0,022	-0,003	-0,007	0,069	0,040
Tch 19					
$N$	47	15	39	47	36
$N_{all}$	3	3	2	2	3
$R_{all}$	2,7	2,9	2,0	2,0	2,6
$H_o$	0,319	0,267	0,231	0,255	0,139
$F_{is}$	0,130	-0,087	-0,118	0,186	<b>0,554</b>
Tch 22					
$N$	46	15	38	46	36
$N_{all}$	5	3	4	4	4
$R_{all}$	3,4	3,0	3,2	3,1	3,1
$H_o$	0,304	0,400	0,237	0,174	0,139
$F_{is}$	0,065	-0,143	0,271	0,368	0,498
<i>Pan I</i>					
$N$	47	15	41	49	38
$N_{all}$	2	2	2	2	2
$R_{all}$	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
$H_o$	0,447	0,467	0,488	0,449	0,395
$F_{is}$	0,075	0,084	-0,072	0,065	0,119
Tous les loci					
$H_o$	0,634	0,656	0,651	0,596	0,648
$F_{is}$	<b>0,082</b>	0,035	0,033	<b>0,111</b>	0,065

**Tableau 7.** Valeurs des  $F_{st}$  (sous la diagonale) par paires d'échantillons de morue franche (*Gadus morhua*) et résultats des tests de significativité (au-dessus de la diagonale) obtenus à partir des loci microsattellites et *Pan I*. Les valeurs significatives ( $P < 0,005$ ) après correction de Bonferroni sont indiquées en caractères gras.

**Table 7.** Pairwise  $F_{st}$  values (below diagonal) between samples of cod (*Gadus morhua*) and results of the significance tests (above diagonal) obtained from microsattellites and *Pan I* loci. Significant values after Bonferroni corrections ( $P < 0.005$ ) are indicated in bold characters.

	Fjord du Saguenay	Grande-Rivière	Anticosti	Détroit Cabot Terre-Neuve	Détroit Cabot Cap-Breton
<b>Microsattellites</b>					
Fjord du Saguenay		0,730	0,565	0,695	0,440
Grande-Rivière	-0,004		0,635	0,485	0,810
Anticosti	0,001	0,000		0,575	0,600
DC Terre-Neuve	-0,001	0,002	0,000		0,370
DC Cap-Breton	0,003	-0,004	0,000	0,004	
<b><i>Pan I</i></b>					
Fjord du Saguenay		0,165	<0,005	<0,005	<0,005
Grande-Rivière	0,036		0,315	0,695	0,395
Anticosti	<b>0,121</b>	-0,004		0,560	1,000
DC Terre-Neuve	<b>0,081</b>	-0,019	-0,007		0,490
DC Cap-Breton	<b>0,132</b>	-0,002	-0,013	-0,005	

Rivière et d'Anticosti est plus faible; elle est concentrée sur le deuxième axe qui résume les 15 % restants de la dispersion. Le succès de classification est moindre pour ces deux sites, mais atteint quand même 93,7 % pour Anticosti et 92,6 % pour Grande-Rivière.

### 3.2 Sébaste (*Sebastes mentella*)

Les statistiques descriptives  $N_{all}$ ,  $R_{all}$ ,  $H_o$  ainsi que les résultats des tests de déviation par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg ( $F_{is}$ ) sont disponibles par locus et par site dans le tableau 4.2 de VALENTIN (2006). La richesse allélique des microsattellites, par site et par locus (pour  $N = 24$ ), varie entre 3,0 et 25,5 et l'hétérozygotie observée entre 0,419 et 1. Aucun des cinq sites ne présente de déficit global en hétérozygotes.

Le tableau 8 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre les paires de sites calculées sur les 13 loci microsattellites. Les valeurs sont faibles et aucune n'est significativement différente de zéro pour les comparaisons entre le Saguenay et les sites du golfe. Cette absence de différence suggère que les sébastes du golfe du Saint-Laurent et du fjord du Saguenay forment une seule et même population.

### 3.3 Flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*)

Le tableau 9 résume les statistiques descriptives  $N_{all}$ ,  $R_{all}$ ,  $H_o$  ainsi que les résultats des tests de déviation par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg ( $F_{is}$ ). Les résultats sont présentés par locus et par site. La richesse allélique par site et par locus varie entre 1,0 et 5,8 et l'hétérozygotie observée entre 0 et 0,742. La variation génétique est faible pour les loci *EST-2\**, *GPI-2\**, *G3PDH-2\**, *LDH\**, *MDH\** et *MPI\**. Le nombre d'allèles détectés à ces loci varie entre 1 et 3 avec une richesse allélique inférieure à 2 excepté pour le site de Sainte-Rose-du-Nord pour le locus *G3PDH-2\**. Les valeurs d'hétérozygotie observées sont également très faibles à ces loci, variant entre 0 (monomorphisme) et 0,063. Un déficit global en hétérozygote est observé à tous les sites du système du Saint-Laurent (Tableau 9) et il est principalement causé par les loci *EST-1\** et *IDDH\**.

Le tableau 10 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre les paires de sites. Toutes ces valeurs sont faibles et statistiquement non différentes de zéro à l'exception de la comparaison entre l'échantillon des individus en état de fraie (TNO) et celui du chenal Esquiman ( $F_{st} = 0,009$ ). Cependant, lorsque les analyses sont effectuées



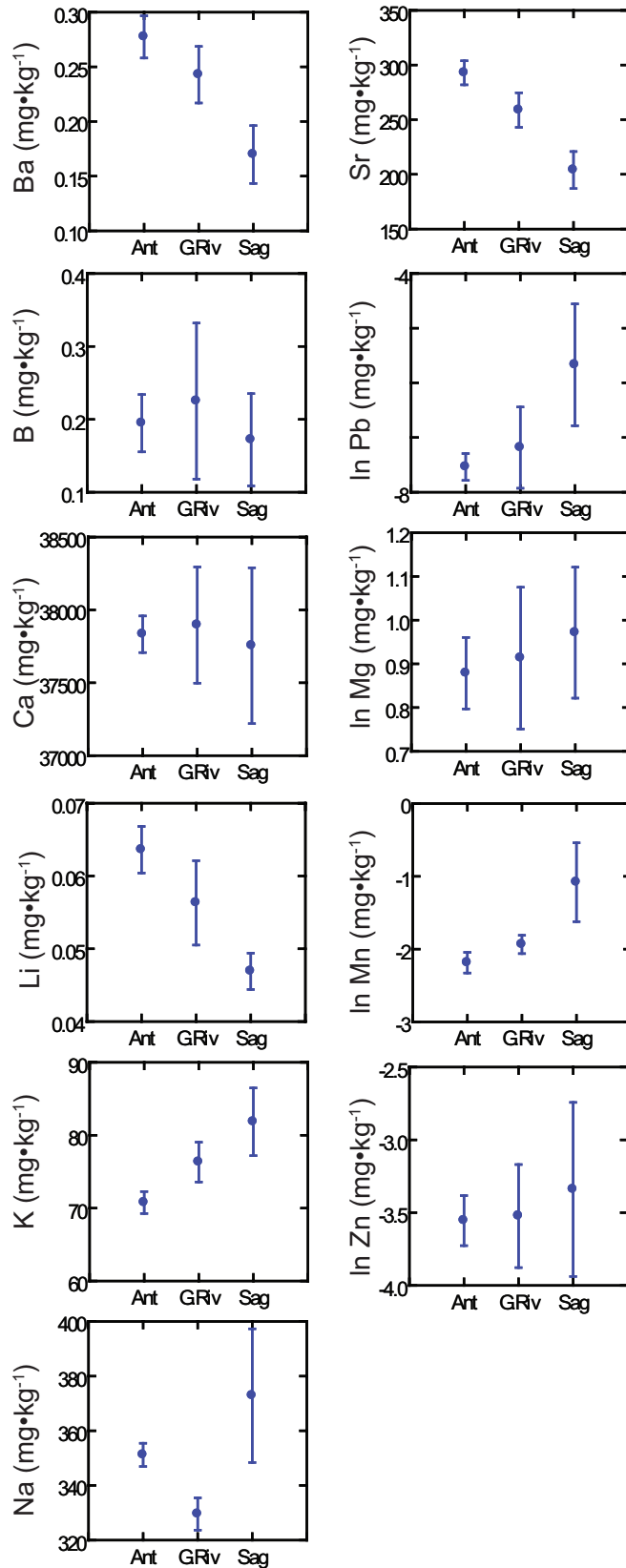


Figure 4. Concentrations moyennes par élément et par site pour la microchimie des otolithes de morue (*Gadus morhua*).

