

Méta-analyse génétique des populations de truites de Corse

Rapport CORS2016



Lac de Ninu © FD20

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**

ISEM, Université de Montpellier, cc065, place Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 05

Tél: 04 67 14 37 32, Mél: patrick.berrebi@umontpellier.fr

Analyses moléculaires: **David SCHIKORSKI**

Laboratoire Genindexe, 4 Rue Théodore Botrel, 22603 Loudéac Cedex

Tél: 02 96 28 63 43, Mél: d.schikorski@genindexe.com

1. Introduction

Une méta-analyse est une mise en commun de nombreux travaux dans une synthèse statistique, l'objectif étant d'obtenir des résultats nouveaux (synergétiques) grâce à la confrontation des données anciennes. Le présent rapport est la méta-analyse génétique de tous les échantillons de truites de Corse géotypés avec au moins 6 marqueurs microsatellites.

En réalité, l'analyse génétique des truites corses, basées sur les allozymes (1993-2002), les microsatellites (2004-2016) et l'ADN mitochondrial (2012-2014) a généré 43 rapports (voir Annexe 6.1.) traitant de 177 échantillons et un total de 3539 truites. Mais pour utiliser ces analyses dans la même méta-analyse, il faut que les marqueurs soient les mêmes. Ceci explique le nombre relativement limité des échantillons impliqués ici.

2. Méthodes

2.1. Echantillonnage en fonction des marqueurs

Les truites ont été analysées par microsatellites selon deux listes de 6 marqueurs: avec une première liste (1) de marqueurs qui avaient été choisis pour la Corse seulement, puis avec une liste standard (2) permettant la comparaison avec toutes les truites analysées à l'ISEM:

- (1) Oneμ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, **Sfo1** jusqu'à 2012 puis
- (2) Oneμ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, **SSoSI438** depuis 2012.

Certaines ont été analysées sur 12 microsatellites pour des projets nationaux. Parmi ces 12 marqueurs, la liste (3) combine les listes (1) et (2):

- (3) Oneμ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, **SSoSI438**, **Sfo1** soit 7 marqueurs.

Seuls 51 échantillons (Tableau 1 et Figure 1) pour un total de 1018 truites remplissent les contraintes de cette méta-analyse (6 marqueurs microsatellites au moins, un géotype manquant au maximum). Au niveau de la méta-analyse, sur les 51 échantillons, 26 ont été analysés dans la configuration (1), 11 de configuration (2) et 14 cumulent les 7 marqueurs (configuration (3) pour des échantillons impliqués dans le projet Gentrutta ou destinés à des publications de génétique ou de morphologie: ils ont été analysés sur 12 marqueurs).

Tout en maintenant la tolérance d'une seule donnée manquante sur les 7 microsatellites, plusieurs essais (non montrés ici) ont comparé un jeu de donnée de type 1, de type 2 ou de type 3. L'impact du marqueur absent pour les échantillons de type 1 et 2 n'apportait pas de déformation importante dans les analyses multidimensionnelles.

Les 51 échantillons ont donc été traités sur 7 microsatellites.

La liste des 51 échantillons retenus ainsi que leur position géographique sont données au Tableau 1 et à la Figure 1.

