



UNIVERSITÉ
LAVAL

Caractérisation génétique de saumons atlantique capturés dans la rivière Romaine en 2016

Rapport d'activités 2016 présenté à la
Société saumon de la rivière Romaine (SSRR)



SOCIÉTÉ SAUMON
DE LA RIVIÈRE ROMAINE
Mission Régénération
Tshetshiaianishkat kanuenitamuakaniht anitshenat tshe taht

Guillaume Côté et Louis Bernatchez

IBIS (Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes)
Université Laval
Québec, QC
G1V 0A6

Auteur pour correspondance :
Dr Louis Bernatchez

20 octobre 2017
IBIS (Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes)
Québec, Canada, G1V 0A6
Tél: 1-418-656-3402; Téléc.: 1-418-656-7176
Courriel: louis.bernatchez@bio.ulaval.ca

RESUME

La présente étude a pour objectif principal de déterminer le sexe, l'assignation parentale et l'appartenance populationnelle de 119 juvéniles 0+ et tacons capturés dans la rivière Romaine et 100 juvéniles dans la rivière Puyjalon à l'automne 2016. Le pouvoir de réassignation, c'est-à-dire le pourcentage des saumons des populations référence réassignés à leur population respective avec une probabilité au moins 100 fois supérieure par rapport à l'autre population, est de 100,0% pour les poissons des rivières Romaine et de la rivière Puyjalon. Parmi les 185 juvéniles 0+ analysés, la presque totalité des saumons ont été assignés avec certitude à la bonne rivière d'origine (85/85 pour la Romaine et 99/100 pour la Puyjalon). Pour l'ensemble de ces juvéniles 0+, le ratio des sexes est pratiquement identique entre les mâles 50,8 et les femelles 49,2 %. L'assignation parentale a permis d'identifier avec certitude le père et la mère de 16 juvéniles 0+ sur les 185 échantillonnés à l'automne 2016 (4 pour la Romaine et 12 pour la Puyjalon). Pour les tacons de la rivière Romaine, l'assignation parentale a permis d'identifier avec certitude le père et la mère de 25 sur les 34 poissons capturés. Ce résultat indique que le programme de repeuplement artificiel est responsable de moins de 9% des 185 individus d'âge 0+ et de 74% des 34 tacons échantillonnés capturés dans la rivière en 2016.

TABLE DES MATIERES

Résumé.....	3
Liste des tableaux.....	6
1. Objectifs.....	7
2. Méthodologie.....	9
2.1. Échantillonnage.....	9
2.1.1. Poissons d'origine inconnue à assigner.....	9
2.1.2. Poissons des populations référence.....	9
2.2. Analyses de laboratoire.....	9
2.2.1. Sélection des marqueurs génétiques.....	9
2.2.2. Extraction de l'ADN.....	10
2.2.3. Amplification des loci microsatellites.....	10
2.2.4. Migration et détermination du génotype.....	10
2.2.5. Détermination du sexe.....	11
2.3. Analyses statistiques des données.....	11
2.3.1. Assignation populationnelle.....	11
2.3.2. Assignation parentale.....	12
3. Résultats.....	13
3.1. Assignation populationnelle.....	13
3.1.1. Poissons d'origine inconnue.....	13
3.2. Détermination du sexe.....	13
3.3. Assignation parentale.....	15
4. Discussion et conclusion.....	16
5. Références bibliographiques.....	23
Annexe 1 : Protocole d'extraction de l'ADN des échantillons.....	26
Annexe 2 : Protocole de l'amplification et de la migration sur capillaires des loci microsatellites.....	28
Annexe 3 : Données individuelles d'assignations populationnelle et parentale et d'identification du sexe.....	30

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Informations sur les loci utilisés pour la caractérisation génétique.	18
Tableau 2. Résultats d'assignation individuelle A) des saumons des populations de référence, B) des juvéniles capturés en 2016, C) des tacons capturés en 2016 par le logiciel GeneClass2 basée sur la différence du Log10 des valeurs de vraisemblance (D) et l'emploi du seuil $D > 1$	19
Tableau 3. Résultat des analyses d'assignation parentale pour les juvéniles 0+ échantillonnés dans la rivière Romaine et Puyjalon à l'automne 2016.	20
Tableau 4. Résultat des analyses d'assignation parentale pour les tacons échantillonnés dans la rivière Romaine à l'automne 2016..	21
Tableau 5. Reclassement des individus de la population de référence de la rivière Romaine au seuil de 0,05..	31
Tableau 6. Reclassement des individus de la population de référence de la rivière Puyjalon au seuil de 0,05..	34
Tableau 7. Assignation et valeurs de vraisemblance (Log10) des individus d'âge 0+ capturés à l'automne 2016 dans la rivière Romaine..	38
Tableau 8. Assignation et valeurs de vraisemblance (Log10) des individus d'âge 0+ capturés à l'automne 2016 dans la rivière Puyjalon..	42
Tableau 9. Assignation et valeurs de vraisemblance (Log10) des tacons capturés à l'automne 2016 dans la rivière Romaine..	46

1. OBJECTIFS

S'insérant dans le cadre du projet de restauration du saumon de la rivière Romaine financé par la Société saumon de la rivière Romaine (SSRR), la présente étude a pour objectif principal : 1) identifier le sexe, l'assignation parentale et l'appartenance populationnelle à l'une ou à l'autre des populations de saumon atlantique retrouvées dans la rivière Romaine et dans son affluent principal accessible au saumon, la rivière Puyjalon, pour les 185 juvéniles 0+ et 34 tacons.

Plus précisément, les objectifs spécifiques consistent à :

- a) Déterminer la classification individuelle de chacun des 185 juvéniles 0+ et 34 tacons (population de la rivière Romaine ou population de la rivière Puyjalon) échantillonnés en 2016 dans la rivière Romaine et Puyjalon en se basant sur l'analyse de 17 marqueurs microsatellites et sur les génotypes des individus de populations référence analysés au cours d'une étude antérieure (Ouellet-Cauchon et coll. 2013, Côté et Bernatchez 2014) ;
- b) Déterminer le sexe de chacun des 185 juvéniles 0+ et des 34 tacons;
- c) Déterminer, à l'aide d'un logiciel d'assignation parentale, la proportion des 185 juvéniles 0+ et 34 tacons dans le système qui est issue du programme de repeuplement artificiel se basant sur l'analyse de 17 marqueurs microsatellites.

2. MÉTHODOLOGIE

2.1. Échantillonnage

2.1.1. Poissons d'origine inconnue à assigner

Juveniles capturés en 2016

Dans le but d'évaluer le succès des ensemencements de l'été 2016 de la SSRR, 185 juvéniles 0+ furent pêchés à la pêche électrique et à la seine dans la rivière Romaine (n=85) et la rivière Puyjalon (n=100) en septembre 2016. Dans la rivière Romaine, 34 tacons furent pêchés de la même façon pour évaluer la survie des poissons ensemencés à l'été 2015.

2.1.2. Poissons des populations référence

Afin de caractériser les populations de référence de saumon atlantique, des échantillons d'écaillés récoltés sur 29 smolts de la rivière Romaine et 23 de la rivière Puyjalon, à l'été 2001 ont été utilisés (Ouellet-Cauchon et coll. 2013). De plus, dans le but d'augmenter le nombre d'échantillons dans chaque population de référence, les bouts de nageoires adipeuses de 96 smolts récoltés à l'été 2013 et de 95 smolts en 2014 à l'embouchure de la rivière Romaine et reclassés à ces deux populations d'origine dans deux études précédentes (Ouellet-Cauchon et coll. 2013, Côté et Bernatchez 2014) furent utilisés. De ces 190 smolts, 74 étaient associés à la rivière Romaine et 112 à la rivière Puyjalon. Au total, la population référence de la rivière Romaine comptait 103 échantillons et la population référence de la rivière Puyjalon 135 échantillons. Cette base de données pour les populations de référence a été utilisée pour assigner les 185 juvéniles et les 34 tacons.

2.2. Analyses de laboratoire

2.2.1. Sélection des marqueurs génétiques

La sélection des marqueurs génétiques utilisés est une étape déterminante pour l'atteinte des objectifs d'un projet. Chaque type de marqueur a ses forces et ses limitations et leur pertinence varie en fonction de la problématique. Avec l'objectif de caractériser la diversité génétique de populations en milieu naturel, les marqueurs microsatellites sont souvent utilisés. Les avantages des marqueurs microsatellites sont qu'ils présentent, entre autres, un degré de polymorphisme variable, ils sont relativement faciles à obtenir et leur analyse est robuste. Ces marqueurs sont en fait des régions du génome qui présentent des séquences de deux à quatre bases répétées en tandem un certain nombre de fois (ex. GATAGATAGATAGATA). Chaque région identifiée comme un microsatellite est un locus. Chaque individu possède deux copies distinctes de chaque locus. Chacune de ces copies est appelée un allèle. Dans le cas des marqueurs microsatellites, c'est le nombre de répétitions de la séquence répétée en tandem qui fait varier la taille en paires de bases des

allèles. C'est donc cette variabilité qui est utilisée afin de comparer les individus entre eux.

Étant donné que le degré de variabilité est différent pour chaque locus, il est important de choisir des microsatellites ayant une variabilité suffisante pour arriver à caractériser adéquatement la diversité génétique des individus à l'étude, dans le but de pouvoir répondre correctement aux objectifs et d'apporter des réponses aussi solides et fiables que possible.

Les marqueurs utilisés pour la présente étude ont déjà été utilisés pour la caractérisation génétique des populations naturelles de saumon atlantique (King et coll., 2005; King, communication personnelle; O'Reilly et coll. 1996; Slettan et coll. 1995; Paterson et coll. 2004; Presa et Guyomard 1996) et présentent un degré de variabilité amplement suffisant. Au total, dix-sept loci ont été utilisés. Les informations relatives à ces loci sont présentées au Tableau 1.