Figure 4. Mean concentrations by element and site for the cod (*Gadus morhua*) otolith microchemistry.

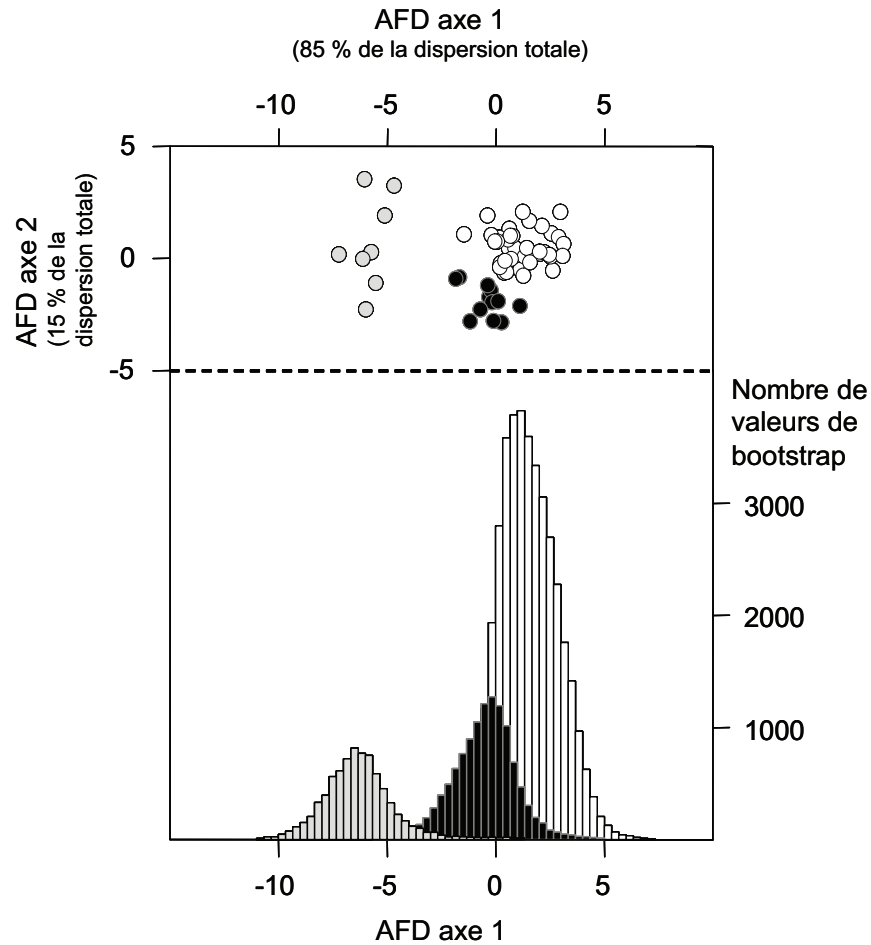


Figure 5. En haut : coordonnées des individus de morue du Saguenay (○), de Grande-Rivière (●) et d'Anticosti (○) sur les deux axes de l'analyse de fonctions discriminantes basée sur la microchimie des otolithes. En bas : histogrammes de fréquence des valeurs obtenues par « bootstrap » (1 000 itérations) sur l'axe 1 (en bas).

Figure 5. Upper panel: coordinates of the cod individuals from the Saguenay (○), from Grande-Rivière (●) and Anticosti (○) on the two axes of the discriminant function analysis based on otolith microchemistry. Lower panel: histogrammes of the frequency values obtained by bootstrap (1000 itérations) on axe 1 (bottom).

Tableau 8. Valeurs des  $F_{st}$  (sous la diagonale) par paires d'échantillons de sébaste (*Sebastes mentella*) et résultats des tests de significativité (au-dessus de la diagonale) obtenus à partir des loci microsattellites. Les valeurs significatives ( $P < 0,005$ ) après correction de Bonferroni sont indiquées en caractères gras.

Table 8. Pairwise  $F_{st}$  values (below diagonal) between samples of redfish (*Sebastes mentella*) and results of the significativity tests (above diagonal) obtained from microsattellites. Significant values after Bonferroni corrections ( $P < 0.005$ ) are indicated in bold characters.

	4R48	4R51	4S35	4S44	Fjord du Saguenay
4R48		0,265	0,180	0,885	0,255
4R51	0,003		<0,005	0,700	0,080
4S35	0,006	<b>0,008</b>		0,980	0,510
4S44	0,000	0,000	0,000		0,995
Fjord du Saguenay	0,004	0,003	0,000	0,000	

**Tableau 9.** Statistiques décrivant les caractéristiques génétiques chez le flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*) par locus et par site : effectif ( $N$ ), nombre d'allèles ( $N_{all}$ ), richesse allélique ( $R_{all}$ ) calculée pour un échantillon de 26 individus, hétérozygotie observée ( $H_o$ ), coefficient de consanguinité ( $F_{is}$ ) et valeurs non calculées (NC). Les valeurs de  $F_{is}$  significatives après corrections de Bonferroni ( $P < 0,0006$ ) sont indiquées en caractères gras.

**Table 9.** Descriptive statistics of Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) genetic characteristics per locus and site: sample size ( $N$ ), number of alleles ( $N_{all}$ ), allelic richness ( $R_{all}$ ) calculated for a sample size of 26 individuals, observed heterozygosity ( $H_o$ ), inbreeding coefficient ( $F_{is}$ ), and values not calculated (NC). Significant  $F_{is}$  values after Bonferroni corrections ( $P < 0.0006$ ) are indicated in bold characters.