Carte	Rivière	Bassin	Année	Rapports	Nombre	LIFE	OEC	Echantillon	Individus
1	U Furcone	Luri	2011	GT2014+OEC2011+CORSMT1+TYRRH	20		OEC23	L395	T19942-T19961
2	Capia Muratu	Bevincu	2015	OEC2015	20		OEC43	L562	T28429-T28448
3	Pratelle	Golu	2014	OEC2014+GOLU2014	21		OEC39	L598	T26709-T26729
4	Golu (amont Albertacce)	Golu	1996	CORS06+CORSTEST+CORSMT1+Manon14+GOLU2014	35			F128	T03083-T03117
5	Manica (aval)	Golu	2011	OEC2011+GOLU2014	20		OEC21	L393	T19902-T19921
6	Tassineta (aval)	Golu	2012	GT2014+OEC2012+CORSMT2+TYRRH+Manon14+GOLU2014	19		OEC27	L513	T23311-T23329
7	Ochju (Salicetu)	Golu	2013	OEC2013+GOLU2014	20		OEC30	L138	T25152-T25171
8	Casella (Salicetu)	Golu	2013	OEC2013	21		OEC29	L061	T25131-T25151
9	Ultimi	Chebbia	2012	OEC2012	20		OEC24	L510	T23250-T23269
10	Ninu (lac)	Tavignanu	2011	OEC2011+CORSMT1+Manon14+GOLU2014	20		OEC19	L391	T19862-T19881
11	Agnone	Tavignanu	2013	OEC2013	22		OEC33	L237	T25212-T25233
12	Speloncellu (Puzzatelli aval)	Tavignanu	2013	GT2014+CORSPUZ+TYRRH	20			L247	T23192-T23211
13	Pozzi di Marmanu	FiumOrbu	2004	GT2014+LIFE01+LIFE07+CORSMT2+TYRRH+Manon14	20	LIF14		F320	T08274-T08293
14	Marmanu (pont)	FiumOrbu	2006	LIFE08+CORSMT1+Manon14	20	LIF41		L037	T09212-T09231
15	Marmanu (aval)	FiumOrbu	2004	LIFE01+LIFE07	20	LIF11		F317	T08214-T08233
16	Albarelli	FiumOrbu	2014	OEC2014	20		OEC35	L594	T26626-T26645
17	I Pincioni	FiumOrbu	2013	OEC2013	20		OEC31	L211	T25172-T25191
18	Acqua d'Acelli	Travu	2013	GT2014+OEC2013+TYRRH	20		OEC32	L230	T25192-T25211
19	Luana	Travu	2004	LIFE03+LIFE07	19	LIF18		F306	T07995-T08013
20	Asinao (Travu)	Travu	2012	OEC2012	21		OEC25	L511	T23270-T23290
21	Vitalbetu	Stabiacciu	2014	OEC2014	19		OEC37	L596	T26668-T26686
22	Valdu alle Grotte	Reginu	2014	OEC2014	22		OEC38	L597	T26687-T26708
23	Maghjine	Fangu	2012	GT2014+OEC2012+CORSMT2+TYRRH+Manon14	21		OEC28	L514	T23330-T23350
24	Cavichja (amont)	Fangu	2006	LIFE09	20	LIF50		L067	T10119-T10138
25	Forca i Tassi	Portu	2010	OEC2010+CORSMT1	20		OEC17	L338	T18584-T18603
26	Belle Bone	Liamone	2009	OEC2009+CORSMT1+Manon14	20		OEC02	L200	T15388-T15407
27	Agnellu	Liscia	2011	OEC2011	20		OEC20	L392	T19882-T19901
28	Castagnu	Gravona	2012	OEC2012	20		OEC26	L512	T23291-T23310
29	affluent Pruniccia	Gravona	2014	OEC2014	21		OEC34	L593	T26605-T26625
30	Fraschetu (Pentica)	Gravona	2015	OEC2015	20		OEC40	L559	T28369-T28388
31	Tacchione (Veru)	Gravona	2015	OEC2015	20		OEC42	L561	T28409-T28428
32	Tassi (Peri)	Gravona	2015	OEC2015	20		OEC41	L560	T28389-T28408
33	Val d'Ese (station de ski) (LIF03)	Prunelli	2004	GT2014+LIFE01+LIFE07+CORSMT1+Manon14+TYRRH	20	LIF03		F309	T08054-T08073
34	Val d'Ese (LIF39)	Prunelli	2006	LIFE08	20	LIF39		L035	T09172-T09191
35	Val d'Ese (amont 1)	Prunelli	2007	LIFE10	20	LIF55		L080	T10607-T10626
36	Val d'Ese (amont 2)	Prunelli	2006	LIFE09	20	LIF51		L068	T10139-T10158
37	Val d'Ese (aval)	Prunelli	2006	LIFE08	20	LIF40		L036	T09192-T09211
38	Sant'Antone (chapelle)	Taravu	2004	LIFE01+LIFE07	20	LIF02		F308	T08034-T08053
39	Uccialinu	Taravu	2004	LIFE01+LIFE07+CORSMT1+Manon14	19	LIF01		F307	T08014-T08032
40	Sant'Antone (aval cascade MF)	Taravu	2006	LIFE08	12	LIF47		L043	T09331-T09342
41	Veraculungu (amont 1 Cuscione)	Taravu	1996	CORS06	22			F129	T03118-T03139
42	Veraculungu (amont 2 Cuscione) (LIF06)	Taravu	2004	LIFE01+LIFE07+CORSMT1+Manon14	20	LIF06		F312	T08114-T08133
43	Padulelli	Taravu	2011	OEC2011	20		OEC22	L394	T19922-T19941
44	Veraculungu (aval - Partuso)	Taravu	2006	LIFE08	20	LIF34		L011	T07662-T07681
45	Fiumicellu (Chjuva-Frassetu amont)	Taravu	1994	CORS03+BFPP97P	30			F092	T02273-T02302
46	Asinao (ravin de Crivisca)	Rizzanese	2006	LIFE08	20	LIF33		L010	T07642-T07661
47	Asinao (ravin de Crivisca)	Rizzanese	2007	CORS04	60			L083	T10648-T10707
48	Chjuvone (amont)	Rizzanese	2011	CORS2L1	20			L387	T19802-T19821
49	Ortolu	Ortolu	1996	CORS04+CORSTEST	20			F160	T03800-T03819
50	Lataga	Ortolu	2010	GT2014+OEC2010+CORSMT2+TYRRH	20		OEC18	L339	T18604-T18623
51	Vivaggiu	Canella	2014	OEC2014	22		OEC36	L595	T26646-T26667

Tableau 1: Liste des 51 échantillons pris en compte dans ce rapport.

