

Les
publications
de la Direction de l'innovation
et des technologies

Rapport de recherche-développement

N° 155

**Définition des populations de perchaudes
(*Perca flavescens*) du fleuve
Saint-Laurent au Québec : Analyse du
patron géographique de la variation
génétique et morphologique**

Émilie Leclerc
Yves Mailhot
Louis Bernatchez

**Définition des populations de
perchaudes (*Perca
flavescens*) du fleuve
Saint-Laurent au Québec :
Analyse du patron géographique
de la variation génétique et
morphologique**

Rapport de recherche-développement
n° 155

Émilie Leclerc
Yves Mailhot
Louis Bernatchez

Équipe de réalisation

Université Laval (département de Biologie)

Étudiante à la maîtrise : Émilie Leclerc

Directeur de recherche : Dr Louis Bernatchez

Collaborateur principal pour le projet et l'échantillonnage

Yves Mailhot, MRNF

Remerciements

Aide de laboratoire pour les études morphométriques

Sonia Labrecque

Ministère des ressources naturelles et de la faune du Québec

Échantillonnage des perchaudes

Pierre Dumont, Réjean Dumas, Guy Trecia, Sylvain Desloges, Jean Leclerc, Virginie Boivin, Daniel Dolan, Denis Bourbeau, Pierre-Yves Collin, Philippe Brodeur

Révision du texte

Marc Veillet, Pierre Dumont

Pêcheurs commerciaux

André Lenneville, Jacques Duchesneau, Daniel Allard, Roger Michaud, Richard Desmarais, Léo Lemire, Simon Duval, Jean-Marie Boucher, Ronald Desmarais, Claude Dupuis, Daniel Dupuis, Michel Bourassa, Jos Paquet, Bernard Hart, Jamie Duquette

Échanges

Marc Mingelbier (MRNF) et Jean Morin (Environnement Canada)

Équipe de recherche de Louis Bernatchez

Réalisation

Marc Veillet, responsable des publications, DIT-MAPAQ

Nancy Godin, agente de secrétariat du bureau d'édition

Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec

Bureau d'édition - DIT

96, montée de Sandy Beach, bureau 2.05

Gaspé (Québec) G4X 2V6

publications.dit@mapaq.gouv.qc.ca

Pour une version gratuite (fichier pdf) de ce document, visitez notre site Internet à l'adresse suivante : <http://www.mapaq.gouv.qc.ca/Fr/Peche/md/Publications/> ou téléphonez au (418) 368-7639.

ISBN (version imprimée) : 978-2-550-49201-6

ISBN (version PDF) : 978-2-550-49202-3

Dépôt légal – Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2007

Dépôt légal – Bibliothèque nationale du Canada, 2007

Définition des populations de perchaudes (*Perca flavescens*) du fleuve Saint-Laurent au Québec : Analyse du patron géographique de la variation génétique et morphologique

Émilie Leclerc¹, Yves Mailhot², Louis Bernatchez¹

1. Département de biologie, Université Laval, Québec

2. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction de l'aménagement de la Faune, Trois-Rivières

On doit citer ce document comme suit : Leclerc, É., Y. Mailhot, L. Bernatchez. 2006. Définition des populations de perchaudes (*Perca flavescens*) du fleuve Saint-Laurent au Québec : Analyse du patron géographique de la variation génétique et morphologique. MAPAQ, DIT, Rapport de R-D n° 155, 22 p.

Sommaire

Délimiter dans l'espace les populations d'une espèce et évaluer le degré de connectivité entre elles, constituent des étapes essentielles à l'élaboration de scénarios de conservation et de gestion qui puissent refléter la réalité d'un système et répondre aux besoins réels de gestion des populations. Dans la présente analyse, nous utilisons deux approches complémentaires, soit l'étude de la variation génétique, au niveau de huit marqueurs microsatellites et l'étude de la variation morphologique, au niveau de 15 traits phénotypiques, dans le but de documenter la structure des populations de la perchaude (*Perca flavescens*) du fleuve Saint-Laurent entre le lac Saint-François et la ville de Québec.

L'analyse de la variation génétique observée au niveau des loci microsatellites a révélé un niveau modéré de structuration génétique ($F_{ST} = 0,089$) ainsi que des discontinuités génétiques (i.e. barrières au flux génique) formant quatre regroupements distincts de perchaudes dans le fleuve Saint-Laurent, soit les regroupements 1) du lac Saint-François, 2) du secteur nord du lac Saint-Louis et du lac des Deux Montagnes, 3) du secteur sud du lac Saint-Louis jusqu'à Contrecoeur et 4) du lac Saint-Pierre jusqu'à Québec. Les discontinuités génétiques retenues étaient toutes supportées par la moitié ou plus des loci microsatellites analysés et temporellement stables. De plus, les mêmes quatre populations de perchaudes ont été discernées par une analyse en composantes principales (ACP) des fréquences alléliques par site d'échantillonnage. Le regroupement des perchaudes en quatre groupes distincts, tels que définis par les analyses, s'est avéré refléter davantage la variation génétique du système que le regroupement des perchaudes par plans d'eau (lacs et tronçons fluviaux), fondement actuel des unités de gestion (AMOVA : variance génétique de 3,03 % par rapport à 2,41 %).

La population du lac Saint-François est la plus distincte, avec un effet historique impliqué dans la différenciation génétique. Il n'a pas été possible d'effectuer des analyses plus détaillées sur la dispersion des individus selon le sexe et l'âge, compte tenu d'une faible capacité d'assignation des individus aux différents groupes (succès d'assignation entre 45,5 % et 50,9 %

pour les différentes classes). En second lieu, l'analyse de la variation morphologique a permis de mettre en évidence une concordance des discontinuités génétiques avec les discontinuités morphologiques chez les femelles, supportée par au moins la moitié des traits morphologiques informatifs. Aucune discontinuité dans le patron géographique de variation morphologique n'a été isolée chez les mâles. Pour les deux sexes, le succès de reclassification au groupe d'origine selon les variables morphologiques informatives est très faible (69 % pour les femelles et 63,8 % pour les mâles) lorsque l'on considère le regroupement en quatre populations distinctes tel que définies par les analyses. En considérant des regroupements par plans d'eau plutôt que par groupes distincts génétiquement, le succès de reclassification est du même ordre dans le cas des mâles (61,5 %) mais inférieur pour les femelles (56 %). Ces résultats démontrent 1) que les modalités de gestion des populations de perchaudes du fleuve Saint-Laurent ne sont actuellement pas définies en fonction des quatre populations génétiquement distinctes identifiées, et 2) que la différenciation existant aux niveaux des traits morphologiques étudiés dans le système révèle un patron de différenciation neutre tel que le patron de variation génétique observé aux loci microsatellites, c'est-à-dire qu'elle ne semble pas être le résultat de pressions de sélection naturelle pour des traits spécifiques reliés à l'utilisation de l'habitat, mais plutôt le résultat de la dérive génétique.

Mots-clés

perchaude,
génétique des populations,
fleuve Saint-Laurent,
lac Saint-Pierre,
gestion de la pêche.

Abstract

Defining the populations of a species into space and evaluating the degree of connectivity between them constitute an essential element for the elaboration of conservation and management plans that reflect the reality of a system and answer the needs for population management. In this study, we use two complementary approaches, the analysis of the genetic variation on eight microsatellites markers and that of morphometric variation at 15 phenotypic traits, in order to define the population structure of the Yellow Perch (*Perca flavescens*) in the St. Lawrence River between Lake St. François and Quebec City.

The analysis of the observed genetic variation on microsatellite markers revealed a moderate level of genetic structuring ($F_{ST} = 0,089$) and also genetics discontinuities (i.e. barriers to gene flow) that form four distinct groups of Yellow Perch into the River: 1) Lake St. François, 2) the northern part of Lake St. Louis and Lake des Deux Montagnes, 3) the southern part of Lake St. Louis downstream to Contrecoeur and 4) Lake St. Pierre to Quebec City. These genetic discontinuities were all supported by half or more of the analysed microsatellites markers and temporally stable. Furthermore, the same four distinct Yellow Perch populations were revealed by a principal component analysis (PCA) on the allelic frequencies by study sites. The Yellow Perch grouping into four distinct populations, better reflected the genetic variation of the system than the Yellow Perch grouping by water bodies (lakes and fluvial sections), which represents the current basis for Yellow Perch management (AMOVA: genetic variation of 3,03 % vs 2,41 %).

The Yellow Perch population from the Lake St. François is the most distinct, with an historical isolation effect implicated into its genetic differentiation. It was not possible to pursue further the analyses regarding the dispersal of individuals according to sex and age, considering the weak assignment success of individuals to the different groups (assignment success between 45,5 % and 50,9 % for the different classes of individuals). The analysis of morphometric variation highlighted a concordance between genetic and morphometric discontinuities for females, which was supported by half or more of the informative morphometric traits. No discontinuity in the geographic pattern of morphometric variation was noticed for males. The assignment success to the group of origin on the base of morphometric differences between groups was low (69% for females and 63,8% for males) when considering the grouping in four distinct populations such as defined by our analysis. When considering the Yellow Perch grouping by water bodies rather than by distinct genetic groups, the assignment success was alike for males (61,5 %) but lower in the case of females (56%). These results show that 1) the management plans of the Yellow Perch populations of the St. Lawrence River are not actually defined according to the four genetically distinct populations, and that 2) the differentiation observed on morphometric traits in the system follows a pattern of neutral differentiation as such as the pattern of genetic variation observed on microsatellite loci, and does not seem to be the result of natural selection pressures on specific morphological traits in relation to the habitat use but the result of genetic drift.

Key words

yellow perch,
population genetics,
St. Lawrence River,
Lake St. Pierre,
fisheries management.

Table des matières

1. Introduction.....	1
2. Méthodologie.....	2
2.1 Stratégie d'échantillonnage.....	2
2.2 Extraction d'ADN et géotypage.....	4
2.3 Mesures morphométriques.....	5
2.4 Diversité génétique et équilibre de Hardy-Weinberg.....	5
2.5 Discrimination et ampleur de la différenciation génétique des populations.....	6
2.6 Analyses morphométriques.....	7
3. Résultats.....	11
3.1 Polymorphisme et équilibre de Hardy-Weinberg.....	11
3.2 Discrimination et ampleur de la différenciation génétique des populations.....	11
3.3 Différenciation morphologique entre les populations et concordance avec la différenciation génétique.....	16
4. Conclusion.....	18
5. Discussion.....	18
5.1 Facteurs impliqués dans la structuration des populations de perchaudes.....	18
5.2 Implications pour la gestion.....	20
6. Bibliographie.....	21

Liste des figures

Figure 1. Localisation des échantillons dans le fleuve Saint-Laurent.....	3
Figure 2. Gabarit des longueurs utilisées pour la sélection des individus et la référence au stade de vie.....	3
Figure 3. Vue latérale d'une perchaude et détail de la tête montrant quelques traits morphométriques mesurés.....	5
Figure 4. Distribution de fréquence des allèles présents pour chacun des huit loci microsatellites analysés pour les sites d'échantillonnage de 2003 et de 2004.....	10
Figure 5. Discontinuités génétiques détectées entre les différents groupes de perchaudes échantillonnés du fleuve Saint-Laurent.....	14
Figure 6. Analyse en composantes principales sur les fréquences alléliques des différents sites d'échantillonnage effectuée au moyen du logiciel PCA-GEN 1.2.1.....	15
Figure 7. Analyse canonique réalisée sur les individus mâles et femelles classés selon les quatre groupes génétiquement distincts.....	17

Liste des tableaux

Tableau 1. Échantillons de perchaudes du fleuve Saint-Laurent utilisés pour cette étude.....	4
Tableau 2. Sommaire de la diversité génétique observée au niveau des huit loci microsatellites des échantillons temporels.....	8
Tableau 3. Valeurs de différenciation génétique FST multi-locus pour chaque comparaison de sites deux-à-deux au dessus de la diagonale et probabilités correspondantes sous la diagonale.....	12
Tableau 4. Analyse de variance moléculaire effectuée au moyen du logiciel <i>Arlequin</i> 2.0.....	16

Introduction

En biologie de la conservation, lorsque l'on vise à mettre au point des plans de gestion des populations naturelles, il est primordial de délimiter de façon précise les populations du système étudié dans l'espace et dans le temps, ainsi que d'évaluer le degré de connectivité (i.e. flux génique) entre elles (Webster *et al.*, 2002). En effet, les individus d'une espèce sont souvent regroupés naturellement en populations locales soumises à des processus évolutifs différents (sélection naturelle, mutation, dérive et migration) et de différentes intensités, ce qui engendre des compositions génétiques distinctes pour chacun des groupes. L'existence de populations plus ou moins isolées spatialement et indépendantes au niveau de la reproduction, doit être considérée dans les scénarios de conservation et de gestion afin d'éviter la perte de bagages génétiques locaux permettant l'adaptation à des conditions spécifiques (Olver *et al.*, 1995). Ceci est particulièrement essentiel dans la gestion de populations de poissons d'eau douce subissant une exploitation intense, puisque l'effet d'un mélange de stocks de poissons ou encore de l'exploitation d'une population moins robuste peut être important pour l'évolution future de ces populations. Également, il est important de tenir compte du fait que plusieurs populations génétiquement distinctes peuvent être plus ou moins connectées entre elles par le mouvement des individus et ainsi former une métapopulation, au sein de laquelle chacune des populations est influencée par les autres (Hanski et Simberloff, 1997).

La génétique des populations est un domaine qui permet, par l'analyse d'échantillons d'ADN provenant d'individus de différentes régions du système étudié, de définir les populations génétiquement distinctes chez une espèce et de mieux comprendre les processus évolutifs qui les gouvernent. L'utilisation de marqueurs génétiques de type microsatellite est un moyen très efficace pour déceler les différences dans la composition génétique d'organismes vivant dans un écosystème et connaître l'ampleur de la différenciation engendrée par la dérive génétique entre les groupements distincts. Lorsque les connaissances d'autres types d'études, comme l'étude du mouvement des individus ou encore l'étude de la dynamique des populations, peuvent ajouter à l'interprétation de la structure et de la connectivité entre les populations, les mesures de conservation résultantes ne sont que plus appropriées pour le système visé (Moritz, 2002).

Au début des années 2000, la définition des stocks de perchaudes du fleuve Saint-Laurent et les connaissances s'y rattachant, représentait une priorité. En effet, l'exploitation de cette espèce, autant en eau libre que sous la glace, est une activité socio-économique et culturelle d'une grande importance dans le fleuve Saint-Laurent. À elles seules, les pêches sportive et commerciale du lac Saint-Pierre avaient des retombées économiques de l'ordre de 10 millions de dollars par année (Magnan, 2002). Or,

depuis le milieu des années 1990, les débarquements enregistrés au lac Saint-Pierre ont diminué de façon dramatique (200 tonnes à 66 tonnes par année; Magnan, 2002). Cette rupture de stock serait causée par le maintien d'une trop grande pression de pêche pendant plusieurs années consécutives conjugué à une succession de faibles cohortes (Magnan, 2002). Également, une diminution progressive de l'abondance des perchaudes a été observée au lac Saint-François depuis 1984, alors qu'au lac Saint-Louis, le taux de mortalité des perchaudes a presque doublé par rapport à la fin des années 1980. Un déficit en individus de grande taille a aussi été décelé dans toute la plaine du Saint-Laurent au moyen des échantillonnages du réseau de suivi ichtyologique (RSI) du Ministère des ressources naturelles et de la faune et de ses partenaires (FAPAQ, 2002). Dans ce contexte, l'analyse de la structure génétique des populations de perchaudes du fleuve est donc apparue comme une nécessité pouvant permettre de vérifier les fondements des plans de gestion, de pouvoir mieux préserver les processus évolutifs naturels se déroulant au sein de ces populations et d'autre part, de pouvoir éventuellement en assurer la persistance.