LOCUS	SITE					
	Anse St-Étienne	Ste-Rose-du-Nord	Estuaire (Est)	Sept-Îles	Chenal Esquiman (Esq)	Terre-Neuve (TNO)
<i>ADA*</i>						
$N$	30	62	143	248	132	232
$N_{all}$	5	6	6	7	7	8
$R_{all}$	5,0	5,2	5,8	5,8	5,7	5,6
$H_o$	0,733	0,710	0,629	0,661	0,742	0,651
$F_{is}$	0,019	0,004	0,155	0,064	-0,017	0,054
<i>EST-1*</i>						
$N$	31	61	144	206	131	231
$N_{all}$	5	5	5	5	5	5
$R_{all}$	5,0	4,8	4,5	4,5	4,4	4,6
$H_o$	0,548	0,541	0,646	0,534	0,565	0,546
$F_{is}$	0,252	<b>0,277</b>	0,143	<b>0,283</b>	<b>0,204</b>	<b>0,278</b>
<i>EST-2*</i>						
$N$	31	60	141	206	131	231
$N_{all}$	1	1	2	2	1	2
$R_{all}$	1,0	1,0	1,2	1,1	1,0	1,2
$H_o$	0,000	0,000	0,007	0,005	0,000	0,009
$F_{is}$	NC	NC	0,000	0,000	NC	-0,002
<i>GPI-1*</i>						
$N$	31	64	146	249	134	231
$N_{all}$	5	4	5	6	5	5
$R_{all}$	4,7	3,4	4,0	3,5	3,6	3,9
$H_o$	0,548	0,422	0,473	0,406	0,410	0,450
$F_{is}$	-0,054	-0,086	-0,048	0,043	0,045	-0,012
<i>GPI-2*</i>						
$N$	31	64	146	249	134	230
$N_{all}$	1	1	1	3	2	2
$R_{all}$	1,0	1,0	1,0	1,2	1,2	1,1
$H_o$	0,000	0,000	0,000	0,008	0,008	0,004
$F_{is}$	NC	NC	NC	-0,001	0,000	0,000
<i>G3PDH-1*</i>						
$N$	31	64	146	248	133	234
$N_{all}$	2	2	2	2	2	2
$R_{all}$	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
$H_o$	0,323	0,297	0,267	0,339	0,263	0,269
$F_{is}$	-0,017	0,161	-0,021	0,021	0,155	0,023

**Tableau 9.** (suite)  
**Table 9.** (continued)

LOCUS	SITE					
	Anse St-Étienne	Ste-Rose-du-Nord	Estuaire (Est)	Sept-Îles	Chenal Esquiman (Esq)	Terre-Neuve (TNO)
<i>G3PDH-2*</i>						
$N$	31	64	144	249	133	234
$N_{all}$	1	3	1	3	3	2
$R_{all}$	1,0	2,3	1,0	1,2	1,4	1,1
$H_o$	0,000	0,063	0,000	0,008	0,015	0,004
$F_{is}$	NC	-0,016	NC	-0,001	-0,002	0,000
<i>IDDH*</i>						
$N$	30	39	134	212	125	216
$N_{all}$	4	4	4	4	4	4
$R_{all}$	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0	4,0
$H_o$	0,367	0,487	0,522	0,561	0,584	0,491
$F_{is}$	<b>0,518</b>	<b>0,336</b>	<b>0,299</b>	<b>0,247</b>	<b>0,219</b>	<b>0,323</b>
<i>IDHP*</i>						
$N$	31	57	130	238	128	229
$N_{all}$	2	2	4	3	3	2
$R_{all}$	2,0	2,0	2,6	2,1	2,2	2,0
$H_o$	0,194	0,316	0,239	0,252	0,203	0,240
$F_{is}$	0,155	-0,179	-0,118	-0,051	0,026	0,064
<i>LDH*</i>						
$N$	31	64	146	249	134	234
$N_{all}$	2	1	1	1	2	2
$R_{all}$	1,8	1,0	1,0	1,0	1,2	1,1
$H_o$	0,032	0,000	0,000	0,000	0,008	0,004
$F_{is}$	0,000	NC	NC	NC	0,000	0,000
<i>MDH*</i>						
$N$	31	64	146	248	134	234
$N_{all}$	1	2	3	4	3	2
$R_{all}$	1,0	1,4	1,4	1,6	1,5	1,1
$H_o$	0,000	0,016	0,014	0,024	0,022	0,004
$F_{is}$	NC	0,000	-0,002	-0,006	-0,005	0,000
<i>MPI*</i>						
$N$	26	60	144	246	132	229
$N_{all}$	1	1	1	2	1	2
$R_{all}$	1,0	1,0	1,0	1,1	1,0	1,1
$H_o$	0,000	0,000	0,000	0,004	0,000	0,004
$F_{is}$	NC	NC	NC	0,000	NC	0,000
<i>PGM*</i>						
$N$	31	64	144	249	134	233
$N_{all}$	3	5	4	5	4	4
$R_{all}$	2,8	3,8	3,7	3,8	3,2	3,3
$H_o$	0,323	0,391	0,451	0,361	0,321	0,382
$F_{is}$	-0,156	0,041	-0,160	0,014	-0,048	0,004
Tous les loci						
$H_o$	0,236	0,249	0,250	0,243	0,242	0,235
$F_{is}$	0,152	0,122	<b>0,093</b>	<b>0,126</b>	<b>0,101</b>	<b>0,140</b>

**Tableau 10.** Valeurs des  $F_{st}$  (sous la diagonale) entre les paires d'échantillons de flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*) et résultats des tests de significativité (au-dessus de la diagonale). Les valeurs significatives ( $P < 0,003$ ) après correction de Bonferroni sont indiquées en caractères gras.

**Table 10.** Pairwise  $F_{st}$  values (below diagonal) between samples of Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) and significance tests (above diagonal). Significant values after Bonferroni corrections ( $P < 0.003$ ) are indicated in bold characters.

	Anse-St-Étienne	Ste-Rose-du-Nord	Estuaire	Sept-Îles	Esquiman	Terre-Neuve (TNO)
Anse-St-Étienne		0,233	0,223	0,410	0,533	0,200
Ste-Rose-du-Nord	0,001		0,190	0,373	0,373	0,103
Estuaire (Est)	0,000	0,000		0,177	0,017	0,043
Sept-Îles	-0,001	-0,002	0,002		0,363	0,010
C. Esquiman (Esq)	-0,004	-0,001	0,003	0,001		<0,003
Terre-Neuve (TNO)	0,002	0,007	0,003	0,004	<b>0,009</b>	

en excluant les loci (*EST-1\** et *IDDH\**) responsables du déficit en hétérozygote global, aucune comparaison n'est significative. Ces résultats suggèrent que la migration (flux génique) est élevée chez le flétan du Groenland comme il a été suggéré dans différentes études antérieures (KNUTSEN *et al.* 2007 et références incluses) et que le Saguenay n'abrite pas une population génétiquement isolée.

### 3.4 Crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*)

Le tableau 11 résume les statistiques descriptives  $N_{all}$ ,  $R_{all}$ ,  $H_o$  ainsi que les résultats des tests de déviation par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg ( $F_{is}$ ). Les résultats sont présentés par locus et par site. La richesse allélique des microsatellites, par site et par locus, varie entre 4,0 (Cop 4, Banc Bradel) et 31,8 (Cop 4-1, Basse-Côte-Nord). L'hétérozygotie observée varie entre 0,283 (Cop 4, Bonne-Baie) et 0,963 (Cop 3-4II, Banc-Bradel). Un déficit global en hétérozygotes est observé pour tous les sites à l'exception de l'échantillon provenant du banc Bradel. Tous les loci, à l'exception du locus Cop 2, contribuent à ce déficit. Ces déficits peuvent être attribués à la présence d'allèles nuls et/ou de « stutter » (PUEBLA *et al.*, 2008).

Le tableau 12 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre les paires de sites. Les valeurs de  $F_{st}$  sont faibles et aucune n'est significativement différente de zéro. Cette absence de différence suggère que les crabes des neiges du golfe du Saint-Laurent, de Bonne-Baie et du fjord du Saguenay appartiennent à la même population. Ces résultats sont en accord avec ceux de PUEBLA *et al.* (2008) qui révélaient une absence de structure génétique dans l'Atlantique canadien, du sud du Labrador à la Nouvelle-Écosse, en incluant plusieurs sites dans l'estuaire et le golfe du Saint-Laurent.