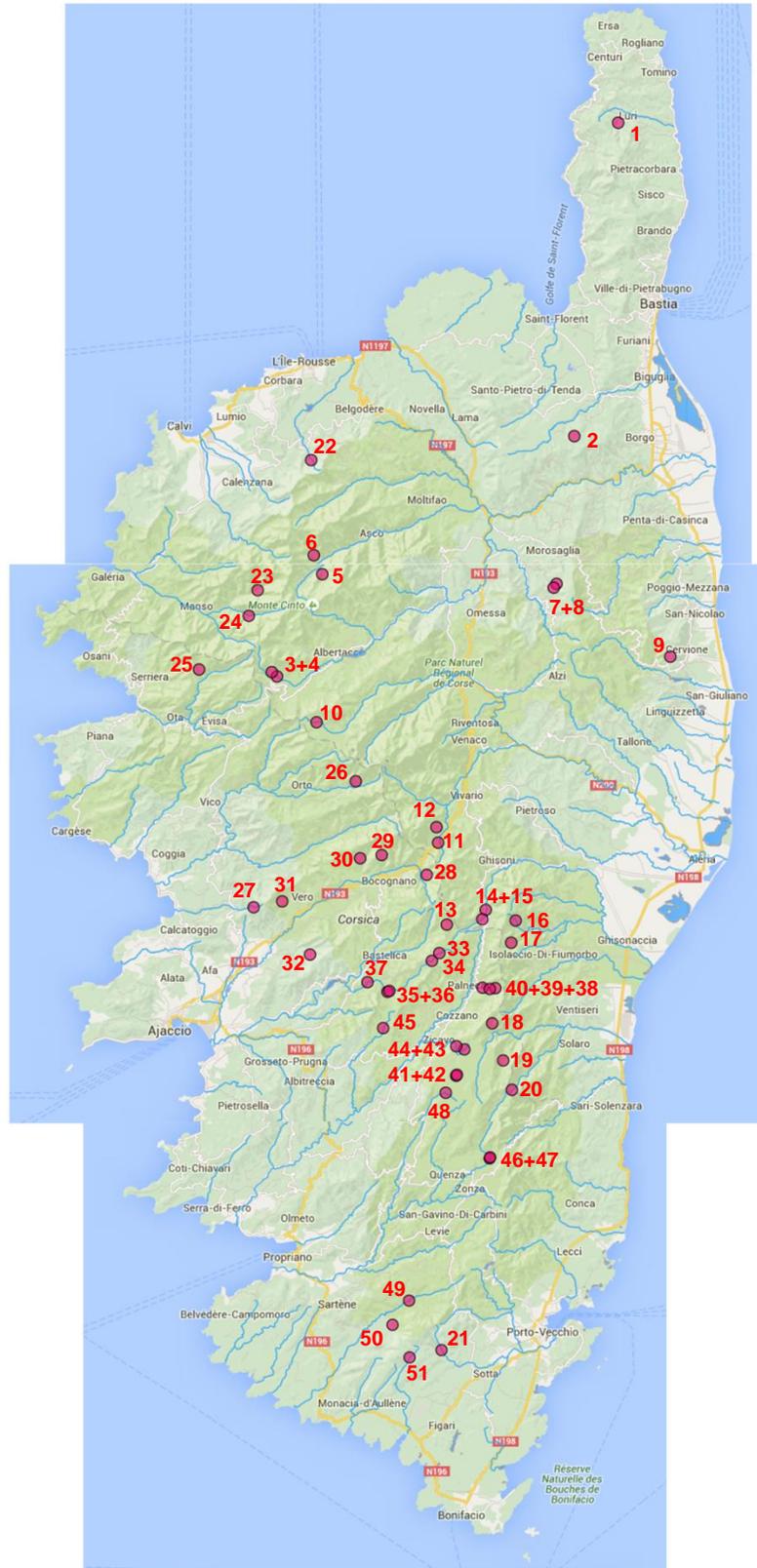


Figure 1: Distribution géographique des 51 stations faisant l'objet de la méta-analyse CORS2016. Les numéros des stations sont ceux de la première colonne du tableau 1.

2.2. Analyses moléculaires

Les techniques bio-moléculaires permettent d'extraire l'ADN contenu dans les nageoires. Par amplification et migration, sont révélés les variants héréditaires (allèles) portés par chaque truite au niveau d'endroits bien particuliers des chromosomes (les locus). Les allèles des 7 microsatellites choisis constituent les génotypes des truites.

Les génotypages sont assurés par Genindexe, laboratoire privé. Les résultats sont donnés sous la forme d'une matrice croisant locus et truites et indiquant un génotype à deux allèles à chaque intersection (un allèle du père et un allèle de la mère du poisson). Cette matrice de génotypes est le point de départ de toutes les analyses statistiques détaillées aux chapitres suivants.

2.3. Analyses statistiques

Il existe une multitude de méthodes statistiques permettant de faire parler la matrice de génotypes. Les méthodes choisies ici sont d'une part efficaces et très utilisées en génétique des populations, et d'autre part visuelle pour que le lecteur non spécialiste puisse suivre les résultats et le raisonnement.

- *L'analyse multidimensionnelle* permet de positionner sur un graphique chaque truite en fonction de l'ensemble de ses caractéristiques génétiques (génotypes). La méthode choisie est l'Analyse Factorielle des Correspondance (AFC) traitée avec le logiciel GENETIX.

Compte tenu du grand nombre de truites (plus de 1000), seuls les centres de gravité de chaque échantillon est représenté (donc graphiques de 51 points).

Les regroupements de points sur le graphique, appelés "nuages", décrivent les différentes lignées présentes dans l'échantillonnage global. Cette méthode est considérée comme un débroussaillage des données moléculaires permettant de comprendre rapidement quelles sont les lignées en présence et leur éventuelle hybridation.