Plusieurs études de la structure des populations de perchaudes (*Perca flavescens*) et de son vicariant, la perche (*Perca fluviatilis*) ont déjà été réalisées dans plusieurs régions de l'Europe et de l'Amérique du Nord à différentes échelles spatiales. Elles permettent de penser qu'il est possible de détecter une structuration génétique chez les populations de *Perca flavescens* du fleuve Saint-Laurent. Les deux espèces parentes ont des niveaux remarquablement bas de variation d'allozymes au niveau de leurs populations. Par exemple, *Perca fluviatilis* a montré des niveaux extrêmement bas de variation en Suisse, en Finlande et au Royaume-Uni ainsi que de bas niveaux d'hétérozygotie (Gyllensten *et al.*, 1985, 33 loci, hétérozygotie = 0,03%; Bodaly *et al.*, 1989, 52 loci, hétérozygotie = 0,33%), alors qu'une étude d'allozymes pour les populations de *Perca flavescens* au lac Michigan, à Green Bay et au lac Champlain a mis en évidence de la variation allélique à seulement quatre loci sur les 19 analysés (Leary et Booke, 1982). Il a été suggéré que la faible variabilité allélique serait une caractéristique ancestrale qui reflèterait les nombreux goulots d'étranglement qu'ont subi les populations et que, chez les deux espèces, la stabilité écologique et les hauts niveaux d'adaptation pourraient contribuer aussi au monomorphisme observé (Todd et Hatcher, 1993). Néanmoins, plusieurs autres types de marqueurs génétiques ont permis de mettre en lumière la différenciation de populations de la perchaude ou de la perche. Une étude combinant l'analyse de marqueurs minisatellites et la région D-loop de l'ADN mitochondrial de 20 localités en Norvège et en Suisse a révélé une structuration des populations scandinaves de *Perca fluviatilis* (Refseth *et al.*, 1998). L'existence de deux populations distinctes chez *Perca fluviatilis* a aussi été déterminée à l'aide de cinq loci microsatellites

au lac Constance, en Allemagne (Gerlach *et al.*, 2001; Behrmann-Godel *et al.*, 2004). Même si la faible variation génétique entre les populations de perchaude a limité l'emploi de marqueurs génétiques pour discriminer les populations dans le centre des États-Unis, une analyse au niveau de l'ADN mitochondrial a permis de mettre en évidence de la variation dans le bassin ouest du lac Érié, ce que les allozymes n'ont pu détecter (Billington, 1993; Strittholt et Guttman, 1988). De plus, une étude de la structure génétique des populations au lac Michigan a aussi été réalisée avec six loci microsatellites et a mis en évidence une différenciation génétique entre le lac Michigan et la Green Bay avec des niveaux d'hétérozygotie de 0,21 à 0,86 (Miller, 2003). Il est donc possible de détecter des signaux de structuration génétique chez les populations de *Perca flavescens* en employant des marqueurs plus variables, comme les microsatellites.

D'autre part, dans le fleuve Saint-Laurent, plusieurs études réalisées au moyen d'analyses des déplacements et des paramètres de dynamique des populations des perchaudes entre 1964 et 2000, ont mis en lumière des faits ou cité des observations suggérant l'existence possible de regroupements de perchaude indépendants et de comportements de dispersion différents selon les secteurs du fleuve.

Dans la région de Montréal, Fortin (1970) et Dumont (1996) ont tous deux illustré la quasi-indépendance des populations de perchaude de la rive nord et de la rive sud du lac Saint-Louis, ainsi que démontré un fort degré de sédentarité pour les poissons de ce plan d'eau. La grande majorité des recaptures de plusieurs milliers de perchaudes étiquetées a été faite à l'intérieur d'un rayon de 10 km.

Au lac Saint-Pierre, situé à 120 km en aval du lac Saint-Louis, Leclerc (1985) a conclu que les perchaudes des rives nord et sud pouvaient être considérées comme une seule entité: dans ce cas aussi, la distance moyenne séparant le site de marquage des poissons et celui de la recapture, pour les perchaudes ayant effectué un déplacement significatif, était de 10 km. Cet auteur a aussi présenté des analyses partielles des déplacements moyens des poissons ayant débordé de ce cadre : on y constatait qu'environ 9 % des perchaudes recapturées ailleurs qu'aux sites de marquage avaient traversé la voie maritime. Plusieurs dizaines d'entre elles s'étaient déplacées en moyenne de 8,7 km vers amont ou de 29 km en aval du site de marquage le plus à l'est, ce qui pouvait laisser présager, du moins vers l'aval, un certain potentiel migratoire. Son analyse des déplacements a surtout porté sur le lac et ses environs immédiats et la mention de recapture la plus éloignée citée était à 35 km vers l'aval, soit à Cap-de-la-Madeleine. La revue des résultats historiques consignés dans les dossiers du MRNF a toutefois permis de constater de nombreuses recaptures à Bécancour, Gentilly, Les Becquets ou même Portneuf.

Dix-sept années plus tard, de Lafontaine *et al.* (2002) ont démontré des déplacements saisonniers importants entre le lac Saint-Pierre et l'Île d'Orléans, plus fréquents vers l'aval au printemps (mai et juin) et vers l'amont en automne (mi-septembre et octobre), suggérant un lien fort entre les individus du lac Saint-Pierre et ceux retrouvés à différentes localités en aval.

L'assemblage de toutes ces informations, de même que certaines autres (Pageau, 1964; G.V.L. Environnement Inc., 2001 et plusieurs autres éléments non publiés contenus dans les dossiers du MRNF) permettait en 2002, de croire à l'existence d'un système de métapopulation chez la perchaude du fleuve Saint-Laurent. Il était aussi évident qu'une étude destinée à caractériser l'homogénéité génétique des différents groupements de perchaude ne pouvait qu'être bénéfique pour comprendre les réalités de ce système et procurer une base scientifique solide pour en réviser les fondements des différentes unités de gestion.

La présente étude avait comme principal objectif de documenter la structure des populations de perchaudes du fleuve Saint-Laurent en utilisant deux approches complémentaires : d'une part, en effectuant une analyse de la variation génétique observée au niveau de marqueurs génétiques de type microsatellite, et d'autre part, en décrivant la variation morphologique observée dans le système au niveau de plusieurs traits morphométriques mesurés chez les perchaudes. Les patrons géographiques de variation génétique et morphométriques étaient également comparés dans le but de vérifier s'il y avait ou non une concordance entre les deux, et si l'un appuyait la structuration de populations éventuellement révélée par l'autre. De plus, cette étude visait à discuter des implications des résultats pour la gestion des populations de perchaudes du fleuve Saint-Laurent.

2. Méthodologie

2.1 Stratégie d'échantillonnage

Une récolte de perchaudes durant la période de fraie (avril et mai) a été réalisée sur différents sites le long du fleuve Saint-Laurent entre le lac Saint-François et Québec, et ce, pour les années 2003 et 2004 afin de s'assurer de la répliquabilité temporelle des résultats (Figure 1). La plupart de ces endroits représentaient des sites de fraie de la perchaude et correspondaient à l'habitat caractéristique de l'espèce (faible courant et herbiers aquatiques). Pour le lac Saint-François et le lac Saint-Louis, ainsi que pour la région de Contrecoeur, un échantillonnage a été effectué sur les rives nord et sud, alors qu'un échantillonnage plus détaillé a été réalisé au lac Saint-Pierre, où des perchaudes ont été prélevées dans chacun des quatre quadrants du lac ainsi qu'à l'Île-du-Moine et au marais Saint-Eugène (Figure 1). Un total de 60 perchaudes par site d'échantillonnage a été prélevé en général,

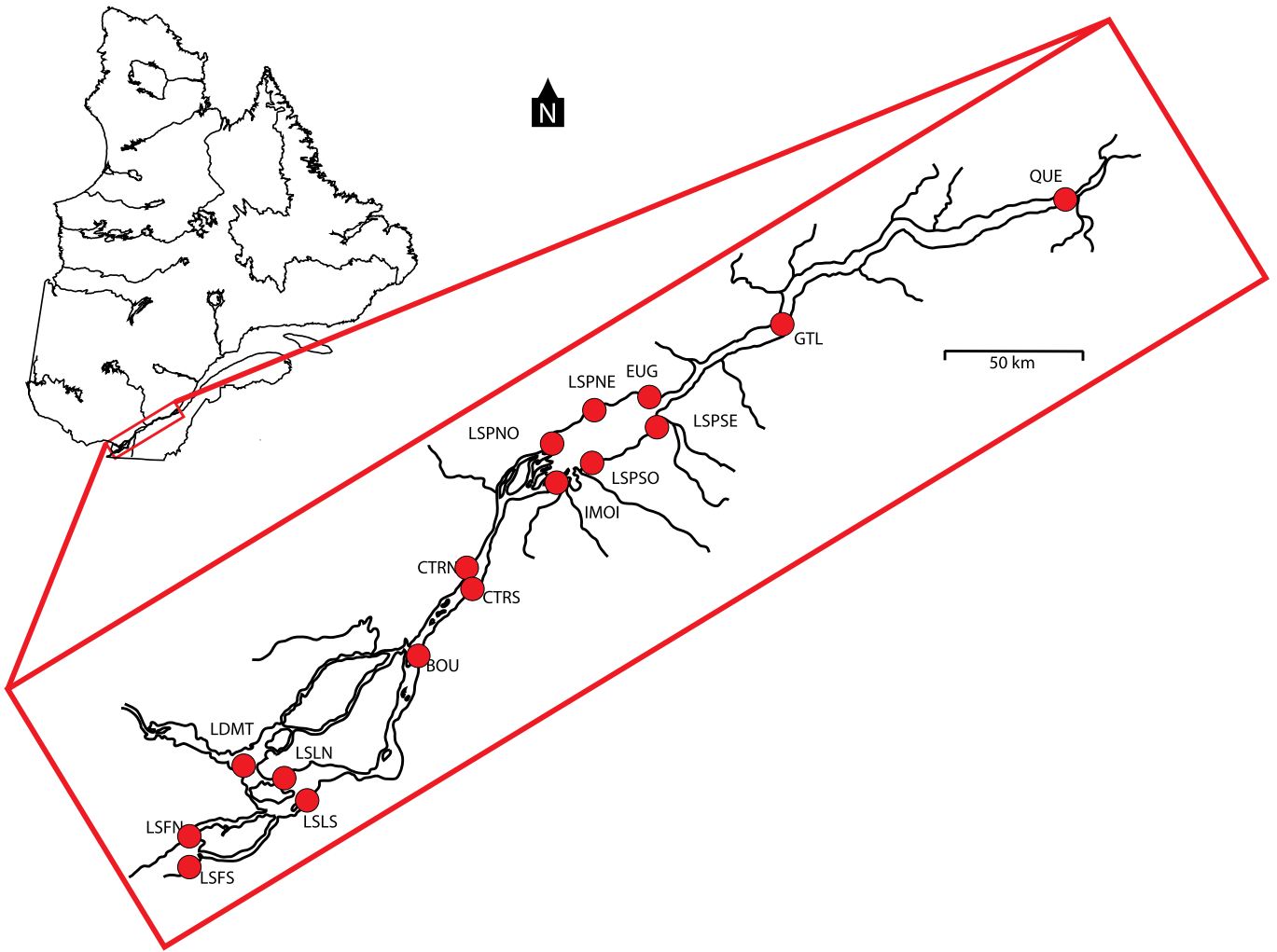


Figure 1 : Localisation des échantillons dans le fleuve Saint-Laurent. Les caractéristiques des échantillons, tels que les noms complets, sont indiquées dans le tableau 1.

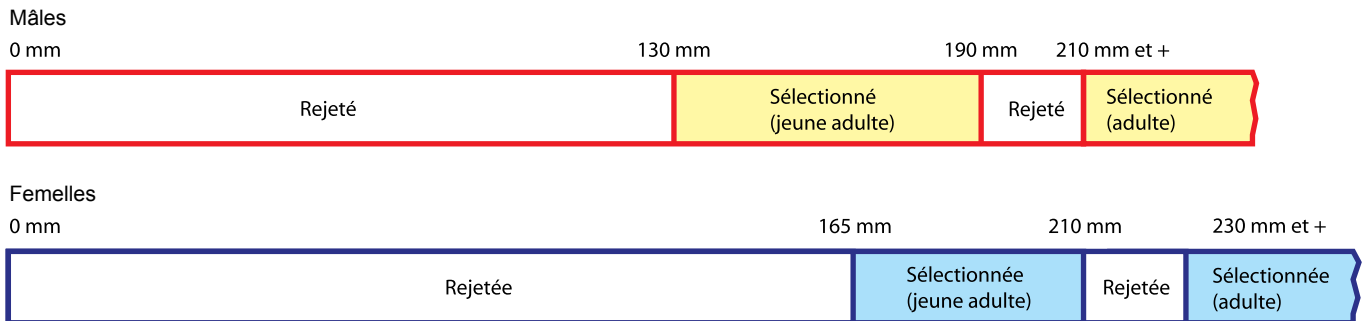


Figure 2 : Gabarit des longueurs utilisées pour la sélection des individus et la référence au stade de vie.

Tableau 1. Échantillons de perchaudes du fleuve Saint-Laurent utilisés pour cette étude. Pour chaque échantillon, le nom de la population, le secteur d'échantillonnage, la période, le code, le nombre d'individus de chacune des catégories (sexe et âge) et le nombre total d'individus sont indiqués.

Population	Région	Période	Code	(petits mâles) n	(grands mâles) N	(petites femelles) n	(grandes femelles) n	(total) n
Québec		Juin 03	QUE (P03)	12	8	28	9	57
Québec		Juin 04	QUE(P04)	1	3	8	5	17
Québec		Sept 03	QUE(A03)	24	14	36	36	110
Québec		Sept 04	QUE(A04)	2	1	3	10	16
Gentilly		Mai 03	GTL(03)	15	15	15	15	60
Gentilly		Mai 04	GTL(04)	27	15	18	18	77
St. Eugène		Mai 04	EUG(04)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Nord-est	Mai 03	LSPNE(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Nord-est	Mai 04	LSPNE(04)	16	15	16	15	62
Lac Saint-Pierre	Sud-est	Mai 03	LSPSE(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Sud-est	Mai 04	LSPSE(04)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Nord-ouest	Mai 03	LSPNO(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Nord-ouest	Mai 04	LSPNO(04)	15	25	15	15	70
Lac Saint-Pierre	Sud-ouest	Mai 03	LSPSO(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Pierre	Sud-ouest	Mai 04	LSPSO(04)	15	17	15	15	62
Île du Moine		Mai 03	IMO(03)	15	15	15	15	60
Contrecoeur	Nord	Mai 03	CTR(03)	15	15	15	15	60
Contrecoeur	Nord	Mai 04	CTR(04)	25	4	20	10	60
Contrecoeur	Sud	Mai 03	CTR(03)	15	15	15	15	60
Contrecoeur	Sud	Mai 04	CTR(04)	29	1	21	9	60
Boucherville		Mai 03	BOU(03)	15	5	16	8	43
Lac Saint-Louis	Nord	Mai 03	LSLN(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-Louis	Sud	Mai 03	LSLS(03)	25	16	16	26	83
Lac Saint-Louis	Sud	Mai 04	LSLS(04)	14	8	18	10	50
Lac des Deux Montagnes		Mai 03	LDMT(03)	15	19	15	16	65
Lac des Deux Montagnes		Mai 04	LDMT(04)	15	4	15	15	49
Lac Saint-François	Nord	Mai 03	LSFN(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-François	Sud	Mai 03	LSFS(03)	15	15	15	15	60
Lac Saint-François	Sud	Mai 04	LSFS(04)	21	4	15	15	55

soit 30 mâles et 30 femelles. Pour chacun des sexes, deux gammes de tailles ont été visées afin de récolter à la fois de jeunes et de plus vieux adultes (Figure 2 et Tableau 1) (Thorpe 1977; Craig 1987). Des échantillons supplémentaires ont aussi été recueillis à Gentilly et dans la région de Québec, à la pêcherie fixe de Saint-Nicolas, opérée par l'Aquarium du Québec, durant les saisons du printemps et de l'automne au cours des deux mêmes années. Pour l'année 2003, 908 individus ont été prélevés au printemps et 110 échantillons ont été récoltés en automne, alors qu'en 2004, 681 échantillons ont été récoltés au printemps et 16 individus ont été prélevés en automne. Cet échantillonnage a été effectué par le personnel du Ministère des ressources naturelles, de la Faune et des Parcs du Québec (MRNF), au moyen de pêches expérimentales, d'achats ou de récolte de

dons de certains pêcheurs commerciaux ou de prélèvements à même les poissons capturés à la pêcherie de l'Aquarium.