2.2.2. Extraction de l'ADN

La première étape des manipulations de laboratoire consiste à extraire l'ADN génomique des échantillons de saumon atlantique. Cette étape permet d'isoler l'ADN en solution aqueuse et de procéder aux étapes subséquentes. Pour tous les échantillons d'écaillés, l'ADN a été extrait à l'aide de la trousse DNeasy Blood & Tissue Kit de Qiagen® selon son protocole spécifique, tandis que l'ADN de nageoires adipeuses a été purifié selon un protocole d'extraction aux sels (Annexe 1 ; Aljanabi et Martinez 1997).

2.2.3. Amplification des loci microsatellites

Une fois l'ADN isolé, la prochaine étape est la réaction de polymérisation en chaîne (PCR pour « polymerase chain reaction »). Cette étape consiste à sélectionner et amplifier à volonté une région du génome permettant ainsi la visualisation des fragments, dans ce cas-ci, des loci microsatellites. La région qui est copiée est délimitée grâce à deux oligonucléotides qui sont de courts segments d'ADN synthétisés, appelés aussi amorces, dont la séquence est complémentaire à une des deux extrémités du fragment d'ADN recherché. Par la suite, une réaction enzymatique est enclenchée afin de créer une copie du fragment compris entre les deux amorces. Ces étapes sont répétées jusqu'à ce qu'un nombre suffisant de fragments soient créés permettant ainsi de visualiser la région amplifiée. Les détails techniques et les recettes pour les étapes de l'amplification sont présentés à l'Annexe 2.

2.2.4. Migration et détermination du génotype

Afin de visualiser les fragments des loci microsatellites produits lors de la réaction PCR, un séquenceur automatique a été utilisé (ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems®, Life technologies Corporation). Le principe des séquenceurs automatiques consiste à faire migrer par électrophorèse les fragments d'ADN à travers une matrice de polymère. C'est la force du champ électrique qui fait déplacer les molécules d'ADN étant

elles-mêmes chargées négativement. Les fragments d'ADN sont séparés au cours de la migration en fonction de leur longueur, les fragments plus courts migrant plus rapidement à travers la matrice de polymère que les fragments plus longs. Les fragments sont visualisés à la fin du parcours de migration à l'aide d'un laser qui détecte les molécules fluorescentes présentes sur les fragments amplifiés (préalablement fixées aux amorces utilisées). En plaçant un standard de taille (solution avec différents fragments de tailles connues) dans chaque puits, la taille des différents allèles peut être déterminée de façon très précise. Les informations relatives aux résultats de migration sont stockées dans des fichiers informatiques.

Le séquenceur automatique ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer a le potentiel de détecter et de discriminer cinq molécules fluorescentes différentes. Ainsi, en portant attention à la taille en paires de bases des 17 loci amplifiés, il a été possible de faire migrer tous les loci en 3 migrations. Les détails techniques et les recettes pour les étapes de la migration sont présentés à l'Annexe 2.

Après la migration, la taille des allèles a été déterminée en référence au standard de taille utilisé à l'aide du logiciel GeneMapper version 4.1. Cela a permis de déterminer le génotype multilocus des individus, c'est-à-dire la composition allélique des individus pour chacun des loci. Dans le cas des microsatellites, les allèles sont identifiés en fonction de leur taille en paires de bases.

Le génotype fut déterminé pour tous les individus analysés en 2016.

2.2.5. Détermination du sexe

Le sexe fut génétiquement déterminé à l'aide de l'amplification PCR du locus SDY selon la méthode proposée par Yano et ses collaborateurs (2012). Les amorces SDY_E2_AS4 et SDY_E2_S2 furent utilisées pour tester l'amplification PCR du locus SDY qui est présent seulement dans le génome des mâles. Ensuite, la migration du produit de la réaction PCR se fait sur gel d'agarose à une concentration de 1% en combinaison avec le marqueur de taille 100pb (100 bp DNA ladder de @Invitrogen). La présence d'une bande observée sur le gel est associée à un mâle, tandis que l'absence de bande indique une femelle. Des témoins négatifs et positifs furent utilisés afin de valider les résultats des analyses.

Le sexe fut déterminé pour l'ensemble des individus analysés en 2016.

2.3. Analyses statistiques des données

2.3.1. Assignment populationnelle

Nous avons utilisé des tests d'assignation individuelle pour estimer la proportion de saumons atlantique des populations de référence (rivière Romaine et rivière Puyjalon) retrouvée chez les poissons capturés en 2016 dans la rivière Romaine et Puyjalon. Pour ce faire, nous avons utilisé dans un premier temps l'application GeneClass2 (Piry et coll.

2004). Ces tests comportent deux étapes : 1) déterminer le pouvoir d'assignation par réallocation des individus d'origine connue aux populations de référence (rivière Romaine et rivière Puyjalon), et 2) assigner les échantillons d'origine inconnue (juvéniles et tacons) aux populations de référence.

Dans le but d'évaluer le pouvoir d'assignation de notre jeu de marqueurs microsatellites, nous avons groupé l'ensemble des poissons de référence et réassigné ces individus à leur population d'origine d'après les allèles présents aux 17 loci selon la méthode Bayésienne du maximum de vraisemblance (Rannala et Mountain 1997) à l'aide du logiciel GeneClass2. Brièvement, cette méthode consiste à multiplier les fréquences relatives d'observation des allèles d'un individu pour une population donnée à chacun des loci étudiés et de comparer les valeurs de vraisemblance obtenues qui correspondent au logarithme négatif de ces fréquences multipliées. Ensuite, le pouvoir d'assignation est déterminé selon deux critères. D'une part, nous estimons la proportion de poissons correctement réassignés à leur population d'origine. D'autre part, par la différence des valeurs logarithmiques de vraisemblance, la probabilité que chacun des génotypes soit observé davantage dans une population source que dans la seconde (D) est estimée. Par exemple, une valeur D de 1 nous indiquerait qu'il est 10 fois plus probable de retrouver un génotype dans la population à laquelle il a été assigné que dans l'autre population, tandis qu'une valeur D de 3 nous indiquerait que ce phénomène est 1000 fois plus probable. Par la suite, nous avons procédé à l'assignation des échantillons de l'automne 2016 à l'une ou à l'autre des populations de référence (rivière Romaine ou rivière Puyjalon). La valeur seuil du paramètre D utilisée pour assigner les individus était de 1, c'est-à-dire une probabilité 10 fois plus grande de provenir d'une population que de l'autre (voir section Résultats).

2.3.2. Assignation parentale

Le pouvoir d'assignation parentale attendu ainsi que la détermination des relations parentales entre les 185 juvéniles 0+ et 34 tacons capturés à l'automne 2016 et les adultes reproducteurs utilisés lors des reproductions artificielles de 2014 (pour les tacons) et 2015 (pour les juvéniles 0+) (Côté et Bernatchez 2015) ont été déterminés à l'aide du logiciel PAPA (Duchesne et al., 2002). Le logiciel détermine les parents de la progéniture en se basant sur leur génotype. La recherche de la meilleure combinaison de parent est réalisée par maximum de vraisemblance. Le logiciel calcule une valeur de maximum de vraisemblance pour chaque combinaison de parent potentiel. Les parents sont associés à une progéniture lorsque la valeur de vraisemblance de cette combinaison de parent est supérieure aux valeurs de toutes les autres combinaisons. Le logiciel PAPA permet aussi d'inclure un modèle d'erreur dans l'analyse d'assignation parentale. Le modèle d'erreur regroupe les deux erreurs possibles dans ce type d'analyse, soit l'erreur de génotypage (la plus courante) et celle de mutation. Celui utilisé dans ce projet est un modèle d'erreur non uniforme, c'est-à-dire que la probabilité d'erreur acceptée diminue en s'éloignant de l'allèle. Par exemple, si la longueur de l'allèle A est déterminé à 300pb, le logiciel va permettre une erreur en utilisant une longueur pour l'allèle A de 296-298-302-304bp. Par contre, la probabilité d'accepter l'allèle à 296 et 304pb est moins grande que celle

d'accepter l'allèle A à 298 et 302pb. L'erreur est comptabilisée pour chaque allèle de chaque locus. Pour ce projet, nous avons utilisé un modèle d'erreur non uniforme qui accepte un saut de deux répétitions de chaque côté de l'allèle attendu (voir exemple de l'allèle A). La distribution de la probabilité du modèle est 0,002 0,008 0,980 0,008 0,002 ou 0,980 est la probabilité de l'allèle attendu.

3. RÉSULTATS

3.1. Assignation populationnelle

3.1.1. Poissons d'origine inconnue

Juveniles 0+ et tacons capturés en 2016

L'assignation des juvéniles 0+ et des tacons capturés dans la rivière Romaine et Puyjalon en 2016 aux populations de référence a été accomplie à l'aide du logiciel GeneClass2. Les assignations réalisées avec confiance signifient que la classification de l'individu est au moins 10 fois plus probable dans une population donnée que dans l'autre ($D > 1$).

Le tableau 5 (Annexe 3) présente les résultats de la ré-allocation des 103 saumons de la population de référence de la rivière Romaine. La totalité d'entre eux a été classée avec confiance comme saumons d'origine pure de la Romaine. Le tableau 6 (Annexe 3) présente la ré-allocation des 135 saumons de la population de référence de la rivière Puyjalon. La totalité a été classée avec confiance comme saumons d'origine pure de la Puyjalon. Le pouvoir d'assignation obtenu est donc de 100% pour les deux rivières. Également, tous ces individus correctement assignés ont été reclassés à leur population respective avec une probabilité au moins 100 fois supérieure ($D > 2$) par rapport à l'autre population.