- *L'analyse d'assignation* permet de découper l'échantillonnage global en sous-groupes qui sont les lignées présentes. Cette méthode plus délicate d'emploi a l'avantage de chiffrer (%) la composition de chaque échantillon en différentes lignées. Elle permet aussi de décrire la composition en lignées de chaque truite quand il y a hybridation. L'analyse d'assignation est traitée avec le logiciel STRUCTURE. Le nombre objectif de sous-unités est suggéré par le logiciel STRUCTURE HARVESTER, mais les autres découpages sont aussi étudiés. L'instabilité des résultats a nécessité l'utilisation d'un logiciel capable de produire une assignation moyenne sur plusieurs tirages: il s'agit de CLUMP.

- *La construction d'arbres de distances génétiques* a été rendue nécessaire ici à cause de l'inefficacité de l'analyse d'assignation. La cause en est probablement un manque de données pour l'assignation. La distance génétique choisie est celle de Reynolds dérivée du paramètre F_{st} et calculée par GENETIX. La construction de l'arbre a été confiée aux logiciels PHYLIP et TREEVIEW selon le modèle de construction du Neighbor Joining.

3. Résultats

3.1. Analyse multidimensionnelles

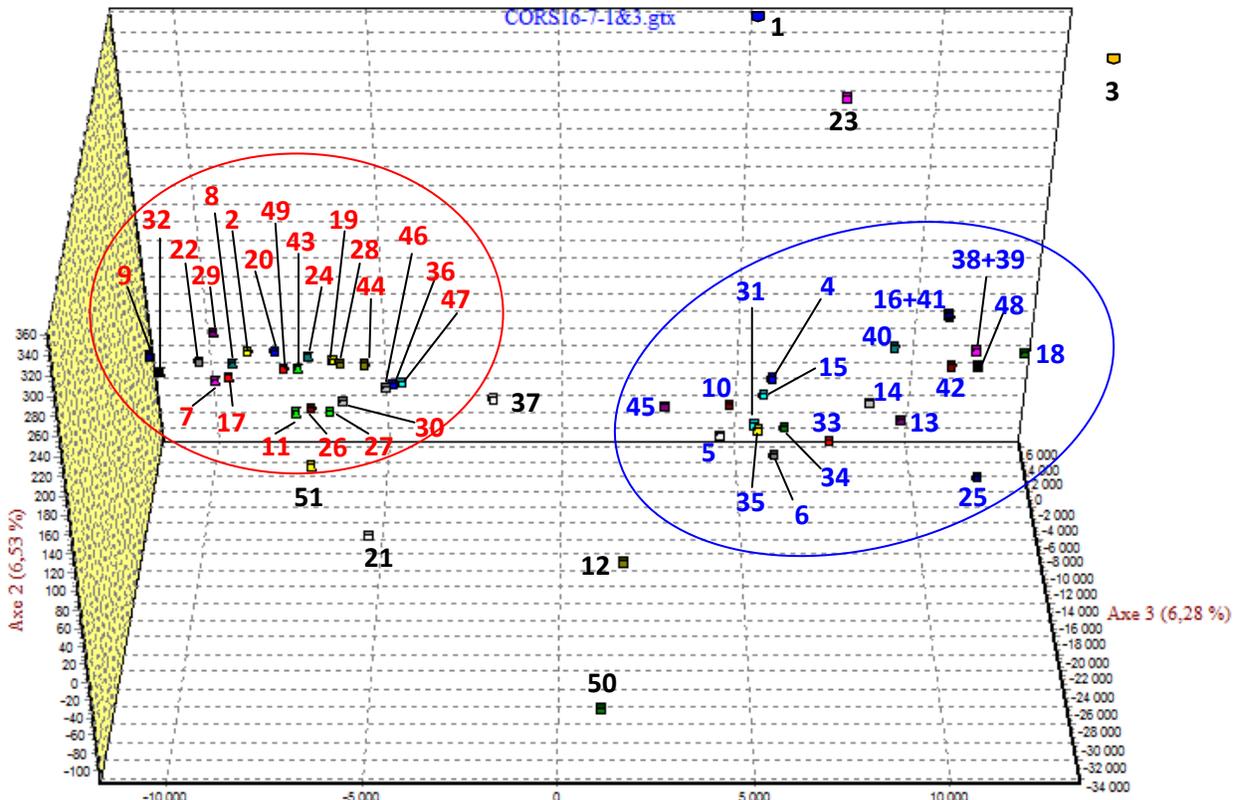


Figure 2: Analyse multidimensionnelles des centres de gravité des 51 échantillons retenus. Les chiffres rapportent à la première colonne du Tableau 1.

Une nette subdivision entre échantillons essentiellement domestiques atlantiques (en rouge) et sauvages (lignée adriatique et méditerranéenne, en bleu) ne laisse que quelques échantillons non classés.

La Figure 2 montre clairement un nuage de points à gauche (en rouge) groupé autour d'échantillons déjà connus pour être essentiellement domestiques atlantiques. La présence de truites hybrides ou mêmes sauvages est détaillée dans l'analyse d'assignation. Un autre regroupement de truites sauvages (en bleu) ne distingue pas les populations adriatiques (= corses ancestrales) des populations méditerranéennes. Plusieurs échantillons se trouvent excentrés ou en position plus ou moins intermédiaire entre les deux nuages. La compréhension de ces cas particuliers est repoussée au chapitre suivant décrivant les résultats d'assignation.

3.2. Analyse d'assignation

Cette analyse, délicate d'utilisation, a été appliquée à la partition $K=7$ (Annexe 1) afin de trouver les principales lignées de Corse.