2.2 Extraction d'ADN et géotypage

Nous avons prélevé un petit morceau de la nageoire caudale ou de la pectorale sur chacun des spécimens et conservé celui-ci dans un tube d'éthanol 95% pour fin d'extraction d'ADN. Les poissons entiers de 2003 ont été conservés individuellement dans un sac en plastique et congelés à -20 °C dans le but d'effectuer des analyses morphométriques. L'extraction de l'ADN à partir des morceaux de nageoires a été réalisée en utilisant la trousse standard DNeasy Tissue Kit et Milipore (QIAGEN, Valencia, California) tout en suivant le protocole

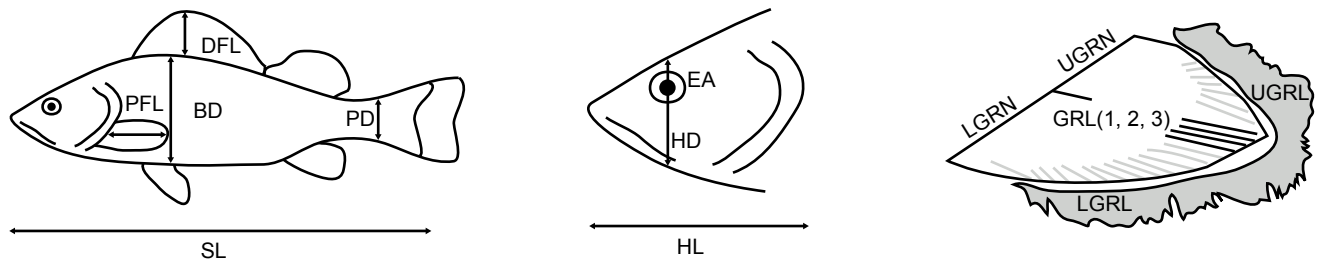


Figure 3. Vue latérale d'une perchaude et détail de la tête montrant quelques traits morphométriques mesurés : la longueur standard (SL), la longueur de la nageoire pectorale (PFL), la longueur de la nageoire dorsale (DFL), la longueur de la tête (HL), la hauteur de la tête (HD), du corps (BD) et du pédoncule caudal (PD) et l'aire de l'œil (EA). Les traits morphométriques de la largeur de la bouche et l'espace inter-orbital ne sont pas indiqués sur l'image. Également, les longueurs des branchicténies 1, 2 et 3 ont été mesurées, ainsi que la longueur des deux arcs branchiaux (UGRL et LGRL) et le nombre de branchicténies retrouvées sur chacun des arcs branchiaux (LGRN et UGRN) afin de déterminer l'espace moyen entre les branchicténies.

du manufacturier. Le génotypage des individus a été effectué à 10 loci microsatellites dinucléotides (PflaL1, PflaL3, PflaL4, PflaL5, PflaL6, SviL10, SviL17, Svi 5, Cv09 et E06) choisis pour leur capacité à détecter du polymorphisme parmi des marqueurs déjà identifiés respectivement chez la perchaude, le doré jaune (*Stizostedion vitreum*), le dard rayé (*Etheostoma virgatum*) et le raseux-de-terre gris (*Etheostoma olmstedi*) (Eldridge *et al.*, 2002; Leclerc *et al.*, 2000; Wirth *et al.*, 1999; Borer *et al.*, 1999; Porter *et al.*, 2002; DeWoody *et al.*, 2000). Les marqueurs microsatellites ont été amplifiés séparément dans un volume de réaction PCR de 12 μ L composé de ddH₂O, 1,0 μ L 10 X de tampon de réaction (10 mM Tris-HCl, 1,5 mM MgCl₂, 0,1% TritonX-100, 50 mM KCl), 50 ng d'ADN, 0,3 μ L de dNTPs (10 mM de chaque dNTP), 0,83 μ M d'amorce 5' avec composé fluorescent, 0,45 μ M d'amorce 3', et 1,0 U d'ADN polymérase *Taq*. La température du programme de PCR utilisé était de 95 °C pendant 5 minutes, ce qui était suivi de 35 cycles (95 °C pendant 30 secondes, 45 secondes à une température d'hybridation spécifique au marqueur microsatellite et 45 secondes à 72 °C) et se terminait à 72 °C pendant 10 minutes. Les fragments d'ADN ont été séparés sur un analyseur génétique ABI 3100 (*Applied Biosystem Inc.*, Foster City, California) utilisant le marqueur de taille *GeneScan 500 ROX*TM, calibré selon une taille standard et dénombrés à l'aide des logiciels *GeneScan 3.7* et *Genotyper 3.7* (*Applied Biosystem Inc.*, Foster City, California).

2.3 Mesures morphométriques

Pour les mesures morphométriques, 30 individus ont été considérés, soit 15 mâles et 15 femelles, pour chacun des secteurs d'échantillonnage du lac Saint-Pierre (comprenant l'Île du Moine et le marais Saint-Eugène), du lac Saint-François, du lac Saint-Louis, de Gentilly, de Contrecoeur (rive sud seulement) et de Québec. Chaque individu a d'abord été photographié avec une caméra digitale sur le côté gauche avec une règle. Les mesures

morphométriques, c'est-à-dire la longueur totale, la longueur de la nageoire pectorale, la longueur de la première nageoire dorsale, la longueur de la tête, la hauteur de la tête, du corps et du pédoncule caudal, l'angle entre le maxillaire et l'axe du corps et l'aire de l'œil ont été effectuées à l'aide du logiciel IMAGE J (Figure 3). La largeur de la bouche ouverte et l'espace inter-orbital ont été mesurés avec un pied à coulisse électronique (0,01 mm). De plus, à l'aide d'un microscope à dissection et d'un pied à coulisse électronique, le nombre de branchicténies sur chacune des deux parties du premier arc branchial de la branchie gauche a été déterminé. La longueur de chacune des parties du premier arc branchial a ensuite été mesurée, puis, à l'aide de ces mesures, l'espace entre chaque branchicténie a pu être déterminé (Saint-Laurent *et al.*, 2003; Turgeon *et al.*, 1999; Hubbs et Lagler, 1958). La longueur des branchicténies un, deux et trois a également été mesurée (Figure 3). Tous les caractères morphométriques et méristiques choisis pour les analyses représentent des traits au niveau desquels des différences dues à l'utilisation trophique et à l'habitat sont susceptibles de se manifester, selon plusieurs études morphométriques réalisées sur d'autres espèces de poissons (Saint-Laurent *et al.*, 2003; Hendry *et al.*, 2002; Turgeon *et al.*, 1999; Dynes *et al.*, 1999; Thorpe, 1977).

2.4 Diversité génétique et équilibre de Hardy-Weinberg

La diversité génétique à l'intérieur de chaque échantillon a d'abord été quantifiée en terme d'hétérozygotie observée et attendue (HO et HE) avec le logiciel GENETIX 4.02 (Belkhir *et al.*, 2000), puis en terme de richesse des allèles (\bar{A}) par locus, pour chaque site d'échantillonnage en utilisant le logiciel FSTAT 2.9.3 (Goudet, 2001). La richesse des allèles a été calculée pour une même taille d'échantillon ($n = 40$, la plus petite taille d'échantillon) afin de mieux détecter les différences de richesse d'allèles entre les sites d'échantillonnage, dont les tailles des

échantillons sont différentes (Leberg, 2002). Le logiciel GENEPOP version 3.3 a par la suite été utilisé pour vérifier l'équilibre d'Hardy-Weinberg à chacun des locus et globalement sur tous les loci, afin de tester les hypothèses alternatives de déficit ou d'excès en hétérozygotes. Ce même logiciel a été employé pour vérifier l'équilibre de liaison de chacune des paires de loci (Raymond et Rousset, 1995). Nous avons décidé d'exclure les loci PflaL4 et Cv09 de nos analyses subséquentes puisqu'à ces loci, étaient associés respectivement un manque de clarté dans la définition des allèles (pics répétitifs) et une évidence de la présence d'allèles nuls (non amplifiables). Un total de huit loci microsatellites a donc finalement été sélectionné pour les analyses génétiques.

2.5 Discrimination et ampleur de la différenciation génétique des populations

Tout d'abord, nous avons employé la méthode de Guo et Thompson (1992) dans le programme Genepop 3.3 (Raymond et Rousset, 1995) afin de déterminer si les perchaudes des différents sites d'échantillonnage présentaient globalement des fréquences alléliques distinctes pour tous les loci. Ensuite, pour évaluer l'ampleur de la différenciation génétique dans le système étudié, l'index de différenciation FST (θ ; Weir et Cockerham, 1984) a été calculé avec le logiciel GENETIX 4.02 globalement, ainsi que pour chacune des comparaisons de sites deux-à-deux (Belkhir *et al.*, 2000). La mesure de l'ampleur de différenciation globale FST a également fait l'objet d'une correction selon Hedrick (2005), afin de tenir compte de la diversité génétique retrouvée dans le système exprimée par l'hétérozygotie moyenne. L'estimateur RST (Michalakis et Excoffier, 1996) a ensuite été calculé entre toutes les paires de populations avec le logiciel SPAGeDi 1.1 (Hardy et Vekemans, 2002). Cette mesure de différenciation génétique a l'avantage de tenir compte de la taille des allèles, contrairement à la mesure FST, et permet de refléter davantage le rôle de la mutation (effet d'un isolement historique) dans la différenciation de populations. Afin de vérifier les contributions relatives de la dérive et de la mutation pas-à-pas dans la différenciation génétique, mises en évidence respectivement par les mesures FST et RST, le test de permutation des tailles alléliques de Hardy *et al.* (2003) a été effectué au moyen de SPAGeDi 1.1. En fait, ce test consiste en une ré-assignation aléatoire des tailles alléliques observées à un locus donné chez les individus, afin de vérifier si les différences dans les tailles alléliques contribuent ou non à la différenciation des populations. Si la mutation contribue à la différenciation, la distribution des valeurs ρ RST, c'est-à-dire des valeurs de RST simulées et calculées à partir des permutations de tailles alléliques (1000 permutations aléatoires), a alors une valeur significativement plus faible que la valeur du RST observée et l'estimateur RST est préféré à FST pour interpréter l'ampleur de la différenciation génétique. Si au

contraire la mutation ne contribue pas à la différenciation (ρ RST = RST), l'estimateur FST est plus approprié et la différenciation est alors considérée davantage comme ayant été causée par la dérive génétique.

L'algorithme de Monmonier a ensuite été utilisé avec le logiciel BARRIER 2.2 (Manni *et al.*, 2004) afin de mettre en évidence les aires géographiques associées avec les discontinuités dans la variation génétique du système. En résumé, l'algorithme de Monmonier permet d'identifier des barrières associées avec le taux le plus élevé de variation génétique (discontinuité génétique) sur une carte géographique présentant les échantillons selon leurs coordonnées géographiques. Les échantillons sont reliés sur la carte par la triangulation Delaunay, où les lignes entre les sites représentent l'ampleur de la différenciation génétique (ici θ , un estimateur non biaisé du FST; Weir et Cockerham 1984). Les analyses effectuées au moyen de BARRIER 2.2 ont été réalisées d'une part, à partir des données provenant de chacun des 8 loci microsatellites séparément, et d'autre part, à partir des données basées sur la totalité des loci. Ces analyses ont été effectuées pour chacune des deux années d'échantillonnage afin de vérifier la stabilité temporelle des barrières résultantes. Les analyses indépendantes avec les différentes matrices de distance génétique basée sur l'information des locus séparés, ont permis de déterminer le nombre de loci supportant chacune des barrières identifiées, et donc de vérifier le degré de redondance des données. Les barrières supportées par au moins la moitié des loci microsatellites employés (> 4 loci) étaient conservées, afin d'obtenir un portrait plus robuste du patron de différenciation génétique. Par la suite, une matrice des distances génétiques entre les sites, basées sur les données provenant des huit loci a été utilisée afin d'obtenir une carte des « barrières consensus », c'est-à-dire des barrières reflétant les discontinuités génétiques révélées simultanément par toutes les données. La différenciation génétique entre les sites échantillonnés a aussi été mise en évidence par un autre type d'analyse complémentaire à celle effectuée avec BARRIER 2.2, c'est-à-dire une analyse en composantes principales sur les fréquences alléliques avec le logiciel PCA-GEN 1.2.1, en vérifiant la significativité de chacune des composantes principales avec 10 000 permutations des géotypes (Goudet, 1999). L'utilisation de cette méthode avait pour but de vérifier les regroupements des sites formés et d'appuyer les résultats obtenus avec BARRIER 2.2.

Une analyse de variance moléculaire a par la suite été effectuée avec le logiciel ARLEQUIN 2.0 (Schneider *et al.*, 2000) en regroupant d'abord les sites par année d'échantillonnage (2003 et 2004) afin de vérifier la stabilité temporelle de la diversité génétique. De plus, afin d'estimer la proportion de la variance génétique distribuée entre les populations génétiquement distinctes

identifiées précédemment, une deuxième analyse de variance a été conduite, cette fois en combinant les échantillons temporels à l'intérieur de chacun des groupes génétiquement distincts. Pour valider la pertinence de considérer ces populations génétiquement distinctes, une troisième analyse de variance moléculaire a été réalisée, en formant des groupes sur la base du plan d'eau dans lequel était situé chacun des sites d'échantillonnage, soit : lac Saint-François, lac Saint-Louis, lac des Deux Montagnes, tronçon fluvial comprenant Boucherville et Contrecoeur, lac Saint-Pierre et tronçon fluvial comprenant Gentilly et Québec). Ainsi, il était possible de déterminer le type de regroupement qui expliquait davantage la variance génétique dans le système, c'est-à-dire par populations distinctes selon l'étude ou par groupe selon le plan d'eau, tels que considérés actuellement comme unités de gestion de la perchaude.

Différents tests ont été effectués afin de vérifier le succès avec lequel les individus pouvaient être assignés à leur groupe d'origine, parmi les groupes génétiquement distincts identifiés précédemment, pour les différentes années d'échantillonnage 2003 et 2004 ainsi que pour les différentes classes d'individus séparés (sexe et classe de taille) en utilisant la méthode bayésienne de Rannala et Mountain (1997), intégrée dans le logiciel GENECLASS 2 (Piry *et al.* 2004). Le seuil d'affectation des individus utilisé était de $\alpha = 0,01$ avec des simulations de 10 000 individus dans l'algorithme de Paetkau *et al.* (2003). Il n'a pas été possible d'effectuer d'autres analyses en ce qui concerne la dispersion des perchaudes selon le sexe et l'âge, compte tenu d'une faible capacité d'assignation des individus aux différents groupes (voir résultats).

2.6 Analyses morphométriques

L'effet de la taille sur les mesures morphométriques a d'abord été éliminé en utilisant une analyse en composantes principales (ACP). Le premier axe de cette analyse a été considéré comme une variable "taille" et les observations de chaque variable morphométrique de tous les individus ont été mises en relation avec cette variable pour construire une régression simple. Les résidus des mesures morphométriques, indépendants de la taille des individus mesurés, ont ensuite été utilisés dans une analyse discriminante pas-à-pas. Ce type d'analyse a été employé dans le but de différencier les populations au moyen des variables les plus informatives. À chaque pas de l'analyse, la variable la plus performante pour discriminer les groupes a été sélectionnée suivant un seuil minimum ($\alpha = 0,05$) sous lequel aucune variable ne pouvait être retenue. Une analyse canonique a finalement été réalisée avec les variables sélectionnées par l'analyse discriminante.

La fonction discriminante a ensuite été employée afin d'évaluer le pourcentage de reclassification des individus

au regroupement dans lequel ils ont été retrouvés et les estimés d'erreur a posteriori, dans le but final d'évaluer la robustesse des différences morphologiques observées entre les groupes. Si les regroupements a priori révèlent une faible différenciation morphologique, un nombre important d'individus sont théoriquement mal classés. L'erreur a été estimée comme le pourcentage de poissons attribués à un mauvais groupe d'origine.

Nous avons fait ces analyses à deux reprises, d'abord en classant a priori les individus selon les groupes distincts identifiés plus tôt par les analyses génétiques, et ensuite, en formant les groupes selon les unités actuelles de gestion du fleuve, c'est-à-dire par lac ou par tronçon fluvial d'où provenaient les échantillons (six groupes : lac Saint-François, lac Saint-Louis, lac Des Deux Montagnes, tronçon fluvial comprenant Boucherville et Contrecoeur, lac Saint-Pierre, tronçon fluvial comprenant Gentilly et Québec). Cette démarche visait à vérifier le type de regroupement pour lequel nous obtenions un meilleur pourcentage de reclassification des individus et ainsi confirmer les groupes distincts de perchaudes révélés par les analyses génétiques, mais en fonction de la variation morphologique retrouvée dans le système.