### 3.5 Crevette nordique (*Pandalus borealis*)

Le tableau 13 résume les statistiques descriptives  $N_{all}$ ,  $R_{all}$ ,  $H_o$  ainsi que les résultats des tests de déviation par rapport aux équilibres de Hardy-Weinberg ( $F_{is}$ ). Les résultats sont présentés par locus et par site. La richesse allélique par site et par locus varie entre 1,0 (*GPI-1\**, plusieurs sites) et 5,3 (*EST-1\**, Baie-Trinité) et l'hétérozygotie observée entre 0 (*GPI-1\**, plusieurs sites; *PGM\**, Baie-des-Ha! Ha!) et 0,546 (*MDH\**, Baie-des-Ha! Ha!). Un déficit global en hétérozygote est observé pour les échantillons de Sept-Îles, et d'Anticosti Nord et Sud (Tableau 13). Ce déficit est principalement causé par les loci *EST-1\**, *HEX-1\** et *HEX-2\**.

Le tableau 14 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre les paires de sites. Ces valeurs varient entre 0 et 0,036. Des différences significatives sont observées entre plusieurs sites. Les loci *EST-1\** et *HEX-1\** sont responsables de la différenciation observée. Les différences ne montrent pas de structure géographique particulière. En effet, les paires de sites différents entre eux sont le Bic, d'une part, et Baie-Trinité, Ste-Rose-du-Nord, Pointe-des-Monts, sud Anticosti et Esquiman, d'autre part, ainsi que Baie-Trinité, d'une part, et Sainte-Rose-du-Nord, Pointe-des-Monts, Anticosti (nord et sud) et Esquiman, d'autre part. Anticosti nord et sud sont également significativement différents l'un de l'autre. Lorsque les sites du Saguenay sont regroupés et que le locus *GPI-1\** (très peu polymorphe) est éliminé, le Saguenay se différencie du Bic et d'Anticosti, mais pas de Pointe-des-Monts, Sept-Îles et Esquiman. Le haut niveau d'hétérogénéité indique la présence probable de recrutement local, mais ne montre pas d'isolement de la population du Saguenay. Des analyses incorporant des échantillons de la mer du Labrador et comparant les sites pas stades de développement (*i.e.*, mâle,



**Tableau 11.** Statistiques décrivant les caractéristiques génétiques chez le crabe des neiges (*Chionoecetes opilio*) par locus et par site : effectif ( $N$ ), nombre d'allèles ( $N_{all}$ ), richesse allélique ( $R_{all}$ ) calculée pour un échantillon de 25 individus, hétérozygotie observée ( $H_o$ ) et coefficient de consanguinité ( $F_{is}$ ). Les valeurs de  $F_{is}$  significatives après corrections de Bonferroni ( $P < 0,0009$ ) sont indiquées en caractères gras.

**Table 11.** Descriptive statistics of snow crab (*Chionoecetes opilio*) genetic characteristics per locus and site: sample size ( $N$ ), number of alleles ( $N_{all}$ ), allelic richness ( $R_{all}$ ) calculated for a sample size of 25 individuals, observed heterozygosity ( $H_o$ ), and inbreeding coefficient ( $F_{is}$ ). Significant  $F_{is}$  values after Bonferroni corrections ( $P < 0.0009$ ) are indicated in bold characters.

LOCUS	SITE							
	Fjord du Saguenay	Forestville	Baie-Sainte-Marguerite	Basse-Côte-Nord	Bonne-Baie	Banc-Bradel	Cap-Breton Ouest	Cap-Breton Est
Cop 2								
$N$	49	70	59	69	44	27	30	25
$N_{all}$	18	16	17	18	17	14	13	11
$R_{all}$	13,3	12,5	12,0	13,0	13,4	13,5	12,2	11,0
$H_o$	0,857	0,743	0,797	0,841	0,727	0,852	0,700	0,760
$F_{is}$	-0,003	0,074	0,018	-0,077	0,115	-0,028	0,174	-0,029
Cop 3-4II								
$N$	46	70	59	69	46	27	37	26
$N_{all}$	14	18	17	17	13	13	17	17
$R_{all}$	11,9	14,3	13,3	14,3	11,4	12,8	14,6	16,7
$H_o$	0,826	0,829	0,831	0,841	0,761	0,963	0,865	0,923
$F_{is}$	0,064	0,094	0,065	0,079	0,130	-0,055	0,042	-0,021
Cop 4								
$N$	53	70	59	69	46	27	37	26
$N_{all}$	6	8	6	6	7	4	9	6
$R_{all}$	5,5	5,9	5,0	4,5	5,6	4,0	7,7	5,9
$H_o$	0,321	0,500	0,356	0,362	0,283	0,407	0,405	0,423
$F_{is}$	0,317	-0,014	0,141	0,115	<b>0,460</b>	0,164	0,175	0,069
Cop 4-1								
$N$	52	70	59	69	45	27	34	26
$N_{all}$	39	47	40	53	38	29	33	29
$R_{all}$	27,8	30,5	29,2	31,8	28,8	27,8	28,6	28,4
$H_o$	0,885	0,871	0,831	0,942	0,867	0,741	0,735	0,923
$F_{is}$	0,089	<b>0,109</b>	<b>0,149</b>	0,037	0,111	<b>0,239</b>	<b>0,247</b>	0,051
Cop 24-3								
$N$	52	70	59	68	41	27	36	26
$N_{all}$	20	21	20	22	17	16	19	20
$R_{all}$	16,0	15,9	16,4	17,3	14,8	15,6	17,1	19,8
$H_o$	0,712	0,871	0,678	0,927	0,781	0,815	0,833	0,923
$F_{is}$	<b>0,225</b>	0,054	<b>0,269</b>	0,000	0,146	0,113	0,092	0,023
Cop 77								
$N$	52	70	57	69	41	27	37	25
$N_{all}$	31	32	31	33	30	20	24	28
$R_{all}$	23,0	24,2	23,5	24,6	24,7	19,3	20,4	28,0
$H_o$	0,865	0,700	0,842	0,855	0,927	0,741	0,703	0,800
$F_{is}$	0,091	<b>0,274</b>	<b>0,125</b>	<b>0,115</b>	0,040	0,209	<b>0,259</b>	<b>0,176</b>
Cop 113								
$N$	53	70	57	69	37	27	37	26
$N_{all}$	18	14	12	14	18	12	14	12
$R_{all}$	14,3	11,8	11,2	11,7	16,1	11,8	13,0	12,0
$H_o$	0,906	0,757	0,877	0,812	0,757	0,815	0,730	0,962
$F_{is}$	-0,004	<b>0,140</b>	0,008	0,082	0,153	0,101	0,189	-0,052
Tous les loci								
$H_o$	0,767	0,753	0,745	0,797	0,729	0,762	0,710	0,816
$F_{is}$	<b>0,097</b>	<b>0,115</b>	<b>0,112</b>	<b>0,048</b>	<b>0,145</b>	<b>0,106</b>	<b>0,169</b>	0,031

Tableau 12. Valeurs des  $F_{st}$  (sous la diagonale) par paires d'échantillons de crabe des neiges (*Chionoectes opilio*) et résultats des tests de significativité (au-dessus de la diagonale). Les valeurs significatives ( $P < 0,001$ ) après correction de Bonferroni sont indiquées en caractères gras.

Table 12. Pairwise  $F_{st}$  values (below diagonal) between samples of snow crab (*Chionoectes opilio*), and results of the significance tests (above diagonal). Significant values after Bonferroni corrections ( $P < 0.001$ ) are indicated in bold characters.