Le tableau 7 à 9 (Annexe 3) présente l'assignation des 85 juvéniles 0+ et 34 tacons capturés dans la rivière Romaine en 2015 et des 100 juvéniles 0+ de la rivière Puyjalon. Tous les juvéniles 0+ capturés dans la rivière Romaine ont été classés avec confiance comme saumons d'origine pure de la Romaine. Pour la rivière Puyjalon, 99 juvéniles 0+ ont été classés avec confiance comme saumons d'origine pure de la Puyjalon. Pour le seul juvénile 0+ qui n'a pas été assigné avec confiance, la valeur D (0,740) indique que ce poisson est probablement d'origine Puyjalon. Pour les 34 tacons, 14 ont été assignés avec confiance à la rivière Romaine et 19 à la rivière Puyjalon. Pour le seul tacon qui n'a pas été assigné avec confiance, la valeur D (0,653) indique que ce poisson est probablement d'origine Puyjalon. Le tableau 2 présente un sommaire des résultats de l'assignation populationnelle effectuée à l'aide de GeneClass2.

3.2. Détermination du sexe

L'identification sexuelle des 185 juvéniles 0+ et des 34 tacons capturés à l'automne 2016 est détaillée aux tableaux 7 à 9 (Annexe 3) et un sommaire est présenté au tableau 2. Chez les juvéniles 0+ de la rivière Romaine, la détermination du sexe a révélé la présence

de 40 mâles (47,0%) et de 45 femelles (53,0%). Chez les juvéniles 0+ de la rivière Puyjalon, la détermination du sexe a révélé la présence de 54 mâles (54,0%) et de 46 femelles (46,0%). Chez les tacons de la rivière Romaine, détermination du sexe a révélé la présence de 19 mâles (56,0%) et de 15 femelles (44,0%).

3.3. Assignation parentale

Pour l'assignation parentale des 185 juvéniles 0+ et des 34 tacons capturés à l'automne 2016, le logiciel PAPA a révélé que les 17 loci utilisés permettent d'atteindre un pouvoir d'assignation de 100%. En effet, en incluant les informations sur les croisements effectués (Tableau 3), on obtient un succès d'assignation attendu de 100%. De plus, les croisements déterminés par cette analyse sont à 100% compatibles avec ceux créés en 2014 et 2015. Enfin, à partir des fréquences d'allèles observées, l'exercice de simulation permettant de générer artificiellement des génotypes de parents et de rejetons issus de la reproduction de ceux-ci a démontré une probabilité d'exactitude de 100%. Le tableau 3 indique le nombre de juvéniles 0+ capturés issus des croisements effectués en 2015. Le tableau 4 indique le nombre de tacons capturés issus des croisements effectués en 2014.

Parmi les reproducteurs utilisés lors de la fraie artificielle de l'automne 2015, l'analyse d'assignation a permis d'identifier le parent mâle et le parent femelle de 16 juvéniles 0+ (4 dans la Romaine et 12 dans la Puyjalon) des 185 échantillonnés. Ce résultat indique que le programme de repeuplement artificiel est responsable de moins de 9% des 185 juvéniles 0+ capturés dans les parcelles échantillonnées des deux rivières. Parmi les reproducteurs utilisés lors de la fraie artificielle de l'automne 2014, l'analyse d'assignation a permis d'identifier le parent mâle et le parent femelle de 25 tacons des 34 échantillonnés. Ce résultat indique que le programme de repeuplement artificiel est responsable de 74% des 34 tacons capturés dans les parcelles échantillonnées de la rivière Romaine. L'analyse d'assignation parentale a permis d'identifier des progénitures de 10 croisements sur les 27 croisements produits lors de la fraie artificielle de 2015 (Tableau 3) et de 10 croisements sur les 24 croisements produits lors de la fraie artificielle de 2014 (Tableau 4). Les résultats présentés au tableau 3 démontrent que sur les huit femelles utilisées pour la fraie artificielle, sept femelles ont été identifiées dans l'analyse alors que neuf mâles sur 27 utilisés ont été identifiés. Pour les tacons, les résultats présentés au tableau 4 démontrent que sur les huit femelles utilisées pour la fraie artificielle, cinq femelles ont été identifiées dans l'analyse alors que tous les mâles utilisés ont été identifiés. La femelle 985120011325894 est responsable de plus de 58% de l'ensemble des juvéniles d'âge 0+ capturés dans la rivière Puyjalon. De même, le mâle 985120011326170 est responsable de plus de 67% des juvéniles d'âge 0+ capturés dans la rivière Puyjalon. Pour les tacons de la rivière Romaine, la femelle 3D6.0015A809C8 est responsable de plus de 68% de l'ensemble des tacons capturés alors que le mâle 3D6.0015A807A9 est responsable de plus de 36% de l'ensemble des tacons capturés.

4. DISCUSSION ET CONCLUSION

Une étude de la différenciation génétique des juvéniles 0+ et tacons capturés en 2016 a été réalisée afin de déterminer l'appartenance populationnelle de ces poissons à la population de la rivière Romaine ou à la population de la rivière Puyjalon. Une analyse d'assignation parentale de ces juvéniles 0+ et tacons capturés à l'automne 2016 et issu de la fraie artificielle de l'automne 2014 et 2015.

Le pouvoir d'assignation déployé au cours de la présente étude est très élevé. En effet, 100,0 % des individus des populations référence furent réassignés à leur population respective plutôt qu'à l'autre population. Parmi les 185 juvéniles 0+, 184 ont été assignés avec confiance à leur bonne rivière d'origine. Ce résultat n'est pas surprenant puisque que les saumons de la Rivière Romaine et Puyjalon sont génétiquement distinct et que la philopatrie de cette espèce est reconnue. De plus, les juvéniles 0+ n'ont pas la capacité de se déplacer entre les sites d'échantillonnages des deux rivières. Les sites d'échantillonnages dans la rivière Romaine se trouvent en amont de l'embouchure de la Puyjalon dans celle-ci. Pour les 16 juvéniles 0+ qui ont été identifié comme étant le produit de la reproduction artificielle, ceux-ci ont été assignés avec confiance à leur bonne rivière d'origine. Ce résultat est celui attendu parce que lors de la fraie artificielle de 2015, seul des géniteurs de la même origine ont été croisés ensemble. Parmi les 34 tacons, 14 ont été assignés avec confiance à la rivière Romaine et 19 à la rivière Puyjalon. Même si tous les tacons ont été capturés dans la rivière Romaine, il n'est normal de d'identifier des poissons d'origines de la rivière Puyjalon puisque lors de la fraie artificielle 2014, la majorité des géniteurs utilisés (9/13) étaient d'origine Puyjalon et que seule la rivière Romaine avait étéensemencée en 2015.

Le rapport des sexes de l'ensemble des 185 juvéniles 0+ et des 34 tacons analysés est légèrement en faveur des mâles pour les juvéniles 0+ Puyjalon, soit 54,0% de mâles pour 46% de femelles, et pour les tacons de la rivière Romaine, soit 56,0% de mâles pour 44% de femelles. Pour les juvéniles de la rivière Romaine, le rapport des sexes est légèrement en faveur des femelles, soit 53,0% de femelles pour 47% de mâles.

Les informations sur les croisements effectués lors de la fraie artificielle a permis d'obtenir un succès d'assignation parentale de 100%. Nous avons établi avec une certitude le père et la mère de moins de 5% (4/85) des juvéniles 0+ capturés dans la rivière Romaine et 12% (12/100) rivière Puyjalon. Ce résultat indique que le programme de repeuplement artificiel est responsable de moins de 9% des 185 individus d'âge 0+ capturés dans les parcelles échantillonnées dans les deux rivières. L'analyse a permis d'identifier plus de 87% des femelles (7/8) et 33% des mâles (9/27) qui ont été utilisés en 2015 lors de la fraie artificielle dont sont issus les juvéniles ensemencés. La plus grande proportion de juvéniles 0+ issu du repeuplement artificiel dans la rivière Puyjalon (12/16) peut être expliquée par un plus grand nombre d'alevins vésiculés ensemencé dans cette rivière (17 453 alevins vésiculés sur 27 207). Le nombre de juvéniles 0+ issu du repeuplement artificiel en 2016 (9%) est beaucoup plus faible que le résultat observé en 2015 où 66% des juvéniles étaient le produit de ce programme. La différence observée pourrait être expliqué un plus grand nombre de juvéniles 0+ ensemencés en 2015

comparativement à 2016 (soit 52 370 et 27 207 respectivement). Il est aussi important de noter que lors des ensemencements en 2015, c'est des juvéniles 0+ nourris qui ont été mis en rivière alors qu'en 2016, c'est des juvéniles 0+ vésiculés qui ont été mis en rivière. Enfin, il est aussi possible qu'une plus grande reproduction naturelle dans la rivière Romaine et Puyjalon ait eu lieu en 2016 qu'en 2015 pourrait aussi influencer ce résultat. L'analyse d'assignation parentale pour les tacons montre que le nombre de poissons issus du programme de repeuplement artificiel en 2016 (25/34, 74%) est dans le même ordre de grandeur que le résultat en 2015 (67/102, 67%). Ce résultat suggère que la survie des poissons ensemencés est très bonne. Mis ensemble, ces résultats démontrent que l'analyse d'assignation parentale est un outil efficace pour évaluer la réussite présente et futur du programme de repeuplement artificiel.

Tableau 1. Informations sur les loci utilisés pour la caractérisation génétique.