Nous avons employé de nouveau le logiciel BARRIER 2.2 de Manni *et al.* (2004), afin de visualiser cette fois les discontinuités dans la variation morphologique de l'aire d'étude, et ce, en utilisant les différences dans les valeurs moyennes des résidus des mesures morphométriques, corrigées pour l'effet de la taille entre chacune des paires de sites. Des analyses ont été réalisées pour chacune des variables informatives sélectionnées plus tôt par l'analyse discriminante pas-à-pas, pour chacun des sexes séparément. Les barrières résultantes des analyses indépendantes ont été comparées entre elles pour vérifier le nombre de traits morphométriques supportés par chacune, et les concordances avec celles obtenues dans les analyses génétiques.

Tableau 2. Sommaire de la diversité génétique observée au niveau des huit loci microsatellites des échantillons temporels. La richesse allélique (\hat{A}), les niveaux d'hétérozygotie attendus (H_A) et observés (H_O) et les valeurs FIS sont indiqués. Le test exact de probabilité associé avec le test d'équilibre d'Hardy-Weinberg est aussi présenté pour chaque population à chacun des loci (Guo et Thompson 1992). Les astérisques dénotent les écarts significatifs à l'équilibre HW après les ajustements de Bonferroni. La richesse des allèles (\hat{A}) a été corrigée pour une taille d'échantillon de $n = 40$ au moyen du logiciel FSTAT 2.9.3 (Goudet 2001)

		GTL	GTL	EUG	LSPNE	LSPNE	LSPSE	LSPSE	LSPNW	LSPNW	LSPSW	LSPSW	CTRN	CTRN
		2003	2004	2004	2003	2004	2003	2004	2003	2004	2003	2004	2003	2004
PflaL1	\hat{A}	7,781	6,221	7,635	6,297	8,021	7,295	6,801	6,781	6,984	8,532	7,396	7,213	6,682
	H_A	0,71	0,74	0,77	0,68	0,64	0,73	0,71	0,73	0,75	0,76	0,78	0,73	0,77
	H_O	0,65	0,68	0,68	0,70	0,60	0,73	0,64	0,75	0,71	0,81	0,72	0,63	0,70
	F_{IS}	0,090	0,088	0,123	-0,034	0,064	-0,003	0,097	-0,021	0,053	-0,067	0,080	0,134	0,083
	$p(HW)$	0,233	0,199	0,113	0,404	0,222	0,658	0,159	0,817	0,153	0,228	0,321	0,059	0,038
PflaL3	\hat{A}	12,076	12,903	9,830	10,217	11,664	11,994	12,203	11,202	10,042	10,019	11,251	9,833	7,874
	H_A	0,82	0,85	0,81	0,78	0,85	0,83	0,84	0,83	0,84	0,80	0,85	0,84	0,83
	H_O	0,82	0,88	0,81	0,73	0,85	0,77	0,81	0,83	0,75	0,81	0,75	0,83	0,75
	F_{IS}	0,006	-0,043	-0,005	0,064	-0,004	0,082	0,034	-0,008	0,106	-0,015	0,120	0,007	0,106
	$p(HW)$	0,585	0,843	0,635	0,182	0,595	0,134	0,375	0,096	0,033	0,474	0,003	0,547	0,111
PflaL5	\hat{A}	3,666	4,575	4,549	4,322	3,406	2,891	4,058	4,224	2,914	4,324	3,901	4,332	3,449
	H_A	0,31	0,34	0,35	0,42	0,29	0,22	0,34	0,42	0,22	0,34	0,31	0,51	0,38
	H_O	0,32	0,38	0,38	0,47	0,32	0,22	0,38	0,48	0,21	0,36	0,37	0,55	0,39
	F_{IS}	-0,036	-0,107	-0,112	-0,119	-0,102	0,034	-0,121	-0,155	0,018	-0,042	-0,185	-0,078	-0,028
	$p(HW)$	0,627	0,867	0,944	0,903	0,870	0,521	0,943	0,927	0,568	0,707	1,000	0,723	0,645
PflaL6	\hat{A}	9,435	11,269	7,548	6,721	7,048	5,528	7,983	6,423	7,786	6,685	7,897	6,795	8,581
	H_A	0,71	0,79	0,70	0,73	0,70	0,64	0,72	0,72	0,76	0,64	0,72	0,69	0,70
	H_O	0,75	0,75	0,70	0,74	0,68	0,53	0,77	0,70	0,67	0,62	0,74	0,73	0,72
	F_{IS}	-0,050	0,056	0,002	-0,014	0,028	0,177	-0,061	0,036	0,111	0,031	-0,025	-0,050	-0,041
	$p(HW)$	0,758	0,406	0,431	0,120	0,446	0,030	0,903	0,197	0,025	0,462	0,621	0,778	0,076
Svi17	\hat{A}	5,655	7,158	8,783	5,631	7,414	4,996	6,958	5,000	6,628	5,835	5,922	5,856	5,686
	H_A	0,61	0,72	0,72	0,68	0,72	0,66	0,72	0,70	0,68	0,65	0,64	0,73	0,75
	H_O	0,55	0,71	0,70	0,73	0,71	0,70	0,68	0,73	0,74	0,66	0,74	0,73	0,78
	F_{IS}	0,099	0,012	0,034	-0,086	0,015	-0,053	0,056	-0,042	-0,085	-0,014	-0,151	-0,010	-0,050
	$p(HW)$	0,403	0,377	0,341	0,771	0,687	0,353	0,140	0,486	0,582	0,500	0,774	0,554	0,754
SviL10	\hat{A}	16,530	14,068	15,182	16,038	18,085	15,328	15,523	13,311	15,335	14,725	13,903	15,069	15,815
	H_A	0,85	0,83	0,86	0,83	0,87	0,82	0,84	0,80	0,85	0,87	0,82	0,84	0,88
	H_O	0,78	0,76	0,78	0,76	0,82	0,75	0,80	0,74	0,82	0,77	0,79	0,72	0,80
	F_{IS}	0,089	0,078	0,087	0,088	0,053	0,083	0,051	0,076	0,026	0,122	0,032	0,134	0,090
	$p(HW)$	0,061	0,012	0,021	0,094	0,356	0,231	0,418	0,019	0,212	0,022	0,363	0,0086	0,015
Svi5	\hat{A}	7,646	7,733	7,234	7,322	7,571	8,443	7,849	7,880	7,623	8,244	7,059	6,678	7,825
	H_A	0,71	0,77	0,69	0,69	0,74	0,71	0,70	0,75	0,68	0,71	0,66	0,75	0,71
	H_O	0,69	0,74	0,69	0,65	0,72	0,71	0,72	0,75	0,68	0,69	0,64	0,69	0,73
	F_{IS}	0,021	0,032	-0,014	0,065	0,031	-0,005	-0,030	-0,004	0,003	0,024	0,029	0,073	-0,028
	$p(HW)$	0,867	0,317	0,152	0,011	0,048	0,476	0,654	0,200	0,567	0,287	0,394	0,297	0,565
E06	\hat{A}	5,349	4,653	5,228	5,041	3,980	4,672	3,435	4,448	4,963	3,702	3,301	5,295	6,251
	H_A	0,54	0,50	0,55	0,54	0,55	0,54	0,53	0,53	0,57	0,57	0,53	0,50	0,50
	H_O	0,53	0,48	0,52	0,60	0,55	0,53	0,45	0,52	0,57	0,60	0,49	0,50	0,56
	F_{IS}	0,003	0,043	0,063	-0,109	0,004	0,004	0,144	0,034	-0,002	-0,042	0,069	0,003	-0,112
	$p(HW)$	0,021	0,456	0,346	0,779	0,547	0,511	0,154	0,446	0,566	0,246	0,313	0,083	0,929

Tableau 2 (suite)

		CTRS	CTRS	BOU	LSLN	LSLS	LSLS	LDMT	LDMT	LSFN	LSFS	LSFS
		2003	2004	2003	2003	2003	2004	2003	2004	2003	2003	2004
PflaL1	\hat{A}	5,666	6,726	7,998	5,660	6,726	6,473	7,446	7,262	7,034	7,661	5,827
	H_A	0,75	0,74	0,81	0,69	0,77	0,74	0,74	0,77	0,77	0,67	0,76
	H_O	0,68	0,67	0,76	0,58	0,71	0,70	0,72	0,70	0,66	0,63	0,74
	F_{IS}	0,085	0,103	0,055	0,152	0,072	0,052	0,019	0,095	0,144	0,062	0,031
	$p(HW)$	0,123	0,203	0,071	0,024	0,0001*	0,388	0,0033	0,036	0,020	0,038	0,353
PflaL3	\hat{A}	8,557	9,130	12,849	11,599	11,403	11,752	10,910	11,359	12,151	12,688	11,763
	H_A	0,81	0,83	0,83	0,80	0,83	0,83	0,83	0,84	0,81	0,75	0,86
	H_O	0,77	0,86	0,81	0,71	0,77	0,81	0,75	0,84	0,81	0,73	0,80
	F_{IS}	0,056	-0,036	0,028	0,121	0,073	0,032	0,097	0,000	0,002	0,021	0,080
	$p(HW)$	0,200	0,790	0,525	0,053	0,148	0,317	0,044	0,530	0,010	0,109	0,040
PflaL5	\hat{A}	4,330	3,103	3,952	4,889	3,733	3,954	4,846	3,000	5,890	4,631	4,630
	H_A	0,46	0,40	0,55	0,57	0,52	0,53	0,46	0,40	0,57	0,63	0,63
	H_O	0,53	0,36	0,57	0,62	0,57	0,54	0,42	0,39	0,58	0,67	0,53
	F_{IS}	-0,158	0,104	-0,045	-0,084	-0,092	-0,015	0,097	0,032	-0,019	-0,064	0,151
	$p(HW)$	0,938	0,242	0,732	0,763	0,930	0,632	0,277	0,252	0,650	0,692	0,067
PflaL6	\hat{A}	7,152	7,451	7,000	8,080	8,228	10,000	7,268	9,029	7,570	5,346	6,494
	H_A	0,74	0,74	0,75	0,76	0,72	0,83	0,76	0,74	0,71	0,68	0,69
	H_O	0,75	0,87	0,75	0,75	0,67	0,72	0,71	0,78	0,69	0,73	0,71
	F_{IS}	-0,014	-0,169	-0,001	0,008	0,064	0,140	0,071	-0,047	0,035	-0,065	-0,040
	$p(HW)$	0,521	0,990	0,605	0,025	0,296	0,039	0,194	0,642	0,332	0,718	0,574
Svi17	\hat{A}	5,631	6,047	6,975	5,656	5,732	5,632	6,652	7,626	6,666	5,666	7,055
	H_A	0,73	0,75	0,77	0,74	0,76	0,75	0,70	0,78	0,79	0,77	0,77
	H_O	0,75	0,77	0,78	0,80	0,77	0,75	0,69	0,76	0,68	0,73	0,80
	F_{IS}	-0,028	-0,027	-0,015	-0,088	-0,010	-0,004	0,010	0,027	0,131	0,052	-0,040
	$p(HW)$	0,767	0,158	0,570	0,930	0,513	0,559	0,434	0,503	0,0063	0,061	0,742
SviL10	\hat{A}	16,426	15,121	15,829	13,962	17,229	17,080	17,096	15,980	16,541	13,923	14,483
	H_A	0,84	0,78	0,83	0,82	0,85	0,84	0,85	0,86	0,92	0,89	0,88
	H_O	0,78	0,77	0,78	0,79	0,76	0,79	0,74	0,81	0,85	0,82	0,87
	F_{IS}	0,072	0,019	0,061	0,042	0,104	0,062	0,130	0,053	0,077	0,070	0,007
	$p(HW)$	0,215	0,290	0,146	0,091	0,127	0,265	0,0092	0,133	0,114	0,007	0,556
Svi5	\hat{A}	8,372	7,239	6,000	6,667	7,447	8,295	5,999	7,449	8,222	7,844	7,360
	H_A	0,65	0,71	0,73	0,77	0,65	0,78	0,77	0,80	0,72	0,72	0,68
	H_O	0,61	0,76	0,79	0,73	0,64	0,67	0,73	0,71	0,68	0,70	0,65
	F_{IS}	0,067	-0,075	-0,070	0,043	0,025	0,145	0,049	0,116	0,058	0,034	0,044
	$p(HW)$	0,281	0,883	0,593	0,240	0,208	0,0003*	0,256	0,076	0,412	0,529	0,288
E06	\hat{A}	3,576	5,647	4,000	4,556	5,410	5,295	5,796	3,762	6,223	5,447	6,045
	H_A	0,37	0,54	0,49	0,51	0,49	0,52	0,66	0,37	0,51	0,51	0,50
	H_O	0,34	0,57	0,48	0,55	0,43	0,52	0,60	0,33	0,42	0,50	0,46
	F_{IS}	0,076	-0,046	0,036	-0,080	0,117	0,002	0,089	0,118	0,182	0,010	0,084
	$p(HW)$	0,308	0,665	0,504	0,848	0,017	0,562	0,0008*	0,253	0,052	0,503	0,231