	Saguenay	Forestville	Baie-Sainte-Marguerite	Basse-Côte-Nord	Bonne-Baie	Banc-Bradelle	Cap-Breton Ouest	Cap-Breton Est
Saguenay		0,046	0,045	0,023	0,441	0,011	0,295	0,043
Forestville	0,002		0,727	0,904	0,129	0,593	0,430	0,388
Baie-Ste-Marguerite	0,001	-0,001		0,880	0,084	0,280	0,130	0,514
Basse-Côte-Nord	0,005	-0,001	-0,001		0,334	0,148	0,268	0,745
Bonne-Baie	0,001	-0,001	0,003	0,002		0,155	0,077	0,086
Banc-Bradelle	0,007	0,000	0,002	0,003	0,002		0,320	0,595
Cap-Breton Ouest	0,000	-0,001	0,000	0,001	0,003	0,000		0,132
Cap-Breton Est	0,005	0,001	-0,001	0,001	0,002	0,000	0,002	

Tableau 13. Statistiques décrivant les caractéristiques génétiques chez la crevette nordique (*Pandalus borealis*) par locus et par site : effectif ( $N$ ), nombre d'allèles ( $N_{all}$ ), richesse allélique ( $R_{all}$ ) calculée pour un échantillon de 37 individus, hétérozygotie observée ( $H_o$ ), coefficient de consanguinité ( $F_{is}$ ) et valeurs non calculées (NC). Les valeurs de  $F_{is}$  significatives après corrections de Bonferroni ( $P < 0,0007$ ) sont indiquées en caractères gras.

Table 13. Descriptive statistics of northern shrimp (*Pandalus borealis*) genetic characteristics per locus and site: sample size ( $N$ ), number of alleles ( $N_{all}$ ), allelic richness ( $R_{all}$ ) calculated for a sample size of 37 individuals, observed heterozygosity ( $H_o$ ), inbreeding coefficient ( $F_{is}$ ), and values not calculated (NC). Significant  $F_{is}$  values after Bonferroni corrections ( $P < 0.0007$ ) are indicated in bold characters.

LOCUS	SITE								
	Baie-des-Ha!Ha!	Baie-Trinité	Ste-Rose-du-Nord	Bic	Pointe-des-Monts	Sept-Îles	Nord Anticosti	Sud Anticosti	Chenal Esquiman
<i>EST-1*</i>									
$N$	42	110	109	74	150	143	149	148	120
$N_{all}$	4	6	6	5	5	5	4	3	4
$R_{all}$	3,9	5,3	4,2	4,3	4,1	3,9	3,5	2,8	3,3
$H_o$	0,405	0,446	0,395	0,243	0,307	0,224	0,282	0,155	0,342
$F_{is}$	0,224	<b>0,246</b>	0,225	<b>0,505</b>	<b>0,314</b>	<b>0,552</b>	<b>0,354</b>	<b>0,642</b>	0,309
<i>GPI*</i>									
$N$	44	123	120	80	150	150	150	150	121
$N_{all}$	1	1	1	2	1	1	1	1	2
$R_{all}$	1,0	1,0	1,0	1,5	1,0	1,0	1,0	1,0	1,5
$H_o$	0,000	0,000	0,000	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017
$F_{is}$	NA	NA	NA	0,000	NA	NA	NA	NA	-0,004
<i>HEX-1*</i>									
$N$	37	112	108	78	146	144	147	144	110
$N_{all}$	2	3	3	3	2	3	3	2	3
$R_{all}$	2,0	2,7	2,3	2,7	2,0	2,4	2,3	2,0	2,8
$H_o$	0,027	0,063	0,148	0,372	0,116	0,125	0,197	0,063	0,191
$F_{is}$	0,660	0,342	0,199	0,159	0,131	<b>0,338</b>	<b>0,426</b>	0,278	0,073

**Tableau 13. (suite)**  
**Table 13. (continued)**

LOCUS	SITE								
	Baie-des-Ha!Ha!	Baie-Trinité	Ste-Rose-du-Nord	Bic	Pointe-des-Monts	Sept-Îles	Nord Anticosti	Sud Anticosti	Chenal Esquiman
<i>HEX-2*</i>									
<i>N</i>	43	113	106	74	149	145	149	150	119
<i>N<sub>all</sub></i>	2	2	2	2	2	2	2	2	2
<i>R<sub>all</sub></i>	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
<i>H<sub>o</sub></i>	0,302	0,345	0,481	0,541	0,349	0,386	0,403	0,487	0,429
<i>F<sub>is</sub></i>	0,355	0,215	0,035	-0,104	0,294	0,214	0,185	-0,049	0,104
<i>MDH*</i>									
<i>N</i>	44	123	120	80	150	150	150	150	121
<i>N<sub>all</sub></i>	2	2	2	2	2	2	2	2	2
<i>R<sub>all</sub></i>	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
<i>H<sub>o</sub></i>	0,546	0,529	0,392	0,438	0,533	0,527	0,527	0,487	0,471
<i>F<sub>is</sub></i>	-0,100	-0,071	0,185	0,130	-0,083	-0,056	-0,067	0,026	0,058
<i>PGDH*</i>									
<i>N</i>	42	99	116	72	147	147	147	150	120
<i>N<sub>all</sub></i>	2	2	2	2	2	2	3	2	3
<i>R<sub>all</sub></i>	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,3	2,0	2,5
<i>H<sub>o</sub></i>	0,286	0,172	0,233	0,167	0,238	0,204	0,225	0,180	0,275
<i>F<sub>is</sub></i>	-0,155	0,015	0,050	-0,084	-0,031	-0,049	-0,063	0,084	0,003
<i>PGM*</i>									
<i>N</i>	44	123	120	80	150	150	150	150	121
<i>N<sub>all</sub></i>	2	2	2	2	3	2	2	2	2
<i>R<sub>all</sub></i>	2,0	1,3	1,3	1,8	1,7	1,8	1,6	1,7	1,7
<i>H<sub>o</sub></i>	0,000	0,008	0,008	0,038	0,020	0,033	0,020	0,027	0,025
<i>F<sub>is</sub></i>	1,000	0,000	0,000	-0,013	-0,004	-0,014	-0,007	-0,010	-0,008
<i>TETRA*</i>									
<i>N</i>	44	123	120	80	150	150	150	150	121
<i>N<sub>all</sub></i>	2	2	2	2	2	2	2	2	2
<i>R<sub>all</sub></i>	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0
<i>H<sub>o</sub></i>	0,136	0,220	0,150	0,113	0,153	0,173	0,160	0,233	0,190
<i>F<sub>is</sub></i>	-0,062	-0,051	0,103	-0,053	0,000	-0,021	0,114	-0,129	0,103
Tous les loci									
<i>H<sub>o</sub></i>	0,213	0,223	0,226	0,241	0,215	0,209	0,227	0,204	0,243
<i>F<sub>is</sub></i>	0,143	0,114	0,137	0,140	0,129	<b>0,195</b>	<b>0,168</b>	<b>0,148</b>	0,122

femelle primipare, femelle multipare) vont dans le même sens (SÉVIGNY *et al.*, 2000).

#### 4. DISCUSSION

Pour toutes les espèces marines étudiées, nous n'avons pas pu mettre en évidence de différences génétiques systématiques entre les populations du fjord du Saguenay et celles de l'estuaire

et du golfe du Saint-Laurent, et ce, aussi bien pour les poissons que pour les crustacés. Les résultats sont probants tant au niveau de la diversité allélique que la distance génétique. Un patron général semble se dégager de ces études. Pour les poissons de fond (morue franche, sébaste et flétan du Groenland), les analyses des marqueurs génétiques indiquent que la migration d'individus entre le Saguenay et le système du Saint-Laurent est suffisamment élevée pour prévenir la différenciation génétique de ces populations. Parallèlement, pour chacune de ces espèces, les approches alternatives à la génétique montrent des différences phénotypiques entre les individus du Saguenay

**Tableau 14.** Valeurs des  $F_{st}$  (sous la diagonale) par paires d'échantillons de la crevette nordique (*Pandalus borealis*), et résultats des tests de significativité (au-dessus de la diagonale). Les valeurs significatives ( $P < 0,001$ ) après correction de Bonferroni sont indiquées en caractères gras.