Locus	Séquence des amorces (sens 5'-3')	Molécule fluorescente	Température d'appariement (°C) [†]	Référence
Ssa85	F : AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC R : ACCCGCTCCTCACTTAATC*	HEX (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)
Ssa171	F : TTATTATCCAAAGGGGTCAAAA R : GAGGTCGCTGGGGTTTACTAT	NED (Jaune)	58	(Oreilly et coll., 1996)
Ssa197	F : GGGTTGAGTAGGGAGGCTTG R : TGGCAGGGATTTGACATAAC*	VIC (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)
Ssa202	F : CTTGGAATATCTAGAATATGGC R : TTCATGTGTTAATGTTGCGTG*	VIC (Vert)	58	(Oreilly et coll., 1996)
SsaD58	F : TAGAGTTTGTCTCTGGCTTTG R : AGACCCTAGGACTGGCTACTG	HEX (Vert)	58	(King et coll., 2005)
SsaD71	F : AACGTGAAACATAAAATCGATGG* R : TAAGAATGGGTTGCCTATGAG	PET (Rouge)	58	(King et coll., 2005)
SsaD85	F : CTTGGCTGTTTCAGGTATGAC* R : CACTGCTCTACAACAGAAGTCTC	FAM (Bleu)	58	(King, comm. pers.)
SsaD144	F : TTGTGAAGGGGCTGACTAAC* R : TCAATTGTTGGGTGCACATAG	FAM (Bleu)	58	(King et coll., 2005)
SsaD486	F : TCGCTGTGTATCAGTATTTTGG R : ACTCGGATAACACTCACAGGTC	FAM (Bleu)	58	(King et coll., 2005)
Ssosl417	F : TTGTTTCAGTGTATATGTGTCCCAT* R : GATCTTCACTGCCACCTTATGACC	FAM (Bleu)	58	(Slettan et coll., 1995)
SsspG7	F : CTTGGTCCCCTTCTTACGACAACC* R : TGCACGCTGCTTGGTCCTTG	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)
Sssp1605	F : CGCAATGGAAGTCAGTGGACTGG* R : CTGATTTAGCTTTTTAGTGCCCAATGC	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)
Sssp2201	F : TTTAGATGGTGGGATACTGGGAGGC* R : CGGGAGCCCCATAACCCTACTAATAAC	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)
Sssp2210	F : AAGTATTCATGCACACACATTCCTGC* R : CAAGACCCTTTTTCCAATGGGATTC	FAM (Bleu)	58	(Paterson et coll., 2004)
Sssp2215	F : ACTAGCCAGGTGTCCTGCCGGTC* R : AGGGTCAGTCAGTCACACCATGCAC	NED (Jaune)	58	(Paterson et coll., 2004)
Sssp2216	F : GGCCCAGACAGATAAAACAAACACGC* R : GCCAACAGCAGCATCTACACCCAG	VIC (Vert)	58	(Paterson et coll., 2004)
MST-3	F : CCCTGGTTTGTACTTTGTCTCA* R : AGGCACTCTCACCAGCTAAAGATG	HEX (Vert)	58	(Presa et Guyomard, 1996)

* L'astérisque indique l'amorce à laquelle est fixée la molécule fluorescente.

† La température d'appariement est la température d'hybridation des amorces dans la PCR

Tableau 2. Résultats d'assignation individuelle A) des saumons des populations de référence, B) des juvéniles 0+ capturés en 2016, C) des tacons capturés en 2016 par le logiciel GeneClass2 basée sur la différence du Log10 des valeurs de vraisemblance (D) et l'emploi du seuil $D > 1$.

A)

Assignation populationnelle	Populations de référence			
	Référence Romaine		Référence Puyjalon	
	Nombre	%	Nombre	%
Romaine	103	100,0	0	0,0
Puyjalon	0	0,0	135	100,0
Non assignés	0	0,0	0	0,0
Total	103	100,0	135	100,0

B)

Assignation populationnelle	Juvéniles 0+					
	Mâles		Femelles		Total	
	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%
Romaine	40	47,0	45	53,0	85	100,0
Puyjalon	54	54,5	45	45,5	99	99,0
Non assignés	0	0	1	1,0	1	1,0
Total	94	50,8	91	49,2	185	100,0

C)

Assignation populationnelle	tacons					
	Mâles		Femelles		Total	
	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%
Romaine	8	57,1	6	42,9	14	100,0
Puyjalon	10	52,6	9	47,4	19	100,0
Non assignés	1	0	0	0	1	3,0
Total	19	44,4	15	65,6	34	100,0

Tableau 3. Résultat des analyses d'assignation parentale pour les juvéniles 0+ échantillonnés dans la rivière Romaine et Puyjalon à l'automne 2016. Ces juvéniles sont issus des croisements effectués en 2015. La valeur entre parenthèse indique le nombre de juvéniles vésiculés pour chaque croisement en date du dernier décompte du mois de mai 2016. Un numéro d'étiquette en caractère gras indique les géniteurs d'origine Puyjalon. * indique un géniteur qui provient de la cohorte de smolt 2014. Ω indique des géniteurs sauvages capturés en 2015. β indique un géniteur capturé en 2014.

# tag femelle →	9851200113 20598	9851200113 26509	426738665C	4263354D1D	985120011 368112	3D6.0015A2 D40D^Ω	9851200113 25894	3D6.0015A8 07A7^β	Nombre progéniture
# tag mâle ↓									
985120012217678	1 (909)								1 (909)
985120009118819	1 (800)								1 (800)
3D6.0015A2D3E0 ^Ω	0 (1014)	0 (793)	0 (583)	0 (169)					0 (2559)
426334012C		0 (840)							0 (840)
985120011324184*		1 (980)							1 (980)
985120012206710*		0 (1170)							0 (1170)
426338386F			1 (713)						1 (713)
42633A392B			0 (597)						0 (597)
4268023461			0 (471)						0 (471)
985120011321920*				0 (439)					0 (439)
985120012207780				0 (276)					0 (276)
42657B2763					1 (1250)				1 (1250)
985120011371051					0 (981)			0 (1668)	0 (2649)
985120011434722					1 (696)				1 (696)
985120011377407						0 (1271)			0 (1271)
985120011366288						0 (1669)		1 (1270)	1 (2939)
985120011434722						0 (2033)			0 (2033)
985120011326170						2 (1790)	6 (1142)		8 (2932)
42664A606B							0 (1124)		0 (1124)
4263254D71							1 (1234)	0 (1325)	1 (2559)
Nombre progéniture	2 (2723)	1 (3783)	1 (2364)	0 (884)	2 (2927)	2 (6763)	7 (3500)	1 (4263)	16 (27207)

Tableau 4. Résultat des analyses d’assignation parentale pour les tacons échantillonnés dans la rivière Romaine à l’automne 2016. Ces tacons sont issus des croisements effectués en 2014. La valeur entre parenthèses indique le nombre de rejetons issus du programme d’ensemencement lors de l’échantillonnage 2015.

# tag mâle →	3D6.0015A80A29	3D6.0015A807A9	3D6.0015A2CF07	3D6.0015A7F5DD	3D6.0015A807A7	Nombre progéniture
# tag femelle ↓						
3D6.0015A80897	1 (1)	1 (2)		1 (3)		3 (6)
3D6.0015AA0BC3			0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
3D6.0015AA16B8		0 (3)	2 (1)	0 (1)		2 (5)
3D6.0015A2CD63	1 (0)	1 (0)				2 (0)
3D6.0015A2D3B5	0 (0)		0 (0)	0 (0)		0 (0)
3D6.0015A809C8	4 (2)	6 (14)			7 (5)	17 (21)
3D6.0015A80850	0 (4)	1 (3)	0 (1)			1 (8)
3D6.0015AA0C46		0 (5)		0 (8)	0 (14)	0 (27)
Nombre progéniture	6 (7)	9 (27)	2 (2)	1 (12)	7 (19)	25 (67)

5. RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aljanabi SM, Martinez I (1997) Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research* 25 : 4692-4693.
- Côté G, Bernatchez L (2014) Caractérisation génétique des populations de saumons de la rivière Romaine. Rapport d'activités 2014. Rapport présenté par l'Université Laval à WSP. 34 p. et 2 annexes.
- Côté G, Bernatchez L (2015) Caractérisation génétique des saumons atlantique des rivières Romaine et Puyjalon en élevage au LARSA (Laboratoire de Recherche en Sciences Aquatiques) et des adultes reproducteurs utilisés pour le frai artificiel. Rapport d'activités 2014. Rapport présenté par l'Université Laval à la Société Saumon de la Rivière Romaine (SSRR). 48 p. et 2 annexes.
- Duchesnes P, M-H Godbout, Bernatchez L (2002) PAPA (Package for the Analysis of Parental Allocation) : A computer program for simulated and real parental allocation. *Molecular Ecology Notes*. 2, 191-194.
- King TL, Eackles MS, Letcher BH (2005) Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes* 5 : 130-132.
- Ouellet-Cauchon G, Côté G, Bernatchez L (2013) Caractérisation génétique des populations de saumons de la rivière Romaine. Rapport d'activités 2013. Rapport présenté par l'Université Laval à GENIVAR Groupe Conseil inc. 34 p. et annexes.
- Ouellet-Cauchon G, Bernatchez L (2014) Caractérisation génétique des saumons atlantique des rivières Romaine et Puyjalon en élevage au LARSA (Laboratoire de Recherche en Sciences Aquatiques). Rapport d'activités 2013. Rapport présenté par l'Université Laval à la Société saumon de la rivière Romaine. 40 p. et annexes.
- Oreilly PT, Hamilton LC, Mcconnell SK, Wright JM (1996) Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53 : 2292-2298.
- Paterson S, Piertney SB, Knox D, Gilbey J, Verspoor E (2004) Characterization and PCR multiplexing of novel highly variable tetranucleotide Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) microsatellites. *Molecular Ecology Notes* 4 : 160-162.
- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A (2004) GENECLASS2 : a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *J Hered.* 95 : 536-9.

- Presa P, Guyomard R (1996) Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49 : 1326-1329.
- Rannala B, Mountain JL, (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proc Natl Acad Sci USA* 94 : 9197–9201.
- Slettan A, Olsaker I, Lie O (1995) Atlantic Salmon, *Salmo salar*, Microsatellites at the Ssosl25, Ssosl85, Ssosl311, Ssosl417 Loci. *Animal Genetics* 26 : 281-282.
- Yano A, Nicol B, Jouanno E, Quillet E, Fostier A, Guyomard R, Guiguen Y (2012) The sexually dimorphic on the Y-chromosome gene (sdY) is a conserved male-specific Y-chromosome sequence in many salmonids. *Evolutionary Applications*, 22 : 1423-1428.