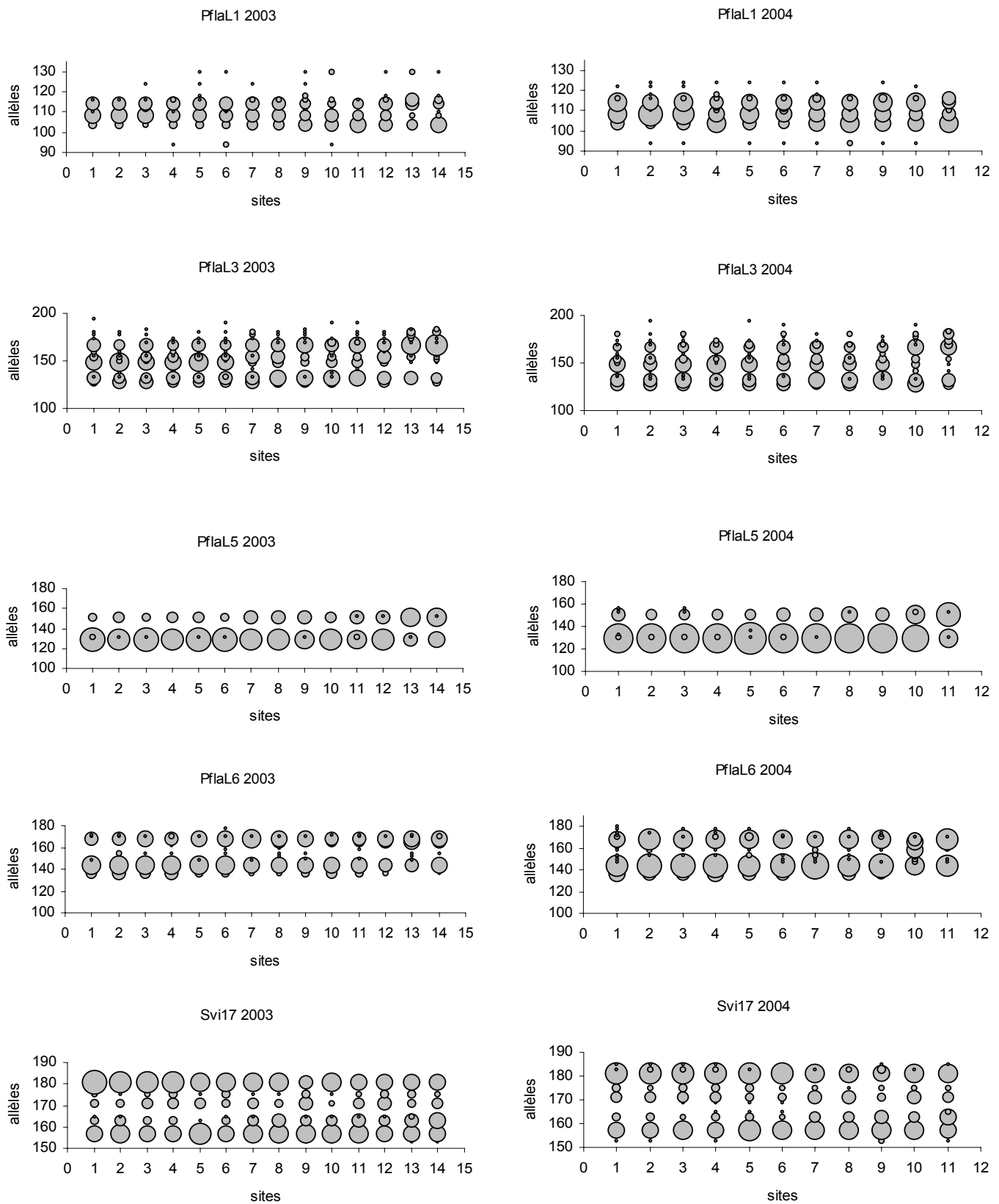
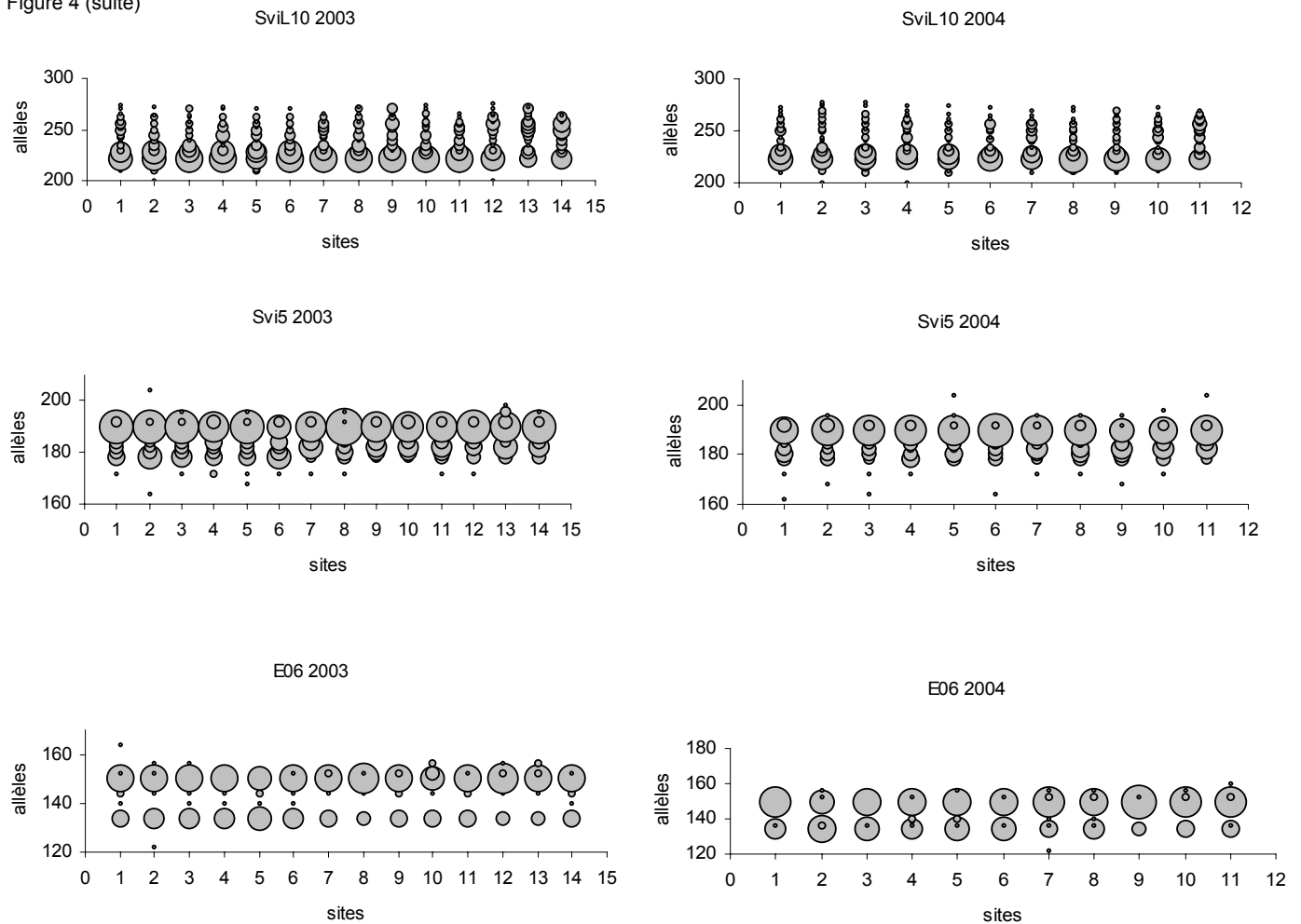


Figure 4. Distribution de fréquence des allèles présents pour chacun des huit loci microsatellites analysés pour les sites d'échantillonnage de 2003 et de 2004 (indiqués au haut de chaque graphique). Les sites d'échantillonnages sont identifiés sur l'axe des abscisses suivant un ordre géographique d'est en ouest. Chacun des allèles est représenté par un cercle proportionnel à sa fréquence dans le lieu d'échantillonnage.

Figure 4 (suite)



3. Résultats

3.1 Polymorphisme et équilibre de Hardy-Weinberg

Les différents loci microsatellites utilisés dans l'étude présentent un niveau modéré de polymorphisme, avec 10 à 26 allèles observés par locus et une richesse allélique variant de 2,89 dans l'échantillon LSPSE 2003 (Pfla L5) à 18,09 dans l'échantillon LSPNE 2004 (SviL10) (Tableau 2 et Figure 4). Le niveau d'hétérozygotie attendue (HA) allait de 0,31 dans l'échantillon GTL 2003 (PflaL5) à 0,92 dans l'échantillon LSFN 2003 (SviL10) (Tableau 2). Aucun des loci n'a démontré de déviation à l'équilibre de Hardy-Weinberg après une correction de Bonferroni ($\alpha = 0,0063$, $k = 8$; Rice 1989). En ce qui concerne l'équilibre de Hardy-Weinberg dans tous les sites et pour tous les loci, aucune déviation n'a été décelée, sauf pour 3 des 200 tests après une correction de Bonferroni ($\alpha = 0,002$, $k = 25$), avec des déficits en hétérozygotes dans les échantillons LSL5 2003, LSL5 2004 et LDMT 2003 (PflaL1, Svi5 et E06 respectivement) (Tableau 2). Les tests exacts d'équilibre de liaison génotypique ont révélé une proportion de valeurs de P significatives plus faible que celle attendue par le hasard

(une comparaison sur 60), indiquant l'absence d'associations fortes entre les huit loci utilisés.

3.2 Discrimination et ampleur de la différenciation génétique des populations

Nous avons premièrement vérifié que les fréquences des allèles pour tous les loci différaient bien de façon significative pour tous les sites d'échantillonnage ($\chi^2 = \text{infini}$, d.d.l. = 16, $P < 0,001$). Ensuite, une différenciation génétique globale modérée a été détectée pour l'ensemble des perchaudes des sites d'échantillonnage de l'étude, tel que l'indique la valeur globale de FST ($\theta = 0,089$, $P < 0,001$, avec correction de Hedrick). L'ampleur de la différenciation génétique FST (θ) entre toutes les paires de sites du système étudié est présentée au tableau 3. Les valeurs FST calculées vont de 0 à 0,1107 et augmentent généralement proportionnellement à l'éloignement géographique entre les sites. L'estimateur RST de Michalakis et Excoffier (1996) a été calculé globalement pour l'ensemble du système étudié et s'est avéré significativement plus élevé que la valeur de différenciation génétique globale FST ($P < 0,001$), suggérant l'implication d'un effet historique dans la différenciation génétique des éléments du système. Cependant, les valeurs

Tableau 3. Valeurs de différenciation génétique FST multi-locus (θ : Weir et Cockerham 1984) pour chaque comparaison de sites deux-à-deux au dessus de la diagonale et probabilités correspondantes sous la diagonale (NS = non-significatif, * = 0,05, ** = 0,01, *** = 0,001)

Site

Site	QUE (P03)	QUE (P04)	QUE (A03)	QUE (A04)	GTL (03)	GTL (04)	EUG (04)	LSPNE (03)	LSPNE (04)	LSPSE (03)	LSPSE (04)	LSPNO (03)	LSPNO (04)	LSPSO (03)	LSPSO (04)
QUE (P03)	-	0,00873	0,00179	0,01927	0,00205	0,00346	0,00374	0,00097	0,00492	0,00189	0,00308	0,00134	0,00425	0,00571	
QUE (P04)	NS	-	0,00920	0,01045	0,01176	0,01113	0,01814	0,01647	0,00806	0,01207	0,01584	0,01290	0,02078	0,02925	
QUE (A03)	NS	NS	-	0,01870	0,00063	0,00804	0,00616	0,00305	0,00095	0,00069	0,00070	0,00260	0,00498	0,00597	
QUE (A04)	**	**	**	-	0,01471	0,01826	0,01014	0,02322	0,02354	0,01426	0,01172	0,01952	0,00978	0,00735	
GTL (03)	NS	*	NS	*	-	0,00129	0,00131	0,00400	0,00622	0,00199	-0,00005	0,00114	0,00412	0,00728	
GTL (04)	NS	*	***	**	NS	-	0,00457	0,00686	0,01047	0,00697	0,00206	0,00207	0,00531	0,01418	
EUG (04)	NS	**	**	NS	NS	*	-	0,00646	0,01234	0,00536	0,00328	0,00421	0,00391	0,00827	
LSPNE (03)	NS	**	NS	**	NS	**	*	-	0,00545	0,00453	0,00094	0,00034	0,00415	0,00306	
LSPNE (04)	*	NS	NS	***	*	**	***	*	-	0,00259	-0,00025	0,00552	0,00363	0,00673	
LSPSE (03)	NS	*	NS	*	NS	**	*	NS	NS	-	0,00246	0,00408	0,00248	0,00382	
LSPSE (04)	NS	*	NS	*	NS	NS	NS	NS	NS	NS	-	0,00055	-0,00305	0,00133	
LSPNO (03)	NS	*	NS	**	NS	NS	NS	NS	*	NS	NS	NS	NS	NS	
LSPNO (04)	NS	**	**	NS	NS	*	NS	*	NS	NS	NS	NS	NS	*	
LSPSO (03)	*	***	**	NS	*	***	**	***	***	***	***	***	*	*	
LSPSO (04)	NS	***	*	*	NS	NS	***	***	***	***	***	NS	NS	NS	
IMOI (03)	*	**	**	**	*	NS	**	*	**	NS	*	NS	*	*	
CTRN (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
CTRN (04)	***	***	***	NS	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***	
CTRS (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
CTRS (04)	***	***	***	**	***	**	**	***	***	***	***	***	***	***	
BOU (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSLN (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSLS (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSLS (04)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LDMT (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LDMT (04)	***	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSFN (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSFS (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	
LSFS (04)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	

Tableau 3 (suite)

Site	Site														
	LSPSO (04)	IMOJ (03)	CTRN (03)	CTRN (04)	CTRS (03)	CTRS (04)	BOU (03)	LSLN (03)	LSLS (03)	LSLS (04)	LDMT (03)	LDMT (04)	LSFN (03)	LSFS (03)	LSFS (04)
QUE (P03)	0,00255	0,00553	0,02022	0,01759	0,02468	0,01481	0,03127	0,03557	0,03297	0,03096	0,01938	0,02868	0,07377	0,07291	0,06218
QUE (P04)	0,02395	0,01884	0,04068	0,04218	0,04410	0,03431	0,05559	0,06317	0,05774	0,05277	0,03488	0,04936	0,10653	0,11067	0,09247
QUE (A03)	0,00344	0,00531	0,02369	0,01772	0,02627	0,01999	0,03067	0,03543	0,03956	0,03984	0,01816	0,02765	0,08243	0,08074	0,06868
QUE (A04)	0,01196	0,01595	0,03632	0,00974	0,03540	0,02238	0,03766	0,04437	0,05014	0,04672	0,02598	0,02362	0,09156	0,09517	0,08170
GTL (03)	0,00444	0,00469	0,02219	0,01212	0,01687	0,01612	0,02922	0,03392	0,03248	0,03952	0,01782	0,02225	0,08218	0,08322	0,06924
GTL (04)	0,00798	0,00383	0,01607	0,00876	0,01387	0,00699	0,02136	0,02834	0,02553	0,02519	0,01622	0,01276	0,07193	0,07600	0,06177
EUG (04)	0,00681	0,00697	0,02642	0,00778	0,01844	0,00950	0,02312	0,02575	0,02717	0,03465	0,01428	0,02154	0,07783	0,06648	0,05897
LSPNE (03)	0,00643	0,00516	0,02636	0,02206	0,02591	0,01732	0,03384	0,03626	0,04020	0,04024	0,02454	0,02910	0,08364	0,08495	0,07032
LSPNE (04)	0,00444	0,00761	0,02299	0,02522	0,02963	0,01933	0,03558	0,04176	0,04251	0,04483	0,02237	0,03337	0,09248	0,09223	0,07726
LSPSE (03)	0,00109	0,00378	0,02683	0,01816	0,02691	0,01912	0,03632	0,04646	0,04162	0,04496	0,02807	0,03120	0,09669	0,09464	0,08130
LSPSE (04)	0,00063	0,00445	0,01750	0,01104	0,01757	0,01018	0,02215	0,02842	0,02901	0,03371	0,01668	0,01939	0,07739	0,07767	0,06487
LSPNO (03)	0,00250	0,00250	0,01657	0,01329	0,01917	0,01162	0,02304	0,02909	0,02890	0,03179	0,01885	0,02198	0,07002	0,07357	0,05834
LSPNO (04)	-0,00117	0,00541	0,02147	0,01482	0,02002	0,01163	0,02542	0,03382	0,03065	0,03551	0,01840	0,02191	0,08439	0,08423	0,07345
LSPSO (03)	0,00365	0,00613	0,02453	0,01698	0,02719	0,01901	0,02973	0,03479	0,03695	0,04340	0,02505	0,02769	0,08141	0,07979	0,07048
LSPSO (04)	-	0,00847	0,02014	0,01569	0,02204	0,01175	0,02641	0,03383	0,03181	0,03472	0,02011	0,02834	0,07897	0,07891	0,06666
IMOJ (03)	**	-	0,02060	0,01534	0,02416	0,01487	0,02412	0,02979	0,03542	0,03417	0,01865	0,01269	0,08116	0,08139	0,07111
CTRN (03)	***	***	-	0,00887	0,00425	0,00717	0,00148	0,01250	0,00543	0,00977	0,01252	0,00751	0,03238	0,03971	0,02588
CTRN (04)	***	***	**	-	0,00571	0,00210	0,00481	0,01039	0,01151	0,01286	0,00867	0,00419	0,04662	0,04459	0,03725
CTRS (03)	***	***	NS	*	-	0,00563	0,00248	0,01065	0,00253	0,01597	0,01481	0,00929	0,03959	0,04063	0,02961
CTRS (04)	***	***	**	NS	*	-	0,00665	0,00844	0,01152	0,01214	0,00554	0,01068	0,05456	0,04867	0,03942
BOU (03)	***	***	NS	NS	NS	*	-	0,00000	-0,00046	0,00615	0,00876	0,00404	0,02509	0,02306	0,01793
LSLN (03)	***	***	***	***	**	**	NS	***	-	0,01147	0,01974	0,01804	0,02592	0,02379	0,02007
LSLS (03)	***	***	*	***	***	***	*	***	***	-	0,01898	0,01679	0,03101	0,03254	0,02749
LSLS (04)	***	***	**	***	***	***	*	***	***	-	0,01898	0,01679	0,03101	0,03254	0,02749
LDMT (03)	***	***	***	***	***	*	**	*	***	***	-	0,01216	0,05175	0,04720	0,03814
LDMT (04)	***	***	*	NS	**	**	NS	**	***	***	**	-	0,04837	0,05280	0,04353
LSFN (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	-	0,01137	0,00506
LSFS (03)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	-	0,00279
LSFS (04)	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	*	NS	-