**Table 14.** Pairwise  $F_{st}$  values (below diagonal) between samples of the northern shrimp (*Pandalus borealis*) and results of the significance tests (above diagonal) obtained from allozyme data. Significant values after Bonferroni corrections ( $P < 0.001$ ) are indicated in bold characters.

	Baie- des- Ha! Ha!	Baie- Trinité	Ste-Rose- du-Nord	Bic	Pointe- des- Monts	Sept-Îles	Nord Anticosti	Sud Anticosti	Esqui- man
<b>Baie-Ha! Ha!</b>		0,349	0,704	0,007	0,444	0,864	0,028	0,394	0,396
<b>Baie-Trinité</b>	-0,003		<0,001	<0,001	<0,001	0,006	<0,001	<0,001	<0,001
<b>Ste-Rose-Nord</b>	-0,001	<b>0,010</b>		<0,001	0,801	0,615	0,049	0,021	0,458
<b>Bic</b>	0,029	<b>0,036</b>	<b>0,020</b>		<0,001	0,004	0,129	<0,001	<0,001
<b>Pointe-Monts</b>	0,004	<b>0,011</b>	0,001	<b>0,025</b>		0,175	0,004	0,085	0,026
<b>Sept-Îles</b>	-0,002	0,005	-0,001	0,015	0,000		0,035	0,011	0,046
<b>Nord Anticosti</b>	0,016	<b>0,022</b>	0,006	0,002	0,007	0,005		<0,001	0,003
<b>Sud Anticosti</b>	0,000	<b>0,004</b>	0,007	<b>0,032</b>	0,001	0,002	<b>0,014</b>		0,032
<b>Esquiman</b>	-0,003	<b>0,005</b>	0,000	<b>0,018</b>	0,002	-0,002	0,006	0,001	

et du Saint-Laurent. Ces différences s'observent au niveau de la faune parasitaire chez le flétan du Groenland (ARTHUR et ALBERT, 1993), la composition élémentaire des otolithes chez la morue franche (cette étude) et le sébaste (CAMPANA *et al.*, 2007) et la morphométrie chez le sébaste (VALENTIN, 2006). Par ailleurs, les relevés ichthyoplanctoniques indiquent que le taux de survie larvaire est quasi nul pour la morue et le sébaste (et éventuellement pour le flétan du Groenland), dans le fjord du Saguenay (SIROIS *et al.*, ce numéro). Considérant la forte mortalité larvaire et la différenciation phénotypique des adultes observées dans le Saguenay, il est probable que l'immigration dans le Saguenay depuis le Saint-Laurent s'effectue au stade de juvéniles et que la migration des adultes est très limitée. Après avoir pénétré dans le fjord, les individus y poursuivraient leur cycle de vie et prendraient une signature phénotypique caractéristique du Saguenay. Ainsi, l'information disponible suggère que les populations de poissons de fond du Saguenay sont des populations puits dont le recrutement dépend des populations du Saint-Laurent.

La présente revue indique que les populations de crevettes et de crabes des neiges du Saguenay ne sont pas différenciées de celles du Saint-Laurent. Il n'existe pas encore d'études complémentaires qui permettraient de déterminer si les mécanismes de recrutement invoqués pour les poissons de fonds s'appliquent également chez les crustacés. Néanmoins, peu de larves de crabe des neiges ont été récoltées dans le fjord

du Saguenay au cours des années (Stéphane Plourde, Institut Maurice-Lamontagne, comm. pers.), malgré la présence de femelles matures et œuvées indiquant que le crabe des neiges se reproduit dans le fjord (SAINT-MARIE *et al.*, 1992). Les larves de crevettes semblent également peu nombreuses dans le fjord (Pascal Sirois, Université du Québec à Chicoutimi, comm. pers.). Il est donc possible que, comme pour les poissons de fond, les taux de survie et de rétention larvaire chez le crabe des neiges et la crevette nordique soient quasi nuls dans le Saguenay et que le recrutement dépende de l'apport d'individus depuis l'extérieur du fjord.

Il est important de noter que toutes les espèces qui ont fait l'objet d'étude de structure de populations dans le fjord du Saguenay sont des espèces dont le cycle de vie se déroule entièrement en milieu marin. On peut penser que les larves de ces espèces sont incapables de supporter les conditions qui prévalent dans la couche superficielle du fjord où les changements de salinité et de température sont importants (ex. OUELLET et ALLARD, 2006). Cette hypothèse a été invoquée par SIROIS *et al.*, (ce numéro) pour expliquer le très faible nombre de larves d'espèces de poissons marines présentes dans le fjord du Saguenay lors de relevés effectués en 2004 et 2005. Par ailleurs, les osméridés (capelan et éperlan arc-en-ciel), mieux adaptés aux conditions du Saguenay, représentaient 98 % des captures de larves lors des relevés de 2004-2005 (SIROIS *et al.*, ce numéro). L'éperlan arc-en-ciel du Saguenay

forme une population différenciée (SIROIS *et al.*, ce numéro et références incluses).

Certaines données suggèrent également que les conditions environnementales qui prévalent dans le fjord du Saguenay pourraient influencer les caractéristiques génétiques observées à certains loci. Pour le locus *Pan I* chez la morue, les valeurs de  $F_{st}$  indiquent des différences significatives entre le Saguenay, d'une part, et les sites d'Anticosti et du détroit de Cabot, d'autre part. Contrairement aux microsatellites, le locus *Pan I* représente une portion codante de l'ADN; elle contient de l'information pour la synthèse de la pantophysine, une protéine membranaire. Pour cette raison, le locus *Pan I* pourrait être soumis à sélection, potentiellement sous l'influence de la température, la salinité et la profondeur (revue dans SKARSTEIN *et al.*, 2007). Considérant les conditions environnementales particulières au Saguenay, il est possible que la différenciation génétique observée au locus *Pan I* s'explique par de la sélection. Si cette hypothèse s'applique aux populations de morue du Saguenay, la fréquence des génotypes au locus *Pan I* devrait différer entre les classes d'âge. Cependant, l'effectif analysé au cours de cette étude ne permet pas de la vérifier. Il a également été suggéré que le locus *Pan I* pourrait accumuler des différences entre des populations récemment séparées, plus rapidement que les marqueurs microsatellites (SARVAS et FEVOLDEN, 2005). Le Saguenay n'a que récemment (environ 10 000 ans) été rendu disponible aux espèces marines après la dernière glaciation (DIONNE et OCCHIETTI, 1996; SHAW *et al.*, 2002). Cependant, il est improbable que les différences observées au locus *Pan I* reflètent un isolement de la population de morue du fjord non détectable avec les microsatellites. En effet, cette hypothèse impliquerait que les morues se reproduisent dans le fjord et que le recrutement s'effectue localement, ce qui est invalidé par les relevés ichthyologiques (SIROIS *et al.*, ce numéro). En conséquence, le signal génétique observé au locus *Pan I* reflète la particularité environnementale du fjord du Saguenay plutôt que l'isolement génétique de la population de morue. En effet, en absence de reproduction locale, la sélection d'individus en fonction de l'habitat ne représente pas une force évolutive significative. Il est possible que d'autres loci codant pour diverses protéines (allozymes) pour lesquels des déficits en hétérozygotes ont été observés (*EST-1\** et *IDDH\** chez le flétan du Groenland; *EST-1\**, *HEX-1\** et *HEX-2\** chez la crevette nordique) soient aussi influencés par les conditions environnementales. Des études additionnelles seraient nécessaires pour comprendre les mécanismes qui pourraient agir (GUINAND *et al.*, 2004).