ANNEXE 1 : PROTOCOLE D'EXTRACTION DE L'ADN DES ÉCHANTILLONS

Protocole d'extraction d'ADN par la méthode aux sels

Tiré de Salah M. Aljanabi & Icar Martinez, 1997 : Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. Nucleic Acids Research. 25(22): 4692-4693.

Tampon d'extraction salin :	250 ml
2 mM EDTA	1 ml de 0,5 M EDTA
10 mM Tris-HCl	2,5 ml de 1 M Tris-HCl (pH 8)
0.4 M NaCl	20 ml de 5 M NaCl
	226,5 ml dH ₂ O

SDS 20 % :

20 g de SDS + 80 ml de dH₂O, mélanger et ajuster le volume à 100 ml final

Solution saline 6 M :

Dissoudre 29 g de NaCl dans 100 ml dH₂O

Dissoudre 6.06 g de NaCl additionnel (on peut le faire chauffer au micro-ondes)

Procédure :

- 1- Couper des bouts de tissu d'environ 0,05 à 0,25 cm²
- 2- Les déposer dans des tubes 1,5 ml pré identifiés
- 3- Laisser les morceaux de tissu sécher (pour enlever tout l'éthanol résiduel)
- 4- Ajouter 440 µl de tampon d'extraction salin + 44 µl de SDS 20 % + 8 µl de Protéinase K (20 mg/ml)
- 5- Vortexer quelques secondes
- 6- Incuber pendant la nuit à 37 °C en vortexant aux 20 minutes
- 7- Centrifuger quelques secondes pour faire descendre la buée qui se retrouve sur les parois des tubes
- 8- Ajouter 300 µl de la solution saline 6 M
- 9- Vortexer 1 minute
- 10- Centrifuger à 10300 rpm pendant 30 minutes.
- 11- Transférer 600 µl de surnageant dans un nouveau tube 1,5 ml pré identifié
- 12- Ajouter 600 µl isopropanol froid (conservé au congélateur – 20°C)
- 13- Mélanger gentiment les tubes en les inversant quelques fois
- 14- Incuber les tubes à -20°C pendant 30 minutes
- 15- Centrifuger à 13000 rpm pendant 20 minutes
- 16- Enlever le surnageant à la pipette

- 17- Sécher les tubes en utilisant un morceau de papier (attention à ne pas toucher le culot)
- 18- Ajouter 200 μ l d'éthanol 70 % froid (conserver au congélateur – 20°C)
- 19- Centrifuger à 13000 rpm pendant 10 minutes
- 20- Enlever le surnageant à la pipette
- 21- Sécher les tubes en utilisant un morceau de papier (attention à ne pas toucher le culot)
- 22- Laisser le culot sécher 1 ou 2 heures à 60 °C ou toute la nuit à 37°C
- 23- Dissoudre le culot dans 100 μ l d'H₂O

ANNEXE 2 : PROTOCOLE DE L'AMPLIFICATION ET DE LA MIGRATION SUR CAPILLAIRES DES LOCI MICROSATELLITES

Solutions requises :

1. Multiplex PCR kit (Qiagen, numéro de produit: 206145)
2. Amorces R: 10 μ M
3. Amorces F: 10 μ M
4. ADN : 7-8 ng/ μ l
5. Hi-Di Formamide (Applied Biosystems, numéro de produit: 4311320)
6. GeneScan 500 ROX® (Applied Biosystems, numéro de produit: 401734)
7. GeneScan 500 LIZ® (Applied Biosystems, numéro de produit: 4322682)

Les 22 loci utilisés pour les analyses génétiques ont été amplifiés en trois réactions PCR. Les quantités en microlitres (μ l) des solutions de départ nécessaires aux réactions PCR sont présentées ci-bas pour une réaction. Pour chacune des réactions PCR, le volume final était de 10 (8 μ l du mélange et 2 μ l d'ADN).

PCR Kit 1	
Réactif	Volume (μ l)
Multiplex PCR kit	5
Amorce Ssa171-F/R	0,2
Amorce Ssa197-F/R	0,05
Amorce Ssa202-F/R	0,3
Amorce Ssos1417 F/R	0,15
Amorce SsaD85-F/R	0,4
Amorce SsaD71	0,4

PCR Kit 2	
Réactif	Volume (μ l)
Multiplex PCR kit	5
Amorce SsaD144-F/R	0,6
Amorce Sssp1605-F/R	0,5
Amorce Sssp2210-F/R	0,1
Amorce Sssp2215-F/R	0,25
Amorce Sssp2216-F/R	0,05

PCR Kit 3	
Réactif	Volume (μ l)
Multiplex PCR kit	5
Amorce Sssp2201-F/R	0,9
Amorce SsspG7-F/R	0,1
Amorce MST-3-F/R	0,25
Amorce Ssa85 F/R	0,03
Amorce SsaD58-F/R	0,8
Amorce SsaD486	0,025

Les conditions lors de la PCR étaient les suivantes :

Programme Kit1, Kit2 et Kit3:

15 min à 95°C ; [30 sec à 94°C (dénaturation) ; 3 min à 58°C (hybridation) ; 1 min à 72°C (élongation)]³⁴ ; 10 min à 72°C.

Une fois les réactions terminées, on procède à la préparation de la plaque pour le séquenceur automatique pour permettre la visualisation des loci migrés.

Pour le gel 1 :

Diluer 1 μ l du produit PCR Kit1 dans 10 μ l d'eau. Mélanger 1 μ l de cette dilution et 10 μ l d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 LIZ dans un ratio de 10 pour 1.

Pour le gel 2 :

Diluer 1 μ l du produit PCR Kit2 dans 10 μ l d'eau. Mélanger 1 μ l de cette dilution et 10 μ l d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 LIZ dans un ratio de 10 pour 1.

Pour le gel 3 :

Diluer 1 μ l du produit PCR Kit3 dans 5 μ l d'eau. Mélanger 1 μ l de cette dilution et 10 μ l d'un mélange Formamide Hi-Di et GeneScan 500 Rox dans un ratio de 10 pour 1.

**ANNEXE 3 : DONNEES INDIVIDUELLES D'ASSIGNATIONS
POPULATIONNELLE ET PARENTALE ET D'IDENTIFICATION
DU SEXE**

Tableau 5. Reclassement des individus de la population de référence de la rivière Romaine au seuil de 0,05. Note : Les valeurs plus petites indiquent des vraisemblances plus élevées car cet indice représente la valeur absolue d'un logarithme négatif. Le paramètre D correspond à la différence des valeurs logarithmiques d'occurrence d'un génotype donné et indique la probabilité d'observer celui-ci dans la population à laquelle il a été assigné relativement à la seconde. Les individus en caractères gras n'ont pas été réassignés (NA) car la valeur du paramètre D est inférieure à 1.

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	D	Reclassement
R_1	25,597	39,827	14,230	Romaine
R_2	25,449	34,801	9,352	Romaine
R_3	21,154	32,783	11,629	Romaine
R_4	24,556	40,147	15,591	Romaine
R_5	30,459	36,907	6,448	Romaine
R_6	29,690	36,395	6,705	Romaine
R_7	28,372	42,928	14,556	Romaine
R_8	27,437	33,034	5,597	Romaine
R_9	24,824	36,750	11,926	Romaine
R_10	26,086	30,341	4,255	Romaine
R_11	31,483	38,055	6,572	Romaine
R_12	25,132	36,923	11,791	Romaine
R_13	27,663	36,346	8,683	Romaine
R_14	28,209	32,887	4,678	Romaine
R_15	24,681	41,821	17,140	Romaine
R_16	26,809	39,511	12,702	Romaine
R_17	24,326	36,686	12,360	Romaine
R_18	24,841	37,344	12,503	Romaine
R_19	24,749	34,501	9,752	Romaine
R_20	27,657	37,562	9,905	Romaine
R_21	25,009	39,500	14,491	Romaine
R_22	26,399	41,136	14,737	Romaine
R_23	26,073	36,135	10,062	Romaine
R_24	29,295	36,677	7,382	Romaine
R_25	33,294	51,116	17,822	Romaine
R_26	25,723	35,312	9,589	Romaine
R_27	26,484	36,269	9,785	Romaine
R_28	24,538	46,404	21,866	Romaine
R_29	28,231	39,785	11,554	Romaine
R_30	25,952	44,207	18,255	Romaine
R_31	26,014	40,147	14,133	Romaine
R_32	26,431	42,938	16,507	Romaine
R_33	25,682	38,886	13,204	Romaine
R_34	26,064	37,110	11,046	Romaine

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
R_35	21,807	40,959	19,152	Romaine
R_36	23,314	45,397	22,083	Romaine
R_37	21,211	31,205	9,994	Romaine
R_38	23,312	37,373	14,061	Romaine
R_39	25,097	37,477	12,380	Romaine
R_40	27,339	36,098	8,759	Romaine
R_41	25,013	36,486	11,473	Romaine
R_42	24,495	36,865	12,370	Romaine
R_43	21,441	34,907	13,466	Romaine
R_44	25,561	47,769	22,208	Romaine
R_45	21,835	39,920	18,085	Romaine
R_46	24,890	38,521	13,631	Romaine
R_47	21,886	33,747	11,861	Romaine
R_48	25,530	37,190	11,660	Romaine
R_49	25,619	38,173	12,554	Romaine
R_50	25,605	39,067	13,462	Romaine
R_51	23,671	37,258	13,587	Romaine
R_52	26,298	39,554	13,256	Romaine
R_53	22,808	44,051	21,243	Romaine
R_54	23,091	36,482	13,391	Romaine
R_55	24,087	38,568	14,481	Romaine
R_56	22,070	30,453	8,383	Romaine
R_57	23,111	33,830	10,719	Romaine
R_58	27,185	42,000	14,815	Romaine
R_59	24,782	38,264	13,482	Romaine
R_60	24,578	40,217	15,639	Romaine
R_61	22,147	41,818	19,671	Romaine
R_62	26,762	42,807	16,045	Romaine
R_63	23,585	41,782	18,197	Romaine
R_64	23,535	40,590	17,055	Romaine
R_65	26,994	35,976	8,982	Romaine
R_66	23,552	35,806	12,254	Romaine
R_67	21,903	35,751	13,848	Romaine
R_68	25,569	38,553	12,984	Romaine
R_69	25,350	37,537	12,187	Romaine
R_70	26,339	39,712	13,373	Romaine
R_71	27,018	46,402	19,384	Romaine
R_72	24,950	46,804	21,854	Romaine
R_73	23,631	41,264	17,633	Romaine
R_74	23,519	38,035	14,516	Romaine
R_75	29,060	42,629	13,569	Romaine
R_76	20,755	36,555	15,800	Romaine