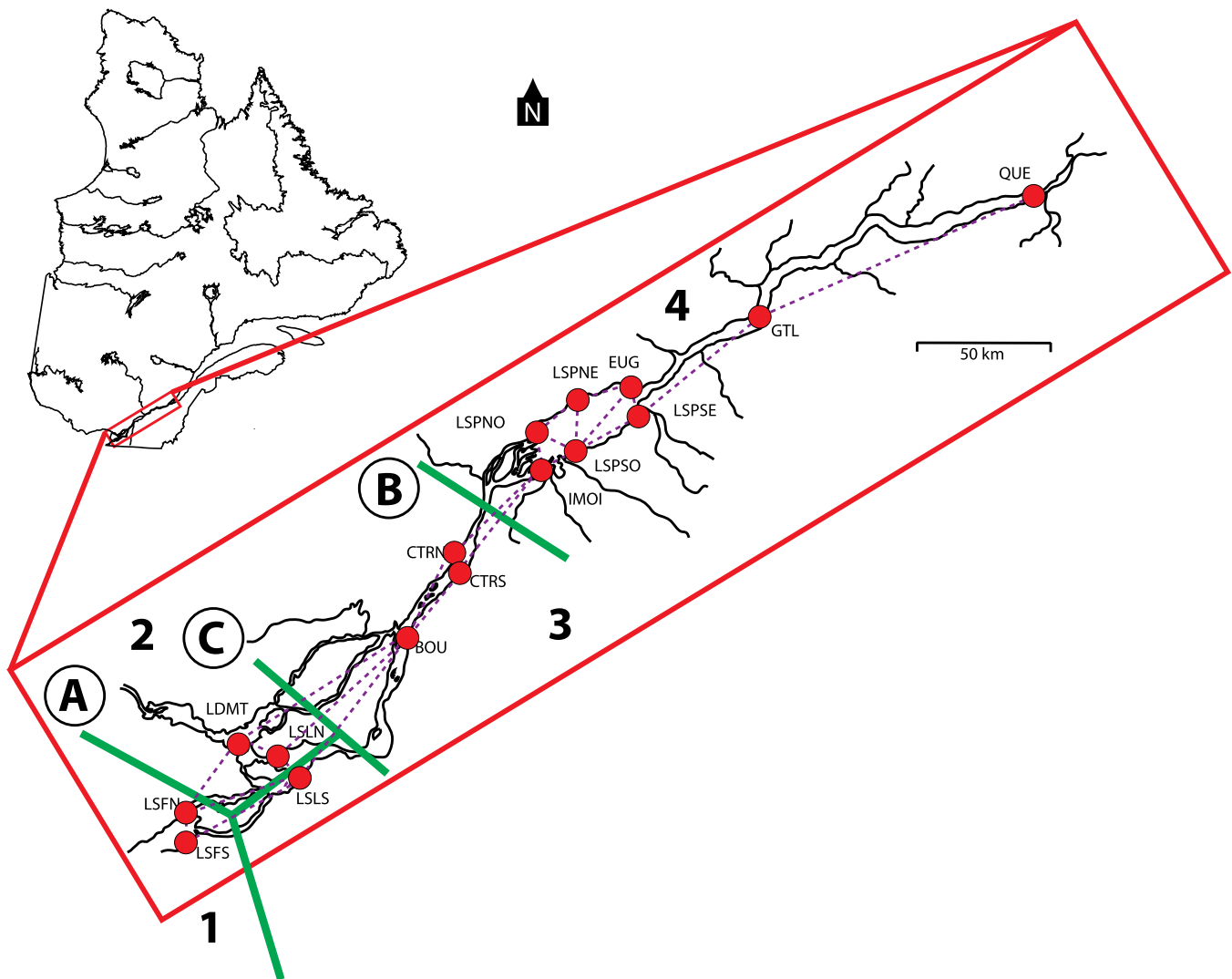


Figure 5. Discontinuités génétiques (i.e. barrières au flux génique) détectées entre les différents groupes de perchaudes échantillonnés du fleuve Saint-Laurent telles qu'identifiées par l'analyse au moyen de BARRIER 2.2 (Manni *et al.* 2004). Les échantillons sont localisés sur la carte par la triangulation Delaunay, où les lignes entre les sites représentent l'ampleur de la différenciation génétique (ici θ , un estimateur non-biaisé du FST; Weir et Cockerham 1984). Les barrières supportées par au moins la moitié des loci microsatellites employés (> 4 loci) et conservés sont indiquées en ordre d'importance par les lettres A, B et C. Ces barrières séparent le système en quatre groupes génétiquement distincts: 1) une population au lac Saint-François, 2) une deuxième population associée au secteur nord du lac Saint-Louis et au lac Des Deux Montagnes, 3) une population du secteur sud du lac Saint-Louis jusqu'à Boucherville et Contrecœur en aval, et finalement 4) une population du lac Saint-Pierre jusqu'à Québec.

RST observées des comparaisons deux à deux des sites se sont avérées significatives seulement pour les paires de populations comparées impliquant les échantillons du lac Saint-François nord ou sud (RST de 0,073 à 0,212, $0,0004 < P < 0,012$). Cela indique que l'on doit tenir compte d'un effet d'isolement historique dans la différenciation des groupes de perchaudes du lac Saint-François par rapport à tous les autres groupes retrouvés en aval dans le fleuve. La dérive génétique est considérée comme la principale cause de divergence des groupements de perchaudes des sites en aval du lac Saint-François, puisque les valeurs RST n'étaient pas significatives dans les comparaisons deux à deux des sites (toutes les valeurs de P sont $> 0,05$).

Les analyses effectuées au moyen du logiciel BARRIER ont révélé trois discontinuités géographiques dans la variation génétique de la perchaude du fleuve Saint-Laurent (Figure 5). La première barrière sépare le lac Saint-François de tous les autres échantillons. Elle est complètement supportée par 6 loci et partiellement, par les 2 autres loci sur différentes sections en 2003, ainsi que respectivement, par 5 et 7 loci en 2004. La seconde barrière identifiée par les analyses avec les données génétiques de 2003 sépare Contrecœur des autres localités en aval avec des supports complet et partiel, de 5 et de 7 loci. Elle correspond à la troisième discontinuité génétique relevée en 2004 (support de 4 à 6 loci). La troisième barrière identifiée pour l'année d'échantillonnage 2003

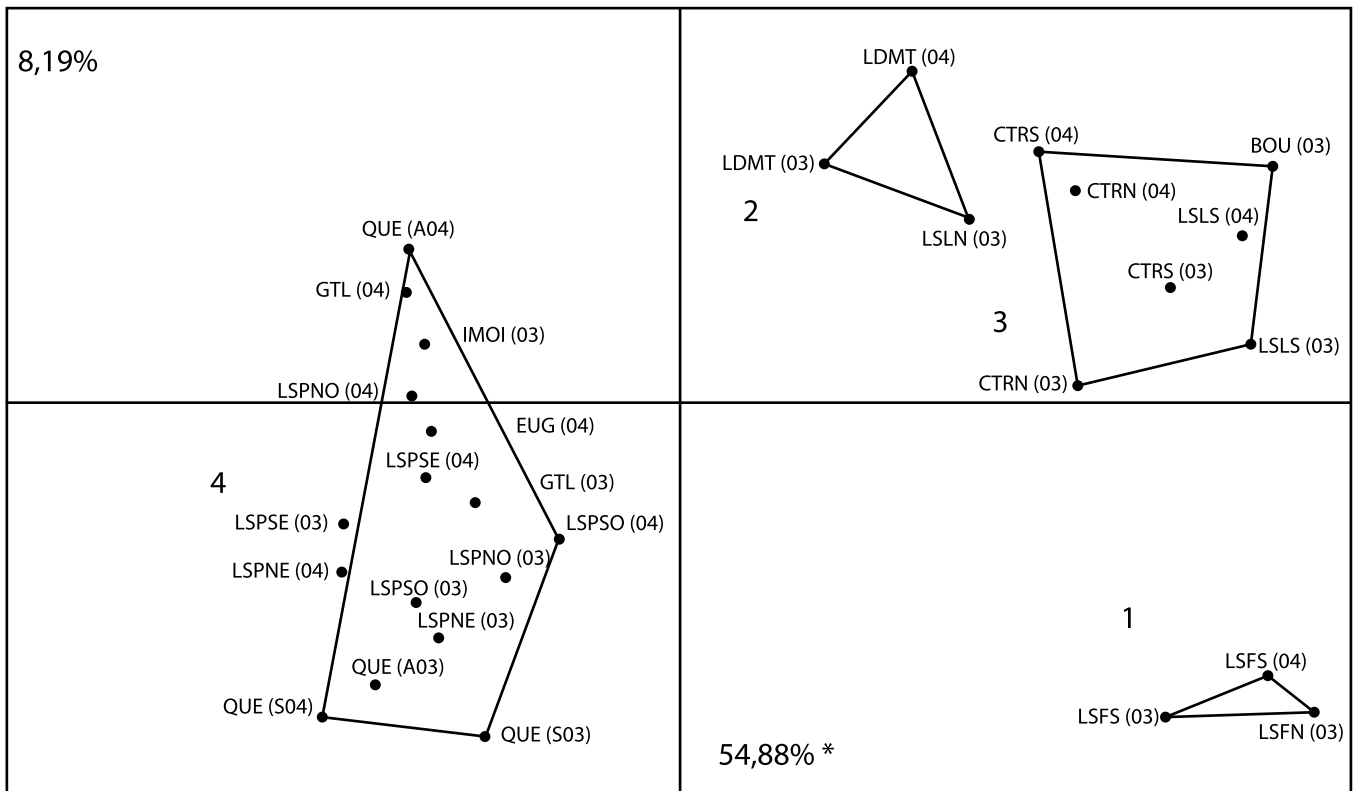


Figure 6. Analyse en composantes principales sur les fréquences alléliques des différents sites d'échantillonnage effectuée au moyen du logiciel PCA-GEN 1.2.1 (Goudet 1999). La significativité de chacune des composantes principales a été vérifiée avec 10 000 permutations des génotypes. La première composante expliquait 54,88 % de la variance des fréquences alléliques ($P < 0,001$), tandis que la proportion de variance expliquée par la deuxième composante n'était pas significative (8,19 %, $P = 0,889$). Les échantillons faisant partie de chacun des quatre groupes distincts identifiés précédemment par BARRIER 2.2 ont été reliés afin de mettre en évidence l'existence des quatre mêmes regroupements dans cette analyse

isole le lac des Deux Montagnes (LDMT) et la partie nord du lac Saint-Louis (LSLN), de la partie sud du lac Saint-Louis et des autres échantillons en aval (5 loci). Cette dernière a aussi été observée à partir des données de 2004, mais avec une barrière supplémentaire isolant la partie sud du lac Saint-Louis des autres échantillons en aval. En éliminant les échantillons non-répétés en 2003 et en reprenant l'analyse, nous constatons que les barrières obtenues étaient identiques pour les deux années lorsque les conditions d'échantillonnage sont les mêmes, et que la barrière supplémentaire créée avec les échantillons de 2004 est simplement due à l'absence, cette année-là, de l'échantillon de Boucherville, à l'aval immédiat du lac Saint-Louis. Ainsi, seule la barrière isolant le lac des Deux Montagnes et le secteur nord du lac Saint-Louis, du secteur sud du même lac a été retenue. Puisque les autres discontinuités génétiques identifiées par le logiciel BARRIER étaient supportées par moins de la moitié des loci (< 4), nous ne les avons pas considérées. Ces trois discontinuités géographiques dans la variation génétique, illustrées à la figure 5, ont donc permis d'identifier quatre groupes génétiquement distincts dans le système : 1) une population au lac Saint-François, 2) une deuxième population associée au secteur nord du lac Saint-Louis et au

lac Des Deux Montagnes, 3) une autre correspondant au tronçon fluvial du secteur sud du lac Saint-Louis jusqu'à Boucherville et Contrecœur, en aval, et finalement 4) une population s'étendant depuis le lac Saint-Pierre jusqu'à Québec.

L'analyse en composantes principales réalisées sur les fréquences alléliques a mis en évidence l'existence des quatre mêmes regroupements formés lors des analyses avec le logiciel BARRIER 2.2 et d'expliquer la variance des fréquences alléliques entre les quatre groupes sur une première dimension, exprimant 54,88 % de la variance ($P < 0,001$), puis une deuxième dimension, dont la variance expliquée n'était pas significative (8,19 %, $P = 0,889$) (Figure 6).

L'analyse hiérarchique de variance moléculaire (AMOVA) a permis de vérifier l'absence de variation temporelle significative dans les fréquences alléliques à l'intérieur du système étudié entre les années 2003 et 2004 ($P = 0,5445$) (Tableau 4). Nous avons également validé la pertinence de considérer les populations génétiquement distinctes identifiées par les analyses (quatre populations), plutôt que les groupements formés selon le plan d'eau (lacs et tronçons fluviaux : six groupes), conformément aux unités

Tableau 4. Analyse de variance moléculaire (AMOVA) effectuée au moyen du logiciel ARLEQUIN 2.0 (Schneider *et al.* 2000) en regroupant les échantillons 1) par année d'échantillonnage (2003 et 2004) afin de vérifier la stabilité temporelle; 2) en quatre groupes génétiquement distincts tels que définis par les analyses génétiques avec années confondues et 3) en six groupes selon le plan d'eau (lacs et tronçons fluviaux) dans lequel chaque échantillon a été recueilli. Les astérisques indiquent la significativité du pourcentage de la variance expliquée par chaque composante de la variance.

Groupes comparés	Nombre de groupes	Composantes de la variance	Pourcentage (%) de la variation	Valeur de P
1. Échantillons temporels (2003 vs. 2004)	2	Entre les groupes	0,08	0,5445
		Entre les sites	2,37	< 0,001*
		À l'intérieur des sites	97,70	< 0,001*
2. Populations génétiquement distinctes	4	Entre les groupes	3,03	< 0,001*
		Entre les sites	0,40	< 0,001*
		À l'intérieur des sites	96,57	< 0,001*
3. Groupes d'échantillons selon les différents plans d'eau (Lacs et tronçons fluviaux)	6	Entre les groupes	2,41	< 0,001*
		Entre les sites	0,39	< 0,001*
		À l'intérieur des sites	97,21	< 0,001*

* différence hautement significative

actuelles de gestion de l'espèce, en constatant que le regroupement déterminé par les analyses explique une plus grande proportion (20%) de la variance génétique inter-groupes du système (3,03 % par rapport à 2,41%, $P = 0,001$ dans les deux cas; tableau 4).

Il n'a pas été possible d'effectuer d'autres analyses en ce qui concerne la dispersion des perchaudes selon le sexe et l'âge, compte tenu de la faible capacité d'assignation des individus aux différents groupes génétiquement distincts, peu importe la classe, et de l'absence de différence dans le succès d'assignation selon le sexe et la taille (succès d'assignation entre 45,5% et 50,9 % pour les différentes classes).

3.3 Différenciation morphologique entre les populations et concordance avec la différenciation génétique

Des variables morphologiques informatives ont été sélectionnées dans une analyse discriminante pas-à-pas pour les femelles (5 variables) et les mâles (7 variables) à un seuil de $\alpha = 0,05$, mais le succès de reclassification des individus au groupe d'origine selon ces variables morphologiques s'est avéré très faible dans les deux cas (69,01 % pour les femelles et 63,79 % pour les mâles), lorsque l'on considérait le regroupement en quatre populations distinctes, tel que définies par les analyses. À ces succès de reclassification, correspondaient aussi des estimés d'erreurs a posteriori très élevés (30,99% pour les femelles et 36,21% pour les mâles; figure 7). Ces résultats témoignent du peu de robustesse des différences

morphologiques observées entre les groupes, autant chez les mâles que les femelles.