N°	Golu	Taravu	Corse a	Corse b	Corse c	Fium Orbu / Prunelli	atlantique	bassin
1	19	1	37	1	38	0	5	Luri
2	0	2	0	2	19	0	75	Bevinco
3	59	0	0	0	20	20	0	Golu
4	38	8	32	2	19	1	1	Golu
5	1	1	97	0	0	1	0	Golu
6	1	61	20	0	18	1	0	Golu
7	1	0	0	39	1	1	59	Golu
8	0	0	1	5	1	1	92	Golu
9	1	0	0	38	20	0	41	Chebbia
10	55	1	40	1	1	1	1	Tavignanu
11	1	0	7	32	2	1	58	Tavignanu
12	1	0	59	38	1	0	0	Tavignanu
13	0	2	0	0	0	97	0	Fium'Orbu
14	1	1	0	0	1	96	0	Fium'Orbu
15	1	3	2	3	1	74	15	Fium'Orbu
16	1	59	0	0	39	0	0	Fium'Orbu
17	0	0	0	5	1	1	92	Fium'Orbu
18	0	98	0	0	0	0	0	Travu
19	2	2	2	6	18	4	67	Travu
20	1	1	1	10	2	1	84	Travu
21	0	0	14	57	17	1	11	Stabiacciu
22	1	2	1	1	14	1	81	Reginu
23	0	20	0	0	59	20	1	Fangu
24	1	2	1	3	9	2	82	Fangu
25	39	1	17	0	0	42	0	Portu
26	1	1	1	38	20	1	37	Liamone
27	1	0	1	73	8	2	14	Liscia
28	1	1	16	1	1	1	80	Gravona
29	0	0	0	0	1	0	97	Gravona
30	2	0	10	41	19	0	27	Gravona
31	20	1	58	0	20	1	0	Gravona
32	0	0	1	2	17	0	79	Gravona
33	1	0	0	1	0	97	0	Prunelli
34	0	0	0	0	0	98	0	Prunelli
35	0	0	0	0	0	97	1	Prunelli
36	1	0	2	3	1	17	75	Prunelli
37	1	0	9	6	2	33	50	Prunelli
38	20	59	0	0	20	1	0	Taravu
39	20	59	0	0	20	1	0	Taravu
40	19	55	1	2	19	1	4	Taravu
41	1	95	1	0	2	1	0	Taravu
42	1	97	0	0	0	1	0	Taravu
43	1	1	1	4	4	1	87	Taravu
44	1	10	1	3	2	1	82	Taravu
45	1	2	85	1	1	2	8	Taravu
46	15	1	1	50	2	1	30	Rizzanese
47	16	1	2	48	3	1	30	Rizzanese
48	1	94	0	2	1	1	2	Rizzanese
49	1	1	1	4	3	1	90	Ortolu
50	59	0	20	0	1	20	0	Ortolu
51	5	1	5	80	1	3	6	Canella

Figure 3: Histogramme de l'analyse d'assignation et pourcentages moyens obtenus par CLUMP.

Le choix de la partition donnant le meilleur nombre de lignées et les pourcentages est à la fois le résultat de l'aide à la décision (Annexe 1) et de la signification biologique des partitions. Il

est facile de reconnaître que $K=2$ sépare les truites atlantiques domestiques des autres, il est plus compliqué de comprendre les partitions ultérieures.

Une étape intermédiaire complexe est nécessaire parce que les 5 tests effectués pour $k=7$ donnent des résultats différents. C'est caractéristique d'un grand nombre de lignées isolées depuis longtemps: leurs points communs ont été perdus avec le temps et leur classement relatif est difficile; en d'autres termes, avec une divergence donnant des lignées quasi-équidistantes, il est difficile de les regrouper par ressemblance. Une assignation consensus a été obtenue avec le logiciel CLUMP, faisant la moyenne entre les 5 tests.

La Figure 3 présente à gauche un histogramme du test qui est le plus proche des valeurs moyennes calculées par CLUMP qui a produit le tableau des valeurs moyennes. Il y a quelques différences entre le test choisi et les valeurs moyennes, ce qui est normal. Ces représentations donnent l'assignation de chaque truite (il y en a 1018) à chacune des 7 lignées reconnues.