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
R_77	28,026	43,980	15,954	Romaine
R_78	26,724	36,463	9,739	Romaine
R_79	27,613	40,246	12,633	Romaine
R_80	24,378	35,680	11,302	Romaine
R_81	21,630	36,136	14,506	Romaine
R_82	22,700	42,930	20,230	Romaine
R_83	25,292	33,678	8,386	Romaine
R_84	27,785	48,476	20,691	Romaine
R_85	22,711	36,705	13,994	Romaine
R_86	17,695	30,580	12,885	Romaine
R_87	23,720	44,630	20,910	Romaine
R_88	22,663	37,085	14,422	Romaine
R_89	22,462	33,994	11,532	Romaine
R_90	22,274	38,574	16,300	Romaine
R_91	22,680	43,187	20,507	Romaine
R_92	22,141	38,103	15,962	Romaine
R_93	21,831	44,714	22,883	Romaine
R_94	24,072	42,638	18,566	Romaine
R_95	24,514	44,360	19,846	Romaine
R_96	22,572	34,359	11,787	Romaine
R_97	25,421	35,607	10,186	Romaine
R_98	23,946	54,262	30,316	Romaine
R_99	28,120	42,585	14,465	Romaine
R_100	22,405	31,549	9,144	Romaine
R_101	27,122	39,846	12,724	Romaine
R_102	23,817	44,135	20,318	Romaine
R_103	24,319	45,068	20,749	Romaine

Tableau 6. Reclassement des individus de la population de référence de la rivière Puyjalon au seuil de 0,05. Note : Les valeurs plus petites indiquent des vraisemblances plus élevées car cet indice représente la valeur absolue d'un logarithme négatif. Le paramètre *D* correspond à la différence des valeurs logarithmiques d'occurrence d'un génotype donné et indique la probabilité d'observer celui-ci dans la population à laquelle il a été assigné relativement à la seconde. Les individus en caractères gras n'ont pas été réassignés (NA) car la valeur du paramètre *D* est inférieure à 1.

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
P_1	42,252	26,321	15,931	Puyjalon
P_2	47,043	30,90	16,143	Puyjalon
P_3	39,663	27,776	11,887	Puyjalon
P_4	44,938	27,944	16,994	Puyjalon
P_5	35,710	27,788	7,922	Puyjalon
P_6	36,977	23,69	13,287	Puyjalon
P_7	42,347	25,160	17,187	Puyjalon
P_8	32,054	22,404	9,650	Puyjalon
P_9	47,652	31,807	15,845	Puyjalon
P_10	43,969	28,847	15,122	Puyjalon
P_11	39,262	24,976	14,286	Puyjalon
P_12	41,050	30,191	10,859	Puyjalon
P_13	43,861	27,790	16,071	Puyjalon
P_14	39,094	24,203	14,891	Puyjalon
P_15	42,765	28,892	13,873	Puyjalon
P_16	36,317	27,394	8,923	Puyjalon
P_17	38,006	26,964	11,042	Puyjalon
P_18	32,504	18,528	13,976	Puyjalon
P_19	33,984	25,305	8,679	Puyjalon
P_20	44,618	30,235	14,383	Puyjalon
P_21	42,702	25,453	17,249	Puyjalon
P_22	36,267	24,450	11,817	Puyjalon
P_23	36,898	21,966	14,932	Puyjalon
P_24	43,885	23,381	20,504	Puyjalon
P_25	31,335	24,072	7,263	Puyjalon
P_26	39,960	23,104	16,856	Puyjalon
P_27	33,630	23,573	10,057	Puyjalon
P_28	42,886	26,414	16,472	Puyjalon
P_29	27,532	21,793	5,739	Puyjalon
P_30	33,124	23,462	9,662	Puyjalon
P_31	36,560	23,323	13,237	Puyjalon
P_32	34,914	22,599	12,315	Puyjalon
P_33	37,297	23,909	13,388	Puyjalon
P_34	39,812	25,848	13,964	Puyjalon
P_35	38,207	27,296	10,911	Puyjalon

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
P_37	44,304	24,559	19,745	Puyjalon
P_38	38,692	30,843	7,849	Puyjalon
P_39	42,205	24,520	17,685	Puyjalon
P_40	46,529	26,105	20,424	Puyjalon
P_41	38,234	23,328	14,906	Puyjalon
P_42	39,723	22,472	17,251	Puyjalon
P_43	38,790	23,960	14,830	Puyjalon
P_44	41,182	26,540	14,642	Puyjalon
P_45	41,928	24,526	17,402	Puyjalon
P_46	38,426	27,304	11,122	Puyjalon
P_47	36,795	22,373	14,422	Puyjalon
P_48	30,206	22,681	7,525	Puyjalon
P_49	39,489	22,100	17,389	Puyjalon
P_50	41,585	28,053	13,532	Puyjalon
P_51	40,592	24,271	16,321	Puyjalon
P_52	36,385	21,799	14,586	Puyjalon
P_53	40,705	24,907	15,798	Puyjalon
P_54	34,634	24,594	10,040	Puyjalon
P_55	43,972	25,176	18,796	Puyjalon
P_56	36,789	26,919	9,870	Puyjalon
P_57	38,847	23,208	15,639	Puyjalon
P_58	42,366	25,786	16,580	Puyjalon
P_59	32,720	21,754	10,966	Puyjalon
P_60	38,770	27,442	11,328	Puyjalon
P_61	42,764	22,267	20,497	Puyjalon
P_62	39,289	23,025	16,264	Puyjalon
P_63	44,901	27,196	17,705	Puyjalon
P_64	42,337	22,546	19,791	Puyjalon
P_65	41,906	23,771	18,135	Puyjalon
P_66	38,509	21,101	17,408	Puyjalon
P_67	37,457	24,366	13,091	Puyjalon
P_68	40,677	26,032	14,645	Puyjalon
P_69	55,107	25,512	29,595	Puyjalon
P_70	41,507	24,709	16,798	Puyjalon
P_71	35,545	24,596	10,949	Puyjalon
P_72	33,773	26,925	6,848	Puyjalon
P_73	34,830	21,239	13,591	Puyjalon
P_74	37,844	25,685	12,159	Puyjalon
P_75	47,017	27,047	19,970	Puyjalon
P_76	36,576	21,909	14,667	Puyjalon
P_77	38,478	24,921	13,557	Puyjalon
P_78	38,229	25,086	13,143	Puyjalon

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
P_79	41,747	27,186	14,561	Puyjalon
P_80	40,348	24,234	16,114	Puyjalon
P_81	41,918	22,068	19,850	Puyjalon
P_82	42,353	26,134	16,219	Puyjalon
P_83	34,629	21,714	12,915	Puyjalon
P_84	35,141	20,561	14,580	Puyjalon
P_85	44,907	25,429	19,478	Puyjalon
P_86	46,056	24,824	21,232	Puyjalon
P_87	39,17	24,681	14,489	Puyjalon
P_88	38,07	27,519	10,551	Puyjalon
P_89	48,074	31,317	16,757	Puyjalon
P_90	32,345	23,573	8,772	Puyjalon
P_91	47,705	27,755	19,950	Puyjalon
P_92	30,273	21,693	8,580	Puyjalon
P_93	39,43	24,699	14,731	Puyjalon
P_94	42,642	23,984	18,658	Puyjalon
P_95	39,836	23,986	15,850	Puyjalon
P_96	33,727	24,165	9,562	Puyjalon
P_97	46,828	24,974	21,854	Puyjalon
P_98	39,994	23,064	16,930	Puyjalon
P_99	30,497	23,323	7,174	Puyjalon
P_100	50,184	28,053	22,131	Puyjalon
P_101	42,513	23,434	19,079	Puyjalon
P_102	52,758	29,261	23,497	Puyjalon
P_103	45,895	25,371	20,524	Puyjalon
P_104	46,709	26,171	20,538	Puyjalon
P_105	41,132	26,132	15,000	Puyjalon
P_106	35,032	23,67	11,362	Puyjalon
P_107	43,997	25,948	18,049	Puyjalon
P_108	36,409	28,629	7,780	Puyjalon
P_109	36,528	25,66	10,868	Puyjalon
P_110	39,132	27,048	12,084	Puyjalon
P_111	41,857	25,662	16,195	Puyjalon
P_112	41,683	25,355	16,328	Puyjalon
P_113	35,081	22,678	12,403	Puyjalon
P_114	38,247	19,833	18,414	Puyjalon
P_115	42,693	24,664	18,029	Puyjalon
P_116	36,846	21,33	15,516	Puyjalon
P_117	40,403	26,602	13,801	Puyjalon
P_118	33,553	23,118	10,435	Puyjalon
P_119	30,055	20,066	9,989	Puyjalon
P_120	36,936	25,976	10,960	Puyjalon

Individu	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement
P_121	34,903	25,256	9,647	Puyjalon
P_122	49,899	27,719	22,180	Puyjalon
P_123	43,941	23,967	19,974	Puyjalon
P_124	33,216	23,01	10,206	Puyjalon
P_125	34,673	25,703	8,970	Puyjalon
P_126	40,115	24,68	15,435	Puyjalon
P_127	38,467	21,574	16,893	Puyjalon
P_128	42,704	27,895	14,809	Puyjalon
P_129	39,231	24,941	14,290	Puyjalon
P_130	35,628	24,98	10,648	Puyjalon
P_131	42,029	27,127	14,902	Puyjalon
P_132	32,67	23,035	9,635	Puyjalon
P_133	45,009	25,515	19,494	Puyjalon
P_134	36,265	23,507	12,758	Puyjalon
P_135	45,77	28,342	17,428	Puyjalon

Tableau 7. Assignment et valeurs de vraisemblance (Log10) des individus d'âge 0+ capturés à l'automne 2016 dans la rivière Romaine. Note : Les valeurs plus petites indiquent des vraisemblances plus élevées car cet indice représente la valeur absolue d'un logarithme négatif. Le paramètre *D* correspond à la différence des valeurs logarithmiques d'occurrence d'un génotype donné et indique la probabilité d'observer celui-ci dans la population à laquelle il a été assigné relativement à la seconde. Les individus en caractères gras n'ont pas été réassignés (NA) car la valeur du paramètre *D* est inférieure à 1. Pour le sexe, M équivaut à un mâle et F à une femelle.