Le succès de reclassification s'est révélé encore plus bas en regroupant les perchaudes par plan d'eau (lacs et tronçons fluviaux, six groupes) : 56 % dans le cas des femelles et 61,5 % pour les mâles. L'analyse de la variation morphologique au moyen du logiciel BARRIER 2.2 a toutefois permis de mettre en évidence une concordance entre les discontinuités génétiques et morphologiques chez les femelles, supportée par au moins la moitié des traits morphologiques informatifs. Aucune discontinuité dans le patron géographique de variation morphologique n'a été décelée avec suffisamment de robustesse chez les mâles : aucune n'était supportée par la moitié ou plus des variables morphologiques. Même corrigées pour éviter les biais causés par les différences de taille, les moyennes des résidus des mesures morphométriques n'ont pas permis d'identifier des différences morphologiques potentiellement liées à l'habitat entre les quatre populations distinctes pour les femelles. Les morphotypes observés ne correspondaient pas à la dichotomie trophique pélagique-benthique habituelle chez les poissons, ou encore décelée antérieurement dans une étude morphologique chez la perche d'Europe *Perca fluviatilis* L. (Svanbäck et Eklov 2002, 2003). Dans cette étude, des différences dans la morphologie avaient été observées entre les individus des zones pélagiques et littorales, les premiers possédant des nageoires dorsales plus longues et une hauteur du corps plus prononcée favorisant la nutrition dans un habitat complexe,

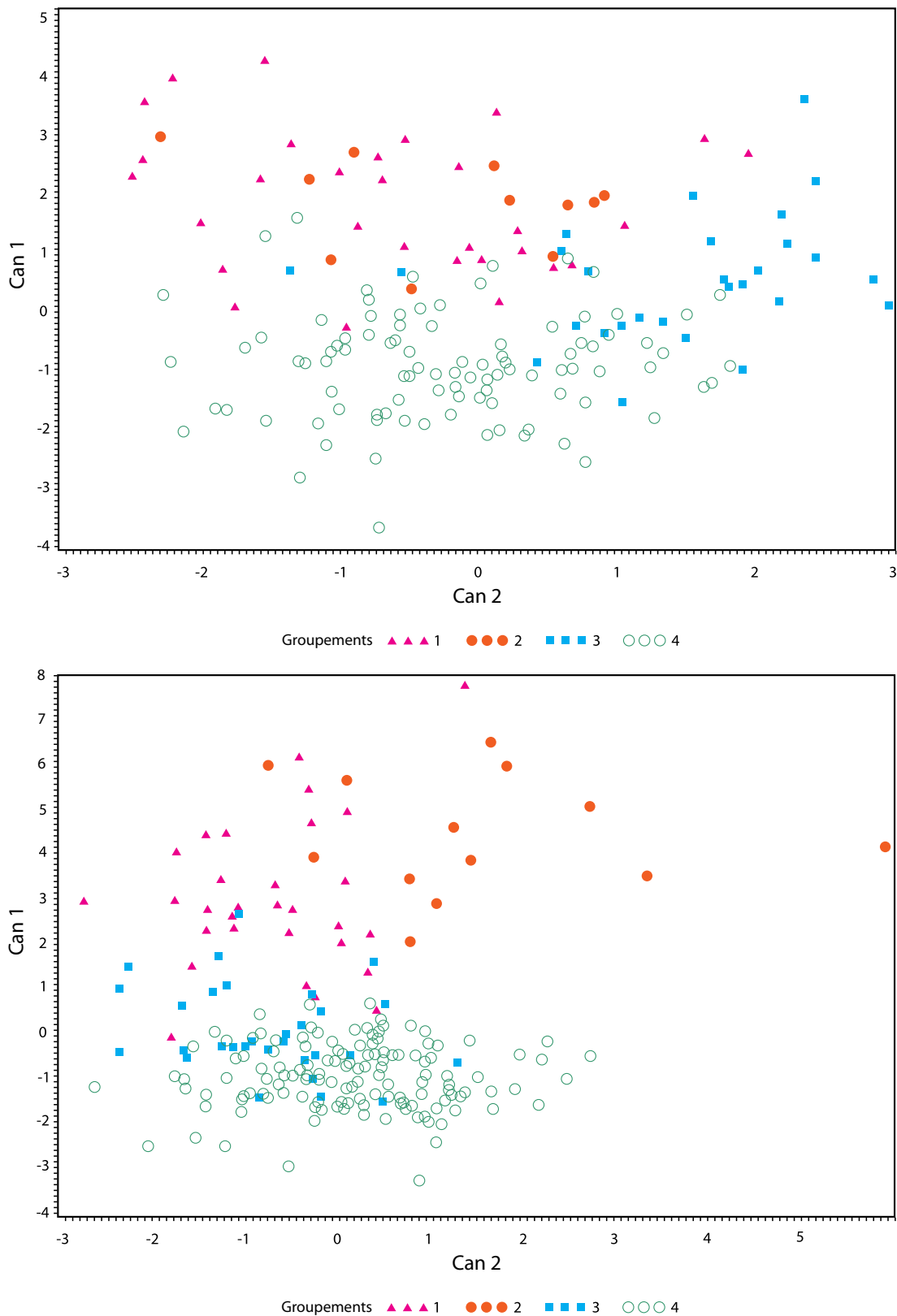


Figure 7. Analyse canonique réalisée sur les individus mâles (a) et femelles (b) classés selon les quatre groupes génétiquement distincts en fonction des résidus des mesures morphométriques indépendants de la taille des individus mesurés pour les variables informatives sélectionnées plus tôt dans l'analyse discriminante pas-à-pas ($\alpha = 0,05$). Les quatre groupes a priori pour la discrimination sont 1) la population au lac Saint-François, 2) la population associée au secteur nord du lac Saint-Louis et au lac des Deux Montagnes, 3) la population correspondant au secteur sud du lac Saint-Louis jusqu'au tronçon fluvial en aval (Boucherville et Contrecœur), et 4) la population du lac Saint-Pierre jusqu'à Québec. Le succès de reclassification des individus au groupe d'origine selon les variables morphologiques informatives s'est avéré très faible dans les deux cas, soit en a) 69,01 % pour les femelles et en b) 63,79 % pour les mâles

comparativement aux seconds qui démontraient des corps plus fusiformes facilitant la nutrition et le déplacement en eau libre (Svanbäck et Eklov, 2002, 2003).

4. Conclusions

La présente analyse avait comme principal objectif de documenter la structure des populations de perchaudes du fleuve Saint-Laurent, entre le lac Saint-François et la ville de Québec, afin de procurer un fondement solide à une réflexion sur les limites géographiques des unités actuelles de gestion de l'espèce et d'en discuter les implications pour la gestion.

Nous avons employé deux approches, soit l'étude de la variation génétique observée au niveau de marqueurs génétiques de type microsatellite et l'analyse de la variation morphologique observée dans le système, au niveau de plusieurs traits morphométriques des perchaudes. Nous avons également comparé les patrons géographiques de variation génétique et morphologique dans le but de vérifier s'il y avait concordance entre les deux.

Nos principaux résultats sont la mise en évidence d'un niveau modéré de structuration génétique dans le système ($F_{ST} = 0,089$) ainsi que de l'existence de trois discontinuités génétiques (i.e. barrières au flux génique) formant quatre regroupements distincts de perchaudes temporellement stables dans le fleuve Saint-Laurent, soit ceux 1) du lac Saint-François, 2) du secteur nord du lac Saint-Louis et du lac des Deux Montagnes, 3) du secteur sud du lac Saint-Louis jusqu'à Contrecoeur et 4) du lac Saint-Pierre jusqu'à Québec. De plus, l'analyse de la variation morphologique a permis de mettre en évidence l'absence de différences marquées entre les différents groupes, et ce, autant pour les mâles que pour les femelles, tels que le démontrent les faibles succès de reclassification des individus à leur groupe d'origine selon les variables morphologiques informatives choisies (69,01 % pour les femelles et 63,79 % pour les mâles).

5. Discussion

5.1 Facteurs impliqués dans la structuration des populations de perchaudes

Plusieurs facteurs semblent influencer la structure de populations de la perchaude dans le Saint-Laurent. La dérive génétique (effet contemporain du hasard sur la composition en fréquences d'allèles) entre les populations du fleuve, ainsi que la mutation (effet d'un isolement historique) dans le cas du lac Saint-François constituent des facteurs importants ayant contribué à la différenciation génétique des populations. L'effet historique dans la différenciation génétique du lac Saint-François peut être expliqué par l'existence de chutes et d'importantes dénivellations entre ce lac et l'aval du fleuve, ce qui a pu engendrer une isolation physique, et par le fait même, un flux génique moins important entre les populations du lac Saint-François et celles d'aval, favorisant l'accumulation de mutations différentes chez les populations de part et d'autre.

La dispersion et le flux génique qui en résulte semblent aussi constituer des facteurs importants influençant les populations, en favorisant la connectivité entre celles-ci. D'abord, les différences entre les aires géographiques occupées par les populations distinctes dans le fleuve correspondent fort probablement à des différences dans le comportement de dispersion des individus. Par exemple, la population répartie entre le lac Saint-Pierre et Québec compte forcément des individus se déplaçant sur de plus grandes distances, puisque d'autres populations distinctes en amont occupent un territoire plus restreint, telle que celle du secteur nord du lac Saint-Louis, presque indépendante de celle de la rive sud.

Il y a une remarquable concordance entre nos résultats et la littérature scientifique connue, publiée ou non, relativement à l'existence de ces quatre groupements de perchaude et à leurs caractéristiques. En premier lieu, l'isolement entre le lac Saint-François et l'aval, physiquement délimité par l'important dénivelé et la présence de plusieurs écluses, est certainement responsable de fait que seulement une perchaude, sur les 2008 recaptures rapportées pour les 20 530 perchaudes étiquetées en 1988 et 1989 au lac Saint-Louis par Dumont (1996), a été prise au lac Saint-François.

En ce qui concerne le lac Saint-Louis, Fortin (1970) ainsi que Fortin et Magnin (1972) avaient déjà conclu à la sédentarité des perchaudes de ce groupement. Les recaptures de 284 perchaudes des 9396 individus marqués à la Grande Anse de l'Île Perrot sur la rive nord, en 1968 et 1969, ont été effectuées à une distance moyenne d'environ 10 km seulement. Très peu d'entre elles avaient traversé la voie maritime en direction sud ou encore s'étaient déplacées au lac des Deux Montagnes ou en aval du lac Saint-Louis. La répétition d'une étude

semblable par Dumont (1996), mais comportant un étiquetage plus extensif (20 530 perchaudes étiquetées sur les deux rives du lac Saint-Louis cette fois), et incluant aussi une comparaison des paramètres de dynamique de population des poissons de chaque rive, a permis de valider le maintien de la sédentarité des perchaudes de ce plan d'eau. La très grande majorité des étiquettes rapportées provenait du lac Saint-Louis et le déplacement moyen des recaptures était aussi de l'ordre de 10 km. Les échanges entre les deux rives étaient également limités. Au cours des trois années de l'étude, seulement 4% des perchaudes recapturées ont passé d'une rive à l'autre. Seulement 22 perchaudes (1,8%) sur les 1218 étiquetées sur la rive nord ont traversé la voie maritime, tandis que 94 (11,9%) individus sur les 790 étiquetés en rive sud, se sont rendus sur la rive opposée.

Globalement, parmi les 140 perchaudes recapturées à l'extérieur du lac Saint-Louis et dont la provenance est connue, 125 l'ont été au lac des Deux Montagnes. Ces constats sont cohérents avec les résultats de Pageau (1964), qui a capturé de très nombreuses perchaudes au carrelet, à Sainte-Anne-de-Bellevue, dans les rapides séparant la rive nord du lac Saint-Louis et le lac des Deux Montagnes, lors de leur migration de fraie, au cours des deux dernières semaines d'avril. Une apparente contradiction a cependant été notée entre nos résultats et ceux de Dumont (1996). La moitié (65) des 125 perchaudes recapturées au lac des Deux Montagnes provenaient de la rive sud du lac Saint-Louis. Cette observation semble difficilement compatible avec la similitude génétique constatée entre les perchaudes de la rive nord du lac Saint-Louis et celles du lac des Deux Montagnes ainsi qu'avec la différenciation génétique observée entre les perchaudes des rives nord et sud du lac Saint-Louis. Une première hypothèse pouvant permettre de l'expliquer concerne la nature des déplacements des perchaudes : une proportion significative des perchaudes de la rive sud recapturées au lac des Deux Montagnes peuvent n'y avoir effectué que des déplacements saisonniers indépendants de leur site de fraie ultérieure. Les déplacements entre la rive sud et la rive nord étaient peut-être aussi plus importants au cours des années 1980 que des années 1960 et les conséquentes éventuelles modifications au bagage génétique historique des perchaudes de la rive nord et du lac des Deux Montagnes n'ont peut-être pas encore eu le temps de se manifester chez la majorité des perchaudes de ces plans d'eau. Une analyse plus détaillée des caractéristiques génétiques des perchaudes des trois secteurs pourrait aussi permettre d'émettre d'autres hypothèses pour expliquer ces différences.

En ce qui a trait aux déplacements observés vers l'aval, les deux perchaudes les plus éloignées ont été notées dans l'archipel du lac Saint-Pierre, 105 km plus bas. Cette observation permet donc de penser que les échanges

avec le lac Saint-Pierre sont très limités et d'un ordre de grandeur semblable à celui précédemment mentionné pour le lac Saint-François.

La relative sédentarité des perchaudes des secteurs ouest des eaux douces du fleuve Saint-Laurent est aussi caractéristique de la majorité des perchaudes du lac Saint-Pierre. Cependant, une partie d'entre elles affichent un comportement de dispersion migratoire très manifeste impliquant des déplacements saisonniers de grande amplitude entre le lac lui-même et l'aval. En 1978 et 1979, environ 10 000 perchaudes ont été étiquetées par le Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, en collaboration avec l'Université du Québec à Montréal, à deux frayères de la rive sud du lac Saint-Pierre, la baie Saint-François à l'ouest et Baie-du-Febvre, au centre. Une proportion importante des étiquettes a été récupérée, soit 1547 (15,6%), grâce à la collaboration des pêcheurs commerciaux (1435 étiquettes ; 93%) et des pêcheurs sportifs (112 étiquettes; 7%). Leclerc (1985) a noté que le déplacement moyen des perchaudes recapturées ailleurs que sur le site de marquage était, là aussi, de 10 km. Il a constaté qu'environ 9% d'entre elles avaient traversé la voie maritime vers le nord, ce qui est tout à fait comparable aux résultats de Dumont (*op. cit.*). Une autre étude impliquant l'étiquetage de plus de 20 000 perchaudes sur les deux rives du lac Saint-Pierre a été réalisée en 2000 (G.V.L. Environnement Inc. 2001). Plus de 95% des 831 étiquettes rapportées au cours de la même année provenaient du lac lui-même et aucune de ces perchaudes n'avait traversé la voie maritime au cours des huit mois de l'expérimentation.

Les constats de Leclerc (*op. cit.*) lui ont permis de proposer qu'à des fins de gestion, les perchaudes des deux rives pouvaient être considérées comme une seule entité. Cet auteur a surtout analysé les déplacements des perchaudes en fonction du lac et de ses environs immédiats. Il a constaté que les perchaudes de Baie-du-Febvre avaient effectué de plus grands déplacements que celles de la baie Saint-François. Une révision récente des mentions détaillées des étiquettes récupérées entre 1978 et 1980 a permis de constater de nombreuses recaptures vers l'aval, à Bécancour, Gentilly (45 km), Les Becquets (60 km) et même au quai de Portneuf (100 km), au printemps, en été ou en automne (les 55 perchaudes marquées à Baie-du-Febvre en 1978, qui avaient parcouru vers l'aval une distance moyenne de 29 km, représentaient 7% des perchaudes recapturées ailleurs qu'au site de marquage).

Ces déplacements de plus grande amplitude, observés chez une proportion significative de perchaudes recapturées ailleurs que sur le site de marquage, sont tout à fait conformes aux conclusions de de Lafontaine *et al.* (2002), lesquels ont décrit un comportement migratoire saisonnier de grande amplitude (176 km), indépendant de la fraie, entre le lac Saint-Pierre et l'Île d'Orléans,

impliquant un aller vers l'aval au printemps et un retour vers l'amont en automne. Ces constats proviennent de l'analyse des recaptures de 189 perchaudes parmi les 1063 ayant été étiquetées à Saint-Nicolas, sur la rive sud du fleuve Saint-Laurent, en face de Québec, en 1999 et en 2000. Lors de cette étude, la perchaude occupait le quatrième rang en importance au niveau des espèces de poissons étiquetés et le second rang en terme de nombre de recaptures. Ces auteurs considèrent que le site de marquage ne représente qu'un site de passage pour les poissons. Ils y ont détecté l'arrivée printanière (mai et juin) des perchaudes et leur retour vers l'amont, de la mi-septembre à la fin octobre. En hiver, les habitats de cette portion du fleuve pourraient être très inhospitaliers pour la perchaude en raison des marées de grande amplitude, des forts courants et de l'accumulation de la glace dans les zones peu profondes. Plusieurs dizaines de perchaudes ont été recapturées entre Les Becquets et le lac Saint-Pierre, aucune n'ayant été notée en amont de ce dernier.