3.3. Arbre des distances

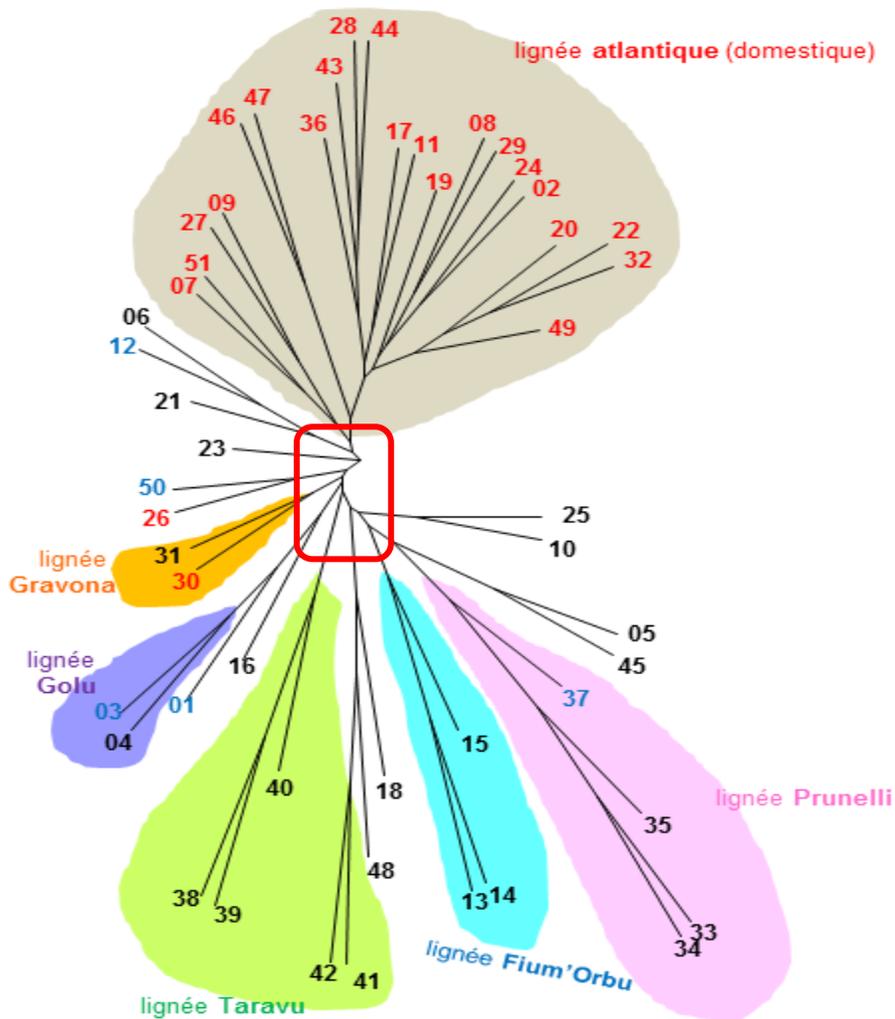


Figure 4: Arbre des distances génétiques. Le rectangle rouge central représente la topologie profonde de l'arbre, les ramifications dans les zones colorées représentent la topologie distale de l'arbre (une autre représentation du même arbre est donnée en Annexe).

Les distances génétiques sont une mesure quantitative de ce qui diffère entre deux échantillons. La construction d'un arbre permet de visualiser et d'ordonner ces différences. L'arbre NJ donné en Figure 4 permet de reconnaître quelques regroupements de stations par bassin hydrographique et de séparer truites sauvages et domestiques. Un tiers des échantillons (27%) ne sont pas bien classés.

4. Interprétation et discussion

La méta-analyse entreprise sur les 51 échantillons de truites de Corse génotypées sur les mêmes marqueurs microsatellites (à un près) s'est avérée une entreprise difficile qui rappelle celle du projet Genetrutta. Il a été montré que plus une analyse génétique comprend de diversité, plus il faut d'information et donc de marqueurs microsatellites.

Le rapport GT2015 de Genetrutta a reproduit une figure bien connue montrant que la diversité entre les échantillons de Corses était plus grande qu'entre échantillons de toute la France continentale (Figure 5).

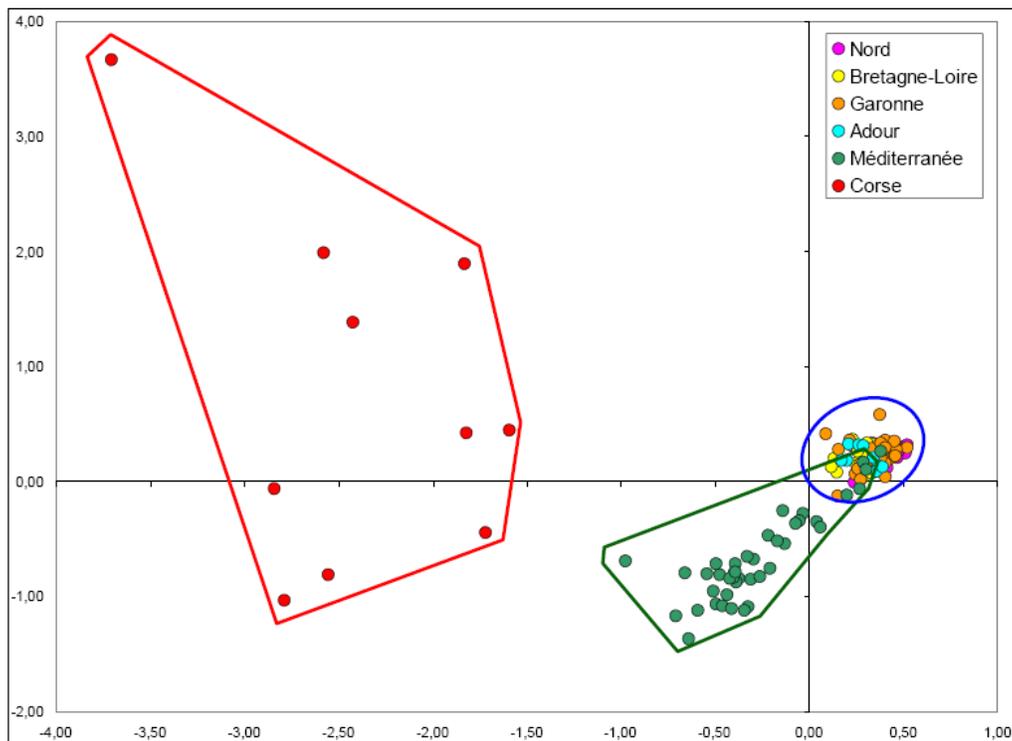


Figure 5 : Cette analyse multidimensionnelle positionne les centres de gravité des 151 échantillons naturels analysés dans le rapport GT2015 de Genetrutta. **Polygone rouge** truites méditerranéennes et adriatiques de Corse (10 échantillons), **polygone vert** = truites méditerranéennes continentales (41), **ellipse bleue**= truites sauvages atlantiques (100).