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_1	M	35,290	47,311	12,021	Romaine	Na	Na
Rom_2	F	37,355	49,215	11,860	Romaine	Na	Na
Rom_3	F	36,147	46,900	10,753	Romaine	985120011324184	985120011326509
Rom_4	M	42,546	50,803	8,257	Romaine	Na	Na
Rom_5	M	33,398	44,191	10,793	Romaine	Na	Na
Rom_6	F	37,620	48,037	10,417	Romaine	Na	Na
Rom_7	F	37,516	47,251	9,735	Romaine	Na	Na
Rom_8	F	40,839	46,164	5,325	Romaine	Na	Na
Rom_9	F	33,702	45,990	12,288	Romaine	Na	Na
Rom_10	M	32,677	40,877	8,200	Romaine	Na	Na
Rom_11	M	38,259	44,950	6,691	Romaine	Na	Na
Rom_12	F	33,444	41,027	7,583	Romaine	Na	Na
Rom_13	F	39,187	47,441	8,254	Romaine	Na	Na
Rom_14	M	38,837	45,913	7,076	Romaine	985120009118819	985120011320598
Rom_15	F	40,483	47,384	6,901	Romaine	Na	Na
Rom_16	M	36,930	43,980	7,050	Romaine	Na	Na
Rom_17	F	34,000	41,992	7,992	Romaine	Na	Na
Rom_18	M	34,666	49,289	14,623	Romaine	Na	Na
Rom_19	F	33,601	46,322	12,721	Romaine	Na	Na
Rom_20	M	39,294	46,571	7,277	Romaine	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_21	M	35,811	44,325	8,514	Romaine	Na	Na
Rom_22	F	38,877	44,859	5,982	Romaine	Na	Na
Rom_23	M	35,622	45,016	9,394	Romaine	Na	Na
Rom_24	M	31,979	45,483	13,504	Romaine	Na	Na
Rom_25	M	33,289	42,701	9,412	Romaine	Na	Na
Rom_26	M	33,811	45,042	11,231	Romaine	Na	Na
Rom_27	M	33,527	44,330	10,803	Romaine	Na	Na
Rom_28	F	38,295	54,147	15,852	Romaine	Na	Na
Rom_29	M	36,003	51,119	15,116	Romaine	Na	Na
Rom_30	F	37,445	53,591	16,146	Romaine	Na	Na
Rom_31	F	36,053	46,306	10,253	Romaine	Na	Na
Rom_32	M	32,369	43,865	11,496	Romaine	Na	Na
Rom_33	M	34,754	41,397	6,643	Romaine	Na	Na
Rom_34	F	32,692	41,696	9,004	Romaine	Na	Na
Rom_35	F	36,088	43,924	7,836	Romaine	Na	Na
Rom_36	F	37,243	43,869	6,626	Romaine	Na	Na
Rom_37	F	36,974	50,568	13,594	Romaine	Na	Na
Rom_38	F	36,271	46,032	9,761	Romaine	Na	Na
Rom_39	F	40,433	50,033	9,600	Romaine	Na	Na
Rom_40	F	37,297	51,203	13,906	Romaine	Na	Na
Rom_41	M	41,675	53,222	11,547	Romaine	Na	Na
Rom_42	F	33,312	44,542	11,230	Romaine	Na	Na
Rom_43	M	37,439	41,759	4,320	Romaine	Na	Na
Rom_44	F	39,353	40,214	0,861	Romaine	Na	Na
Rom_45	M	35,063	43,980	8,917	Romaine	Na	Na
Rom_46	F	36,029	50,610	14,581	Romaine	Na	Na
Rom_47	M	32,581	44,285	11,704	Romaine	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_48	M	33,972	41,970	7,998	Romaine	Na	Na
Rom_49	M	34,905	49,438	14,533	Romaine	Na	Na
Rom_50	F	35,318	44,753	9,435	Romaine	426338386F	426738665C
Rom_51	M	33,872	43,533	9,661	Romaine	Na	Na
Rom_52	F	35,475	47,361	11,886	Romaine	Na	Na
Rom_53	F	36,236	51,060	14,824	Romaine	Na	Na
Rom_54	F	31,044	44,140	13,096	Romaine	Na	Na
Rom_55	M	38,880	45,796	6,916	Romaine	Na	Na
Rom_56	M	41,177	47,538	6,361	Romaine	Na	Na
Rom_57	F	49,615	53,397	3,782	Romaine	Na	Na
Rom_58	F	38,593	40,996	2,403	Romaine	Na	Na
Rom_59	F	35,066	44,351	9,285	Romaine	Na	Na
Rom_60	M	36,518	45,917	9,399	Romaine	Na	Na
Rom_61	M	36,002	41,365	5,363	Romaine	Na	Na
Rom_62	F	33,749	43,203	9,454	Romaine	Na	Na
Rom_63	F	34,251	47,277	13,026	Romaine	Na	Na
Rom_64	F	14,508	20,182	5,674	Romaine	Na	Na
Rom_65	F	38,619	46,180	7,561	Romaine	Na	Na
Rom_66	M	34,167	44,591	10,424	Romaine	Na	Na
Rom_67	F	39,897	53,046	13,149	Romaine	Na	Na
Rom_68	M	35,970	46,778	10,808	Romaine	Na	Na
Rom_69	F	40,495	47,556	7,061	Romaine	Na	Na
Rom_70	M	32,777	39,935	7,158	Romaine	Na	Na
Rom_71	F	40,876	45,619	4,743	Romaine	Na	Na
Rom_72	M	40,658	50,199	9,541	Romaine	Na	Na
Rom_73	M	36,304	43,265	6,961	Romaine	Na	Na
Rom_74	F	33,809	43,444	9,635	Romaine	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_75	F	39,646	50,420	10,774	Romaine	Na	Na
Rom_76	F	33,754	45,313	11,559	Romaine	Na	Na
Rom_77	M	38,089	53,058	14,969	Romaine	Na	Na
Rom_78	F	33,021	43,134	10,113	Romaine	Na	Na
Rom_79	F	33,518	44,506	10,988	Romaine	Na	Na
Rom_80	M	36,530	46,906	10,376	Romaine	Na	Na
Rom_81	F	36,143	41,860	5,717	Romaine	Na	Na
Rom_82	M	42,625	53,266	10,641	Romaine	Na	Na
Rom_501	M	38,501	54,595	16,094	Romaine	Na	Na
Rom_503	M	41,991	46,553	4,562	Romaine	Na	Na
Rom_576	M	35,957	42,514	6,557	Romaine	985120012217678	985120011320598

Tableau 8. Assignment et valeurs de vraisemblance (Log10) des individus d'âge 0+ capturés à l'automne 2016 dans la rivière Puyjalon. Note : Les valeurs plus petites indiquent des vraisemblances plus élevées car cet indice représente la valeur absolue d'un logarithme négatif. Le paramètre *D* correspond à la différence des valeurs logarithmiques d'occurrence d'un génotype donné et indique la probabilité d'observer celui-ci dans la population à laquelle il a été assigné relativement à la seconde. Les individus en caractères gras n'ont pas été réassignés (NA) car la valeur du paramètre *D* est inférieure à 1. Pour le sexe, M équivaut à un mâle et F à une femelle.