Ces déplacements vers l'aval du lac Saint-Pierre au printemps, de même que l'arrivée de perchaudes à Saint-Nicolas et Québec en mai et juin, sont bien connus des pêcheurs commerciaux de diverses localités le long de la rive sud du fleuve Saint-Laurent. Parmi les étiquettes retournées en aval du lac Saint-Pierre, lors de l'étude de G.V.L. Environnement Inc. (*op.cit.*) impliquant des perchaudes étiquetées au lac Saint-Pierre en avril et en mai, au moins une dizaine ont été reprises entre Bécancour et Gentilly, quelques semaines plus tard.

Le passage automnal de perchaudes provenant de l'aval, entre Les Becquets et le lac Saint-Pierre, est aussi connu depuis longtemps des pêcheurs commerciaux et sportifs de la région. Certains pêcheurs sportifs spécialistes suivent même les déplacements de ces perchaudes, en les pêchant successivement à différentes localités vers l'amont, en septembre et octobre, et ont associé des étiquettes de perchaudes marquées à ces diverses localités, quelques semaines après leur étiquetage à Saint-Nicolas. En 2003, lors de la réalisation d'une étude de grande envergure sur la pêche sportive au lac Saint-Pierre par le Ministère des Ressources naturelles et de la Faune (Daigle *et al.*, 2005), un pêcheur sportif contractuel a noté au quai du port Saint-François des captures journalières de perchaudes de 5 à 30 fois supérieures à celles de l'été, à une quinzaine de reprises, entre la mi-septembre et la mi-octobre.

Toutes ces observations quant à la sédentarité de la majorité des perchaudes du lac Saint-Pierre et au comportement migratoire d'une proportion non-négligeable d'entre elles, confirment aussi la validité de nos résultats en regard de l'homogénéité génétique des perchaudes échantillonnées dans les quatre quadrants du lac Saint-Pierre, à l'Île du Moine, à Gentilly et à Saint-Nicolas.

Globalement, il est possible que les courants unidirectionnels de la partie fluviale du Saint-Laurent favorisent une certaine dispersion larvaire et expliquent les liens entre les populations des différents secteurs du fleuve, tel que le propose Lavolette (2004). Une hypothèse de dispersion larvaire facilitée par des courants circulaires a récemment été soulevée pour expliquer l'isolement de la population de perchaude de la Green Bay, du reste du lac Michigan, cette baie étant indépendante des courants circulaires du lac (Miller, 2003).

L'intégration des résultats de toutes les études (génétiques, morphologiques, capture-recapture et dynamique de population) a permis de mieux comprendre les mécanismes de structuration génétique et de confirmer plusieurs résultats indépendants. L'ensemble des populations de perchaudes étudiées présente une structuration beaucoup plus caractéristique des systèmes anadromes (dans lesquels les échanges génétiques entre différentes populations ne sont pas limitées par des barrières physiques fermes) que d'eau douce typiques (Ward *et al.*, 1994). À titre d'exemple, la moyenne de l'ampleur de différenciation génétique FST de 0,089 de la présente étude est beaucoup plus près de celle relevée pour plusieurs systèmes de populations anadromes (FST = 0,062) que de celle des systèmes en eau douce (FST = 0,222) (Ward *et al.*, *op. cit.*). Cette constatation peut être expliquée par les caractéristiques du fleuve Saint-Laurent, qui présente à la fois des secteurs lacustres d'herbiers isolés, tels que les lacs Saint-François, Saint-Louis, des Deux Montagnes et Saint-Pierre, ainsi que des tronçons fluviaux aux courants unidirectionnels connectant les lacs entre-eux (Vincent et Dodson 1999; Lavolette 2004).

5.2 Implications pour la gestion

Cette étude a démontré non seulement l'existence de quatre populations de perchaude génétiquement distinctes le long du fleuve, mais aussi que ces populations occupent des échelles spatiales variées. En effet, il est possible de remarquer simultanément à l'intérieur du même système, des populations occupant une très vaste distribution spatiale (échelle de 100 km), comme celles s'étendant du lac Saint-Pierre jusqu'à Québec ou du secteur sud du lac Saint-Louis à Contrecoeur, ainsi que d'autres, à échelle beaucoup plus restreinte (échelle de 10 km), comme celles du lac Saint-François ou des lacs des Deux Montagnes et Saint-Louis nord.

Ces résultats non intuitifs démontrent l'utilité de compléter les études « écologiques » par l'analyse génétique des populations de perchaude dans le fleuve, et qu'une population ne correspond pas nécessairement à un lac ou à un tronçon fluvial. Compte tenu que la définition des stocks de perchaudes par plan d'eau ne correspond pas à la structure génétique des populations réellement observée dans le système, les résultats

de notre étude constituent désormais une base solide pour permettre une réflexion sur les unités actuelles de gestion.

Les sujets prioritaires pour des études ultérieures devraient cibler les mouvements de dispersion des individus en mettant l'accent sur la comparaison des mouvements des mâles et des femelles afin de mieux comprendre les mécanismes de flux génique selon le sexe ou encore sur les larves et les très jeunes perchaudes, afin de vérifier si la dérive larvaire contribue à la dispersion. Nous soulevons également l'importance des patrons saisonniers d'utilisation de l'espace et les migrations des individus des différentes populations pour la détermination des habitats utilisés selon les saisons, en fonction des menaces possibles et à chacun de leur stade de vie (Webster *et al.*, 2002).

6. Bibliographie

- Behrmann-Godel, G., G. Gerlach et R. Eckmann (2004). Postglacial colonization shows evidence for sympatric population splitting of Eurasian perch (*Perca fluviatilis* L.) in Lake Constance. *Molecular Ecology* 13: 491-497.
- Belkhir, K., P. Borsa *et al.* (2000). Genetix 4.02, logiciel sous windows™ pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II, Montpellier.
- Billington, N. (1993). Genetic variation in Lake Erie yellow perch (*Perca flavescens*) demonstrated by mitochondrial DNA analysis. *Journal of fish biology* 43: 941-943.
- Bodaly, R. A., R. D. Ward et C. A. Mills (1989). A genetic study of perch, *Perca fluviatilis* L., in Windermere. *J. Fish. Biology* 34: 965-967.
- Borer, S. O., L. M. Miller *et al.* (1999). Microsatellites in walleye *Stizostedion vitreum*. *Molecular ecology* 8 (2): 336-338.
- Craig, J. F. (1987). *The biology of perch and related fishes*. Croom Helm, London and Sydney, Timber Press, Oregon.
- Daigle, G., E. Reny-Nolin, L.-P. Rivest, Y. Mailhot, M. Legault et B. Bélanger (2005). Rapport II: La pêche sportive au lac Saint-Pierre 2003. Pêche en eau libre : effort de pêche, succès et récolte des principales espèces de poissons. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction de la recherche sur la faune, Québec. 97 p.
- DeWoody, J. A. *et al.* (2000). Parentage and nest guarding in the tessellated darter (*Etheostoma olmstedii*) assayed by microsatellite markers (Perciformes: Percidae). *Copeia* 3: 740-747.
- Dumont, P. 1996. Comparaison de la dynamique des populations de perchaudes (*Perca flavescens*) soumises à des niveaux différents de stress anthropique. Thèse présentée à l'Université du Québec à Montréal comme exigence partielle du doctorat en sciences de l'environnement. Québec, Ministère de l'Environnement et de la Faune, Service de l'aménagement et de l'exploitation de la faune, Montréal, Rapp. Tech. 06-46, xxvi + 286 p.
- Dynes, J., P. Magnan *et al.* (1999). Genetic and morphological variation between two forms of lacustrine brook charr. *Journal of fish biology* 54: 955-972.
- Eldridge, W. H., M. D. Bacigalupi *et al.* (2002). Determination of relative survival of two stocked walleye populations and resident natural-origin fish by microsatellite DNA parentage assignment. *Canadian journal of fisheries and aquatic sciences* 59: 282-290.
- Fortin, R. (1970). Dynamique de la population de *Perca flavescens* (Mitchill) de la Grande Anse de l'Île Perrot, au lac Saint-Louis. Thèse de Doctorat, Université de Montréal. 172 p. + annexes.
- Fortin, R. (1972). Dynamique d'un groupement de perchaudes, *Perca flavescens* (Mitchill) dans la Grande Anse de l'Île Perrot, au lac Saint-Louis. *Naturaliste canadien* 99: 367-380.
- Gerlach, G., U. Schardt, R. Eckmann et A. Meyer (2001). Kin-structured subpopulations in Eurasian perch (*Perca fluviatilis* L.). *Heredity* 1986: 213-221.
- G.V.L. Environnement Inc. (2001). Étude des impacts des mesures de gestion de la pêche commerciale à la perchaude au lac Saint-Pierre, saison 2000. 43 p. + annexes.
- Goudet, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices, version 2.9.3. Institut d'Écologie, Université de Lausanne, Lausanne.
- Guo, S. W. et E. A. Thompson (1992). Performing the exact test for Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48: 361-372.
- Gyllenstein, U. (1985). The genetic structure of fish : differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous, and freshwater species. *Journal of Fish Biology* 26: 691-699.
- Hanski, I. et D. Simberloff (1997). The Metapopulation approach, its history, conceptual domain, and application to conservation. Dans: *Metapopulation Biology, Genetics and Evolution* (eds. Hanski I, Gilpin M. E.), pp. 5-26. Academic Press, San Diego, CA.
- Hardy, O. J., N. Charbonnel *et al.* (2003). Microsatellite allele sizes: A simple test to assess their significance on genetic differentiation. *Genetics* 163: 1467-1482.
- Hardy, O. J. et X. Vekemans (2002). SPAGEDI: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular ecology notes* 2: 618-620.
- Hedrick, P. W. (2005). A standardized genetic differentiation measure. *Evolution* 59 (8):1633-1638.
- Hendry, A. P., E. B. Taylor et J. D. McPhail (2002). Adaptive divergence and the balance between selection and gene flow: lake and stream stickleback in the Misty system. *Evolution* 56: 1199-1216.
- Hubbs, C. L. et K. F. Lagler (1958). *Fishes of the great lakes region*. Cranbrook institute of science, bulletin n° 26, 213 p.
- Lafontaine Y. de, F. Marchand, D. Labonté et M. Lagacé (2002). The hydrological regime and fish distribution and abundance in the St. Lawrence River: Are experimental trap data a valid indicator? Rapport à la Commission Mixte Internationale, Centre Saint-Laurent, Environnement Canada.
- Lavolette, N. 2004. Les lacs fluviaux du Saint-Laurent: hydrologie et modifications humaines. *Le naturaliste canadien* 128 (1) :98-104.
- Leary, R., et H. E. Booke (1982). Genetic analysis of yellow perch from Green Bay and Lake Michigan. *Trans. Am. Fish. Soc.* 111:52-57.
- Leberg, P. L. (2002). Estimating allelic richness: effects of sample size and bottlenecks. *Molecular Ecology* 11:2445-2449.
- Leclerc, D., T. Wirth, *et al.* (2000). Isolation and characterization of microsatellite loci in the yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae. *Molecular ecology* 9 (7): 995-997.
- Leclerc, P. (1985). Les perchaudes (*Perca flavescens*) du lac Saint-Pierre : biologie des populations et diagnose de l'intensité d'exploitation sportive et commerciale. Rapport de recherche, Maîtrise en Sciences de l'environnement, Université du Québec à Montréal. 95 p. + annexes.
- Magnan, P. (2002). Avis scientifique sur l'état du stock de perchaudes au lac Saint-Pierre, les indicateurs biologiques utilisés pour effectuer son suivi et la pertinence de protéger la période de fraye de façon partielle ou totale. Université du Québec à trois-Rivières, 52 p.

- Manni, F., E. Guérard et E. Heyer (2004). Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation : How barriers can be detected by using Monmonier's algorithm. *Human biology* 76(2):173-190.
- Michalakis, Y. et L. Excoffier (1996). Genetic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci. *Genetics* 142: 1061-1064.
- Miller, L. M. (2003). Microsatellite DNA loci reveal genetic structure of Yellow Perch in Lake Michigan. *Transactions of the American Fisheries Society* 132:503-513.
- Moritz C. (2002). Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. *Systematic biology* 51 (2): 238-254.
- Olver, C. H., B. J. Shuter *et al.* 1995. Toward a definition of conservation principles for fisheries management. *Canadian journal of fisheries and aquatic sciences* 52: 1584-1592.
- Paetkau D, W. Calvert, I. Stirling et C. Strobeck (1995). Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- Pageau, G. (1964). Pêche expérimentale et étiquetage de dorés (*Stizostedion vitreum*) et *S. canadense* à Sainte-Anne-de-Bellevue, du 23 au 29 avril 1963. Québec, Ministère du Tourisme, de la Chasse et de la Pêche, Service de la faune, Rap. No 3, p. 21-27.
- Piry, S., A. Alapetite, J.-M. Cornuet, D. Paetkau, L. Baudouin et A. Estoup (2004). GeneClass2: a software for genetic assignment and first generation migrants detection. *Journal of Heredity* 6: 91-96.
- Porter, B. A. *et al.* (2002). Egg mimicry and allopaternal care two mate-attracting tactics by which nesting striped darter (*Etheostoma virgatum*) males enhance reproductive success. *Behavioural and Ecological Sociobiology* 51: 350-359.
- Rannala, B. et J. L. Mountain (1997). Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94: 9197-9201.
- Raymond, M. et F. Rousset (1995). GENEPOP (3.3): population genetics software for exact tests and oecumenicism. *Journal of heredity* 86:248-249.
- Rice, W. R. (1989). Analysing tables of statistical tests. *Evolution* 43 (1) :223-225.
- Saint-Laurent, R. *et al.* (2003). Divergent selection maintains adaptive differentiation despite high gene flow between sympatric rainbow smelt ecotypes (*Osmerus mordax* Mitchill). *Molecular ecology* 12:315-330.
- Schneider, S., D. Roessli et L. Excoffier (2000). ARLEQUIN, version 2.0 : a software for population genetics data analysis. Genetics and biometry laboratory, University of Geneva, Geneva, Switzerland.
- Société de la Faune et des parcs du Québec (FAPAQ) (2002). Plan de développement régional associé aux ressources fauniques de la Montérégie. Direction de l'Aménagement de la faune de Montréal, de Laval et de la Montérégie, Longueuil, 127 p.
- Strittholt, D. L., S. T. Guttman et T. E. Wissing (1988). Low levels of genetic variability of yellow perch (*Perca flavescens*) in Lake Erie and selected impoundments. P. 246-257 dans J. E. Downhower (ed.), *The biogeography of the island region of western Lake Erie*. Ohio State University Press, Columbus, Ohio.
- Svanbäck, R. et P. Eklöv (2002). Effects of habitat and food resources on morphology and ontogenetic trajectories in perch. *Oecologia* 131: 61-70.
- Svanbäck, R. et P. Eklöv (2003). Morphology dependant foraging efficiency in perch : a trade-off for ecological specialization. *Oikos* 102: 273-284.
- Thorpe, J. (1977). Synopsis of biological data on the perch *Perca fluviatilis* Linnaeus, 1758 and *Perca flavescens* Mitchill, 1814. FAO (Food and agriculture organization of the United Nations) Fisheries Synopsis 113.
- Todd, T. N. et C. O. Hatcher (1993). Genetic variability and glacial origins of yellow perch (*Perca flavescens*) in North America. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 50: 1828-1834.
- Turgeon, J., A. Estoup *et al.* (1999). Species flock in the north american great lakes : molecular ecology of lake Nipigon ciscoes (teleostei : Coregonidae : Coregonus). *Evolution* 53 (6):1857-1871.
- Vincent, W. F. et J. J. Dodson (1999). The St. Lawrence River, Canada-USA: the need for an ecosystem-level understanding of large rivers. *Jpn. J. Limnol.* 60:29-50.
- Ward, R. D., M. Woodwark, et D. O. F. Skibinski (1994). A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology* 44: 213-232.
- Webster, M. S., P. P. Marra, S. M. Haig, S. Bensch et S. T. Holmes (2002). Links between worlds: unravelling migratory connectivity. *Trends in Ecology and Evolution* 17: 76-83.
- Weir, B. S. et C. C. Cockerham (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Wirth, T., R. Saint-Laurent, *et al.* (1999). Isolation and characterization of microsatellite loci in the walleye (*Stizostedion vitreum*), and cross species amplification within the family Percidae. *Molecular ecology* 8: 1957-1969.