Les résultats de cette étude ont des conséquences importantes pour la gestion des espèces du fjord. En effet, puisque le recrutement semble dépendre de l'extérieur du fjord et qu'il est imprévisible, les populations du Saguenay pourraient être très vulnérables à un taux d'exploitation élevé. Pour les poissons de fond, les mesures de gestion limitant la durée de la saison de pêche et les prises quotidiennes à cinq

poissons par pêcheur semblent avoir contribué à stabiliser les captures depuis 2004 dans le Saguenay. Cependant, les signes de recrutement sont incertains et peu encourageants (MPO, 2007). Les mesures de gestion visent habituellement à laisser suffisamment de géniteurs dans l'eau pour permettre le renouvellement de la population. Considérant l'hypothèse que le Saguenay abrite des populations puits, la poursuite des activités de pêche ne devrait pas affecter la probabilité d'un recrutement. Cependant, en absence prolongée de recrutement, les populations n'en seraient pas moins menacées de disparition. Il est vrai que les populations de poissons de fond du Saguenay contribuent peu à la diversité génétique des espèces concernées et qu'elles ne correspondent pas à des unités évolutives significatives. Toutefois, les poissons de fond du Saguenay sont une composante d'un écosystème unique et l'approche de précaution justifie d'en protéger les populations.

## 5. CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Cette revue de nos principales données a montré que les populations de poissons de fond (morue, sébaste et flétan du Groenland) et de deux espèces de crustacés (crevette et crabe des neiges) du Saguenay ne sont pas isolées de celles du système du Saint-Laurent et constituent vraisemblablement des populations puits. La faible survie larvaire dans le fjord plutôt que des problèmes de fécondité expliquerait l'absence de recrutement dans le fjord.

Les espèces pour lesquelles des données génétiques sont disponibles présentement sont caractérisées par un cycle de vie complexe incorporant un stade larvaire pélagique. Des études subséquentes concernant la connectivité des populations d'espèces marines du Saguenay avec celles de l'estuaire et du golfe du Saint-Laurent devraient inclure des espèces dont le cycle de vie diffère (ex. espèce à développement direct comme le buccin) et qui seraient vraisemblablement moins influencées par la présence d'une couche superficielle d'eau de plus faible salinité. Ces études devraient également être basées sur l'analyse de différents types de marqueurs (ex. génétique, morphométrique, parasites) étant donné que l'utilisation de marqueurs complémentaires permet une compréhension plus approfondie de la structure de populations de ces espèces.

Cette revue s'inscrit dans le cadre de l'effort global consenti depuis quelques années pour déterminer le degré d'isolement des populations de poissons du fjord du Saguenay. Les résultats de ces travaux, en permettant une meilleure compréhension des interactions entre les populations du Saguenay et celles de l'estuaire du Saint-Laurent, favoriseront le développement de mesures de conservation adéquates pour les populations du Saguenay.



## 6. REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient particulièrement Éric Parent pour la réalisation des analyses en laboratoire, la préparation des bases de données et des cartes ainsi que Catherine Couillard et Jean-Louis Beaulieu pour les échantillons de morues du golfe du Saint-Laurent. Nous tenons également à remercier Ross Kean pour les analyses de la composition élémentaire des otolithes et Richard Larocque pour l'édition des figures. Ces travaux ont été subventionnés par Pêches et des Océans Canada et par le Parc marin du Saguenay – Saint-Laurent.

## 6. RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- ARTHUR J.R. et E. ALBERT (1993). Use of parasites for separating stocks of Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) in the Canadian Northwest Atlantic. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 50, 2175-2181.
- BELKHIR K., P. BORSA, J. GOUDET, L. CHIKHI et F. BONHOMME (1996-2004). *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations*. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- BOURGEOIS A. (1993). *Évaluation de l'exploitation du sébaste atlantique (Sebastes mentella) par la pêche sportive hivernale sur le Saguenay, saison 1990-91*. Mémoire de maîtrise, Univ. du Québec à Chicoutimi, Canada, 73 p.
- BROOKER A.L., D. COOK, P. BENTZEN, J.M. WRIGHT et R.W. DOYLE (1994). Organization of microsatellites differs between mammals and cold-water teleost fish. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 51, 1958-1966.
- CAMPANA S.E., G.A. CHOUINARD, J.M. HANSON, A. FRÉCHET et J. BRATTEY (2000). Otolith elemental fingerprints as biological tracers of fish stocks. *Fish. Res.*, 46, 343-357.
- CAMPANA S.E., A.E. VALENTIN, J.-M. SÉVIGNY et D. POWER (2007). Tracking seasonal migrations of redfish (*Sebastes* spp.) in the Gulf of St. Lawrence using otolith elemental fingerprints. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 64, 6-18.
- DIONNE J.-C. et S. OCCHIETTI (1996). Aperçu du quaternaire à l'embouchure du Saguenay, Québec. *Geogr. Phys. Quat.*, 50, 5-34.
- EL MOUSADIK A. et R.J. PETIT (1996). High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theor. Appl. Genet.*, 92, 832-839.
- GOUDET J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). Updated from Goudet 1995. FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.*, 86, 485-486.
- GUINAND B., C. LEMAIRE et F. BONHOMME (2004). How to detect polymorphisms undergoing selection in marine fishes? A review of methods and case studies, including flatfishes. *J. Sea Res.*, 51, 167-182.
- JØRSTAD K.E., P.A. PRODOHL, A.-L. AGNALT, M. HUGHES, A.P. APOSTOLIDIS, A. TRIANTAFYLIDIS, E. FARESTVEIT, T.S. KRISTIANSEN, J. MERCER et T. SVÅSAND (2004). Sub-arctic populations of European lobster, *Homarus gammarus*, in northern Norway. *Environ. Biol. Fish.*, 69, 223-231.
- KNUTSEN H., P.E. JORDE, O.T. ALBERT, A.R. HOELZEL et N.C. STENSETH (2007). Population genetic structure in the North Atlantic Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*): influenced by oceanic current systems? *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 64, 857-866.
- LOUCKS R.H. et R.E. SMITH-SINCLAIR (1975). *Report on the physical oceanography of the Saguenay fjord*. Rapport non publié, Chemical Oceanography Division of Bedford Institute of Oceanography, Dartmouth, Nova Scotia. 77 p.
- MACKENZIE K. et P. ABAUNZA (1998). Parasites as biological tags for stock discrimination of marine fish: a guide to procedures and methods. *Fish. Res.*, 38, 45-56.
- MILLER K.M., K.D. LE et T.D. BEACHAM (2000). Development of tri- and tetranucleotide repeat microsatellite loci in Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Mol. Ecol.*, 9, 238-239.
- MPO 2007. *La pêche sportive hivernale dans le fjord du Saguenay en 2006*. Secrétariat canadien de consultation scientifique du MPO, Avis scientifique. 2007/001.
- NIELSEN E.E., B.R. MACKENZIE, E. MAGNUSSEN et D. MELDRUP (2007). Historical analysis of *Pan I* in Atlantic cod (*Gadus morhua*): temporal stability of allele frequencies in the southeastern part of the species distribution. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 64, 1448-1455.
- O'REILLY P.T., M.F. CANINO, K.M. BAILEY et P. BENTZEN (2000). Isolation of twenty low stutter di-