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Puy_1	F	49,407	33,738	15,669	Puyjalon	Na	Na
Puy_2	F	46,075	33,433	12,642	Puyjalon	Na	Na
Puy_3	F	52,799	36,172	16,627	Puyjalon	Na	Na
Puy_4	F	42,437	31,386	11,051	Puyjalon	Na	Na
Puy_5	F	46,018	32,980	13,038	Puyjalon	Na	Na
Puy_6	F	47,640	35,331	12,309	Puyjalon	Na	Na
Puy_7	M	49,050	36,587	12,463	Puyjalon	Na	Na
Puy_8	M	55,628	33,749	21,879	Puyjalon	Na	Na
Puy_9	F	49,932	35,767	14,165	Puyjalon	Na	Na
Puy_10	F	55,244	37,571	17,673	Puyjalon	Na	Na
Puy_11	M	53,085	34,149	18,936	Puyjalon	Na	Na
Puy_12	M	45,630	32,053	13,577	Puyjalon	Na	Na
Puy_13	M	49,221	34,970	14,251	Puyjalon	Na	Na
Puy_14	F	49,696	43,647	6,049	Puyjalon	985120011326170	3D6.0015A2D40D
Puy_15	F	44,812	36,950	7,862	Puyjalon	985120011434722	985120011368112
Puy_16	F	40,776	40,036	0,740	Na	Na	Na
Puy_17	M	50,603	41,686	8,917	Puyjalon	985120011326170	3D6.0015A2D40D
Puy_18	F	43,529	34,073	9,456	Puyjalon	Na	Na
Puy_19	M	48,347	34,496	13,851	Puyjalon	985120011366288	3D6.0015A807A7
Puy_20	F	44,449	33,774	10,675	Puyjalon	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Puy_21	F	45,448	33,901	11,547	Puyjalon	Na	Na
Puy_22	M	47,183	37,654	9,529	Puyjalon	Na	Na
Puy_23	F	47,794	33,763	14,031	Puyjalon	Na	Na
Puy_24	M	47,761	34,972	12,789	Puyjalon	Na	Na
Puy_25	M	53,087	34,021	19,066	Puyjalon	Na	Na
Puy_26	M	48,396	33,468	14,928	Puyjalon	Na	Na
Puy_27	M	49,886	34,742	15,144	Puyjalon	Na	Na
Puy_28	M	47,246	34,762	12,484	Puyjalon	Na	Na
Puy_29	M	55,037	36,859	18,178	Puyjalon	Na	Na
Puy_30	F	49,774	36,754	13,020	Puyjalon	Na	Na
Puy_31	M	52,602	37,875	14,727	Puyjalon	Na	Na
Puy_32	M	48,965	35,331	13,634	Puyjalon	Na	Na
Puy_33	F	51,216	47,460	3,756	Puyjalon	42657B2763	985120011368112
Puy_34	F	58,500	37,436	21,064	Puyjalon	Na	Na
Puy_35	F	54,813	38,977	15,836	Puyjalon	Na	Na
Puy_36	F	54,730	38,594	16,136	Puyjalon	Na	Na
Puy_37	F	52,113	33,339	18,774	Puyjalon	Na	Na
Puy_38	M	58,625	37,298	21,327	Puyjalon	Na	Na
Puy_39	M	49,049	35,575	13,474	Puyjalon	Na	Na
Puy_40	F	47,927	35,209	12,718	Puyjalon	Na	Na
Puy_41	M	50,835	34,395	16,440	Puyjalon	Na	Na
Puy_42	M	45,074	33,096	11,978	Puyjalon	Na	Na
Puy_43	F	53,276	37,690	15,586	Puyjalon	Na	Na
Puy_44	M	51,290	35,346	15,944	Puyjalon	Na	Na
Puy_45	M	44,920	34,830	10,090	Puyjalon	Na	Na
Puy_46	F	51,877	39,139	12,738	Puyjalon	Na	Na
Puy_47	F	47,871	36,094	11,777	Puyjalon	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Puy_48	F	43,757	32,514	11,243	Puyjalon	Na	Na
Puy_49	M	45,923	41,387	4,536	Puyjalon	Na	Na
Puy_50	M	49,566	34,704	14,862	Puyjalon	Na	Na
Puy_51	F	55,570	36,998	18,572	Puyjalon	Na	Na
Puy_52	F	51,614	35,419	16,195	Puyjalon	Na	Na
Puy_53	F	45,690	32,302	13,388	Puyjalon	Na	Na
Puy_54	F	46,853	36,965	9,888	Puyjalon	Na	Na
Puy_55	F	58,200	39,275	18,925	Puyjalon	Na	Na
Puy_56	M	50,606	35,858	14,748	Puyjalon	Na	Na
Puy_57	F	44,557	36,093	8,464	Puyjalon	Na	Na
Puy_58	M	45,880	35,416	10,464	Puyjalon	Na	Na
Puy_59	F	58,389	37,609	20,780	Puyjalon	Na	Na
Puy_60	M	50,520	36,530	13,990	Puyjalon	Na	Na
Puy_61	M	57,554	39,479	18,075	Puyjalon	Na	Na
Puy_62	M	46,319	40,058	6,261	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_63	M	47,092	35,047	12,045	Puyjalon	Na	Na
Puy_64	M	43,426	37,508	5,918	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_65	M	50,275	42,149	8,126	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_66	M	49,606	34,369	15,237	Puyjalon	Na	Na
Puy_67	M	46,495	43,706	2,789	Puyjalon	Na	Na
Puy_68	F	49,466	34,142	15,324	Puyjalon	Na	Na
Puy_69	M	41,506	34,947	6,559	Puyjalon	4263254D71	985120011325894
Puy_70	F	44,140	32,620	11,520	Puyjalon	Na	Na
Puy_71	F	51,817	35,717	16,100	Puyjalon	Na	Na
Puy_72	F	47,207	33,919	13,288	Puyjalon	Na	Na
Puy_73	M	46,461	33,581	12,880	Puyjalon	Na	Na
Puy_74	M	47,867	35,266	12,601	Puyjalon	Na	Na

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Puy_75	F	48,670	42,868	5,802	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_76	M	44,130	33,085	11,045	Puyjalon	Na	Na
Puy_77	M	44,827	32,360	12,467	Puyjalon	Na	Na
Puy_78	F	46,432	40,316	6,116	Puyjalon	Na	Na
Puy_79	M	45,268	40,253	5,015	Puyjalon	Na	Na
Puy_80	M	41,668	41,315	0,353	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_81	F	54,379	36,437	17,942	Puyjalon	Na	Na
Puy_82	F	51,123	38,107	13,016	Puyjalon	Na	Na
Puy_83	F	51,051	36,936	14,115	Puyjalon	Na	Na
Puy_84	M	46,401	36,318	10,083	Puyjalon	Na	Na
Puy_85	M	47,784	32,261	15,523	Puyjalon	Na	Na
Puy_86	M	47,424	38,709	8,715	Puyjalon	Na	Na
Puy_87	M	38,822	30,487	8,335	Puyjalon	Na	Na
Puy_88	M	52,522	39,369	13,153	Puyjalon	Na	Na
Puy_89	M	47,810	35,274	12,536	Puyjalon	Na	Na
Puy_90	M	48,578	36,856	11,722	Puyjalon	Na	Na
Puy_91	F	45,147	33,065	12,082	Puyjalon	Na	Na
Puy_92	F	49,184	36,576	12,608	Puyjalon	Na	Na
Puy_93	M	39,130	32,914	6,216	Puyjalon	Na	Na
Puy_94	M	47,887	43,405	4,482	Puyjalon	Na	Na
Puy_95	M	47,765	32,750	15,015	Puyjalon	Na	Na
Puy_96	M	44,944	35,733	9,211	Puyjalon	Na	Na
Puy_97	M	51,622	38,986	12,636	Puyjalon	Na	Na
Puy_98	M	49,274	40,387	8,887	Puyjalon	985120011326170	985120011325894
Puy_99	F	49,042	34,315	14,727	Puyjalon	Na	Na
Puy_100	F	39,532	29,477	10,055	Puyjalon	Na	Na

Tableau 9. Assignment et valeurs de vraisemblance (Log10) des tacons capturés à l’automne 2016 dans la rivière Romaine. Note : Les valeurs plus petites indiquent des vraisemblances plus élevées car cet indice représente la valeur absolue d’un logarithme négatif. Le paramètre *D* correspond à la différence des valeurs logarithmiques d’occurrence d’un génotype donné et indique la probabilité d’observer celui-ci dans la population à laquelle il a été assigné relativement à la seconde. Les individus en caractères gras n’ont pas été réassignés (NA) car la valeur du paramètre *D* est inférieure à 1. Pour le sexe, M équivaut à un mâle et F à une femelle.

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_504	F	37,701	54,370	16,669	Romaine	Na	Na
Rom_508	F	50,697	39,050	11,647	Puyjalon	3D6.0015A2CF07	3D6.0015AA16B8
Rom_514	F	46,936	50,628	3,692	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_515	M	44,010	43,357	0,653	Na	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_516	M	33,851	42,837	8,986	Romaine	Na	Na
Rom_517	F	46,647	41,518	5,129	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A809C8
Rom_518	M	49,114	55,258	6,144	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_519	M	42,406	39,986	2,420	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A809C8
Rom_520	M	33,247	28,647	4,600	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_521	F	46,533	38,100	8,433	Puyjalon	Na	Na
Rom_522	M	44,957	39,057	5,900	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A809C8
Rom_527	M	43,544	45,385	1,841	Romaine	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_528	M	41,179	37,853	3,326	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_529	M	39,817	49,183	9,366	Romaine	Na	Na
Rom_530	F	53,279	44,824	8,455	Puyjalon	3D6.0015A2CF07	3D6.0015AA16B8
Rom_533	F	44,768	33,919	10,849	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A2CD63
Rom_534	F	38,517	43,281	4,764	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_536	M	49,397	33,484	15,913	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A2CD63
Rom_545	F	38,875	42,420	3,545	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_546	M	45,895	47,563	1,668	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8

Individu	Sexe	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Romaine	Log10 des valeurs de vraisemblance pour Puyjalon	<i>D</i>	Reclassement	Mâle	Femelle
Rom_547	M	45,118	38,567	6,551	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A809C8
Rom_548	M	42,675	41,081	1,594	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_550	M	49,124	40,483	8,641	Puyjalon	3D6.0015A7F5DD	3D6.0015A80897
Rom_569	F	45,738	46,991	1,253	Romaine	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_570	F	45,633	33,870	11,763	Puyjalon	3D6.0015A80A29	3D6.0015A80897
Rom_571	M	52,097	46,820	5,277	Puyjalon	3D6.0015A807A7	3D6.0015A809C8
Rom_572	F	44,960	43,305	1,655	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A809C8
Rom_606	F	44,428	41,203	3,225	Puyjalon	Na	Na
Rom_609	M	43,864	49,165	5,301	Romaine	Na	Na
Rom_616	F	38,609	53,584	14,975	Romaine	Na	Na
Rom_665	M	51,168	37,371	13,797	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A80897
Rom_689	F	43,131	38,131	5,000	Puyjalon	3D6.0015A807A9	3D6.0015A80850
Rom_690	M	39,238	45,924	6,686	Romaine	Na	Na
Rom_691	M	37,667	50,630	12,963	Romaine	Na	Na