On peut en déduire que l'analyse des truites de Corse demanderait plus d'information que l'analyse des truites nationales; or nous travaillons ici avec 6 (ou 7) microsatellites, alors que Genetrutta en utilise 12.

La conséquence de ce manque attendu d'information est une mauvaise performance de l'analyse d'assignation. Cette analyse est basée sur plusieurs essais (runs) de la même procédure (ici 5) qui devraient donner des résultats comparables. Les contradictions entre chacun des runs a nécessité l'emploi d'une méthode de calcul de moyenne spécialement adaptée, par le logiciel CLUMP. Tout ceci démontre une certaine incapacité de proposer de bonnes assignations avec ce jeu de données: la Figure 3 montre de fortes incohérences avec la logique hydrographique.

Les analyses plus quantitatives (analyse multidimensionnelle et arbre de distances génétiques) se sont montrées bien plus performantes:

- l'AFC de la Figure 2 découpe bien les échantillons en deux grands groupes (domestiques et sauvages), avec d'autres échantillons dispersés correspondant soit à des populations hybridées (l'échantillon n°37, Val d'Ese station aval, comprends près de 60% de formes domestiques), soit de composition génétique atypique (l'échantillon n°1, U Furcone, a toujours montré sa particularité dans les rapports déjà publiés).

- L'arbre de distances génétiques (Figure 3) a pour rôle de regrouper les échantillons qui se ressemblent génétiquement, comme le fait l'AFC, mais en détaillant les liens hiérarchiques. Par cette méthode, il a été possible de reconnaître les groupes de stations des fleuves Prunelli, Fium'Orbu, Taravu, Golu et Gravona. Les échantillons contenant des truites domestiques en majorité sont aussi regroupés en haut de l'arbre. Là encore, la qualité peut être qualifiée de moyenne: la topographie centrale (rectangle rouge de la Figure 3) présente des branches très courtes, donc peu sûres, par rapport aux branches distales, très longues.

Un des intérêts de cette méta-analyse est la mise à l'épreuve de résultats obtenus dans des projets passé, réunissant chacun un petit nombre d'échantillons à la fois. Une méta-analyse réunissant un grand nombre d'échantillons de la plupart des fleuves corses est plus fiable que les analyses partielles.

En exploitant la Figure 2 qui sépare clairement les truites sauvages des domestiques, il est intéressant de rechercher des classements qui ne correspondent pas aux analyses partielles passées.

Un seul cas est litigieux, considéré comme sauvage jusqu'à présent, serait en fait domestique: c'est celui de Belle Bone (n°26 de la méta-analyse), donné comme presque entièrement corse (96%) dans le rapport OEC2009 (voir Annexe 6.1.1) alors qu'il est centré dans la zone domestique de la Figure 2, 1/3 domestique 2/3 sauvage en analyse d'assignation à la Figure 3 et en zone intermédiaire dans la Figure 4.

En conclusion, les résultats obtenus par cette méta-analyse sont médiocres. Ils n'ont quasiment pas permis de retrouver la cohésion génétique attendue entre échantillons d'un même bassin hydrographique (mais existe-t-elle?), ils n'ont pas permis de séparer les truites de type corse et de type méditerranéen (mais cette différence existe-t-elle?).

Deux explications peuvent être proposées pour ce résultat mitigé:

- soit les données génétiques sont insuffisantes pour aboutir à la finesse recherchée des classements des échantillons, mais le même phénomène a été observé dans certaines régions de France dans l'étude nationale Genetrutta;

- soit la hiérarchie entre échantillons a été perdue: une explication est nécessaire.

Dès que deux parties d'une même population est divisée en deux (amont-aval d'une cascade, deux fleuves qui se séparent...), leur génétique diverge par dérive et sélection. Le plus souvent, la quantité de différence accumulée est proportionnelle au temps d'isolement. La hiérarchie attendue entre échantillons, qui rendra cohérente une analyse comme l'assignation par exemple, décrira

donc logiquement la première séparation ancienne entre fleuves, puis la séparation plus récente entre amont et aval ou entre affluents. Cependant un autre paramètre intervient: si les dates d'isolement entre fleuves et à l'intérieur des fleuves sont presque les mêmes, il y aura presque autant de divergence entre affluents isolés qu'entre fleuves, et nos analyses paraîtront inefficaces. Pour que cela se passe, il faudrait que par exemple un réchauffement climatique qui provoque (i) une montée des eaux (isolement de deux fleuves qui étaient des affluents juste avant), (ii) un changement de comportement des truites qui n'utilisent plus la mer pour changer de fleuve et (iii) des cassures de terrain dues aux compensation orogéniques suivant la fonte des glaciers.