- and tetra nucleotide microsatellites for population analysis of walleye pollock and other gadoids. *J. Fish Biol.*, 56, 1074-1086.
- OUELLET P. et J.-P. ALLARD (2006). Vertical distribution and behaviour of shrimp *Pandalus borealis* larval stages in thermally stratified water columns: laboratory experiment and field observations. *Fish. Oceanogr.*, 15, 373-389.
- PERRIN C., S.R. WING et M.S. ROY (2004). Effects of hydrographic barriers on population genetic structure of the sea star *Coscinasterias muricata* (Echinodermata, Asteroidea) in the New Zealand fiords. *Mol. Ecol.*, 13, 2183-2195.
- PUEBLA O., É. PARENT et J.-M. SÉVIGNY (2003). New microsatellite markers for the snow crab *Chionoecetes opilio* (Brachyura: Majidae). *Mol. Ecol.*, 3, 644-646.
- PUEBLA O., J.-M. SÉVIGNY, B. SAINTE-MARIE, J.-C. BRÊTHES, A.D. BURMEISTER, E. DAWE et M. MORIYASU (2008). Population genetic structure of the snow crab (*Chionoecetes opilio*) at the Northwest Atlantic scale. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 65, 425-436.
- RICE W. (1989). Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43, 223-225.
- ROQUES S., J.-M. SÉVIGNY et L. BERNATCHEZ (2002). Genetic structure of deep-water redbfish, *Sebastes mentella*, populations across the North Atlantic. *Mar. Biol.*, 140, 297-307.
- SAINTE-MARIE B., V. LAPOINTE, D. ARCHAMBAULT et R. DUFOUR (1992). *Distribution spatiale et structure de taille du crabe des neiges, Chionoecetes opilio (O. Fabricius), dans le fjord du Saguenay*. Rapp. man. can. sci. halieut. aquat., 2156, 12 p.
- SARVAS, T.H. et S.-E. FEVOLDEN (2005). Pantophysin (*Pan I*) locus divergence between inshore vs offshore and northern vs southern populations of Atlantic cod in the north-east Atlantic. *J. Fish Biol.*, 67, 444-469.
- SÉVIGNY J.-M. (1994). Variation génétique chez le flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*) et la crevette nordique (*Pandalus borealis*) du fjord du Saguenay. Dans : *Le fjord du Saguenay : un milieu exceptionnel de recherche*. SÉVIGNY J.-M. et C.M. COUILLARD (Éditeurs). Rapp. manus. can. sci. halieut. aquat., 2270, v + 118 p., pp. 50-63.
- SÉVIGNY J.-M. et C.M. COUILLARD (Éditeurs) (1994). *Le fjord du Saguenay: un milieu exceptionnel de recherche*. Rapp. manus. can. sci. halieut. aquat. 2270, v + 118 p.
- SÉVIGNY J.-M., G. ROSS, D. ARCHAMBAULT et É. PARENT (1992). Genetic variation in Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) from the Saint Lawrence system and the Northwest Atlantic. *CAFSAC. Res. Doc.*, 92/99.
- SÉVIGNY J.-M., L. SAVARD et D.G. PARSONS (2000). Genetic characterization of the northern shrimp *Pandalus borealis*, in the Northwest Atlantic. *J. Northwest Atl. Fish. Sci.*, 27, 1-15.
- SHAW J., P. GAREAU et R.C. COURTNEY (2002). Palaeogeography of Atlantic Canada 13–0 kyr. *Quat. Sci. Rev.*, 21, 1861-1878.
- SIROIS P., G. DIAB, A.-L. FORTIN, S. PLOURDE et N. MÉNARD. Recrutement des poissons dans le fjord du Saguenay. *Rev. Sci. Eau* (ce numéro).
- SKARSTEIN T.H., J.-I. WESTGAARD et S.-E. FEVOLDEN (2007). Comparing microsatellite variation in north-east Atlantic cod (*Gadus morhua* L.) to genetic structuring as revealed by the pantophysin (*Pan I*) locus. *J. Fish Biol.*, 70 (Suppl. C), 271–290.
- SKÖLD M., S.R. WING et P.V. MLADENOV (2003). Genetic subdivision of a sea star with high dispersal capability in relation to physical barriers in a fjordic seascape. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 250, 163-174.
- SUNEETHA K.B. et G. NÆVDAL (2001). Genetic and morphological stock structure of the pearlside, *Maurolicus muelleri* (Pisces, Sternoptychidae), among Norwegian Fjords and offshore area. *Sarsia*, 86, 191-201.
- SWAIN D.P. et C.J. FOOTE (1999). Stocks and chameleons: the use of phenotypic variation in stock identification. *Fish. Res.*, 43, 113-128.
- TALBOT A. (1992). *Description de la pêche sportive hivernale dans le fjord du Saguenay et de ses effets potentiels sur la ressource*. Rapp. présenté à Environnement Canada, 134 p.
- TALBOT A. et J.-M. SÉVIGNY (1994). Caractéristiques de la population de flétan du Groenland (*Reinhardtius hippoglossoides*) du fjord du Saguenay. Dans : *Le fjord du*

*Saguenay: un milieu exceptionnel de recherche*. SÉVIGNY J.-M. et C.M. COUILLARD (Éditeurs). Rapp. manus. sci. aquat. halieut. aquat., 2270: v + 118, pp. 65-76.

TALBOT A., A. BOURGOIS et J.-M. SÉVIGNY (1994). Évaluation de l'exploitation du sébaste atlantique (*Sebastes mentella*) par la pêche sportive hivernale sur le fjord du Saguenay. Dans : *Le fjord du Saguenay: un milieu exceptionnel de recherche*. SÉVIGNY J.-M. et C.M. COUILLARD (Éditeurs). Rapp. manus. sci. aquat. halieut. aquat., 2270, v + 118 p., pp. 77-82.

TERRIAULT J.C., R. DE LADURANTAYE et R.G. INGRAM (1984). Particulate matter exchange across a fjord sill. *Estuar. Coast. Shelf Sci.*, 18, 51-64.

THRESHER R.E. (1999). Elemental composition of the otoliths as a stock delineator in fishes. *Fish. Res.*, 43, 165-204.

URBANI N., J.-M. SÉVIGNY, B. SAINTE-MARIE, D. ZADWORNÝ et U. KUHNLEIN (1998). Identification of microsatellite markers in the snow crab *Chionoecetes opilio*. *Mol. Ecol.*, 7, 357-363.

VALENTIN A. (2006). *Structure des populations de sébaste de l'Atlantique du nord-ouest dans un contexte de gestion des stocks et d'évolution*. Thèse de Doctorat, Univ. du Québec à Rimouski, Canada, 212 p.

VALENTIN A., J.-M. SÉVIGNY, D. POWER, R.M. BRANTON et B. MORIN (2006). Extensive sampling and concomitant use of meristic characteristics and variation at the *MDH-A\** locus reveal new information on redfish species distribution and spatial patterns introgressive hybridisation in the Northwest Atlantic. *J. Northwest Atl. Fish. Sci.*, 36, 65-80.

VAN OOSTERHOUT C., W.F. HUTCHINSON, D.P.M. WILLS et P. SHIPLEY (2004). MICROCHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol. Ecol. Notes*, 4, 535-538.

WEIR B.S. et C.C. COCKERHAM (1984). Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358-1370.