D'autres travaux de reconstitution géologique, de datation de l'isolement des populations et de comportement des truites en fonction du climat seront nécessaire pour tester ce type d'hypothèse.

Fait à Montpellier le 28 juillet 2016

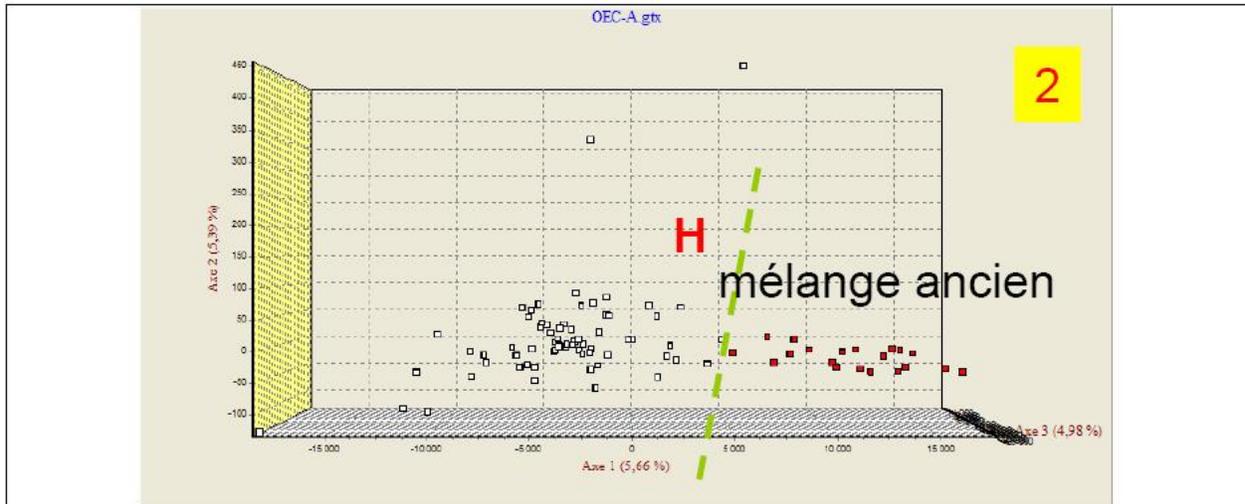
5. Littérature citée

Berrebi P., Cherbonnel C., Muracciole S., Recorbet B. 2009. Rapport intermédiaire OEC1 (3 décembre 2009) - Etude génétique de 18 échantillons 20 truites de Corse sur 4 marqueurs microsatellites. *Université Montpellier 2*. ([OEC2009](#))

Berrebi P, Schikorski D. 2016. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA Rapport final 3/3 de janvier 2016. *Rapport d'étude final pour la FNPF, Université de Montpellier*. 18p. ([GT2015](#))

6. Annexes

6.1. L'échantillon Belle Bone. Le

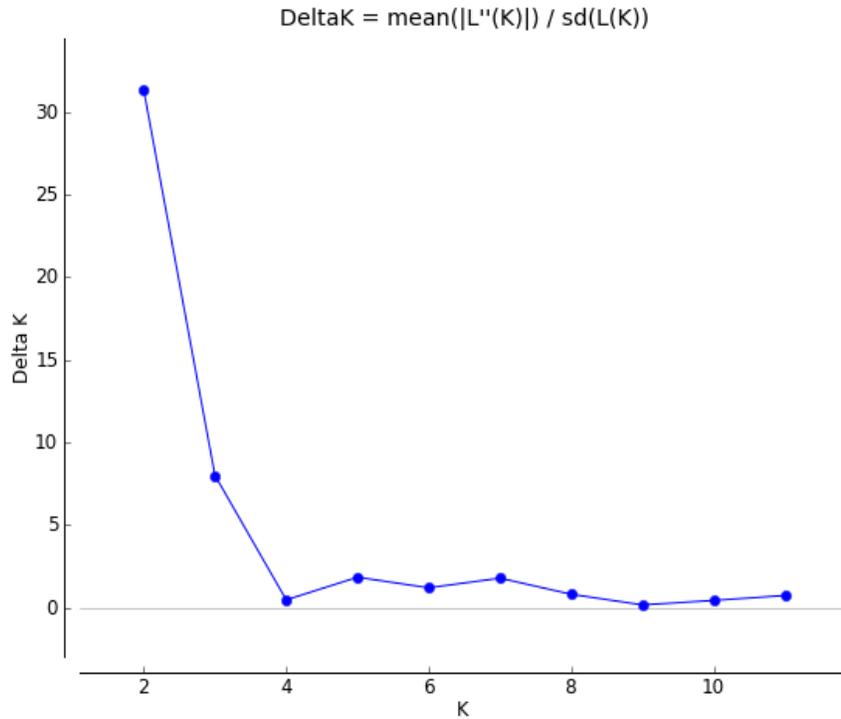


- OEC2 (Belle Bone, Fiume Grossu, 10/07/2009) est **hybridée avec 5% de formes domestiques** entre les lignées corse et atlantique, ce qui a été confirmé (après la pêche bien sûr) par les gens du village qui avaient aleviné il y a quelques années. Bien que le phénotype semblait domestique, la part sauvage est importante. Toutefois, ces estimations devront être confirmées lors de l'analyse globale des 18 échantillons prévus, du fait de contradictions entre méthodes statistiques.



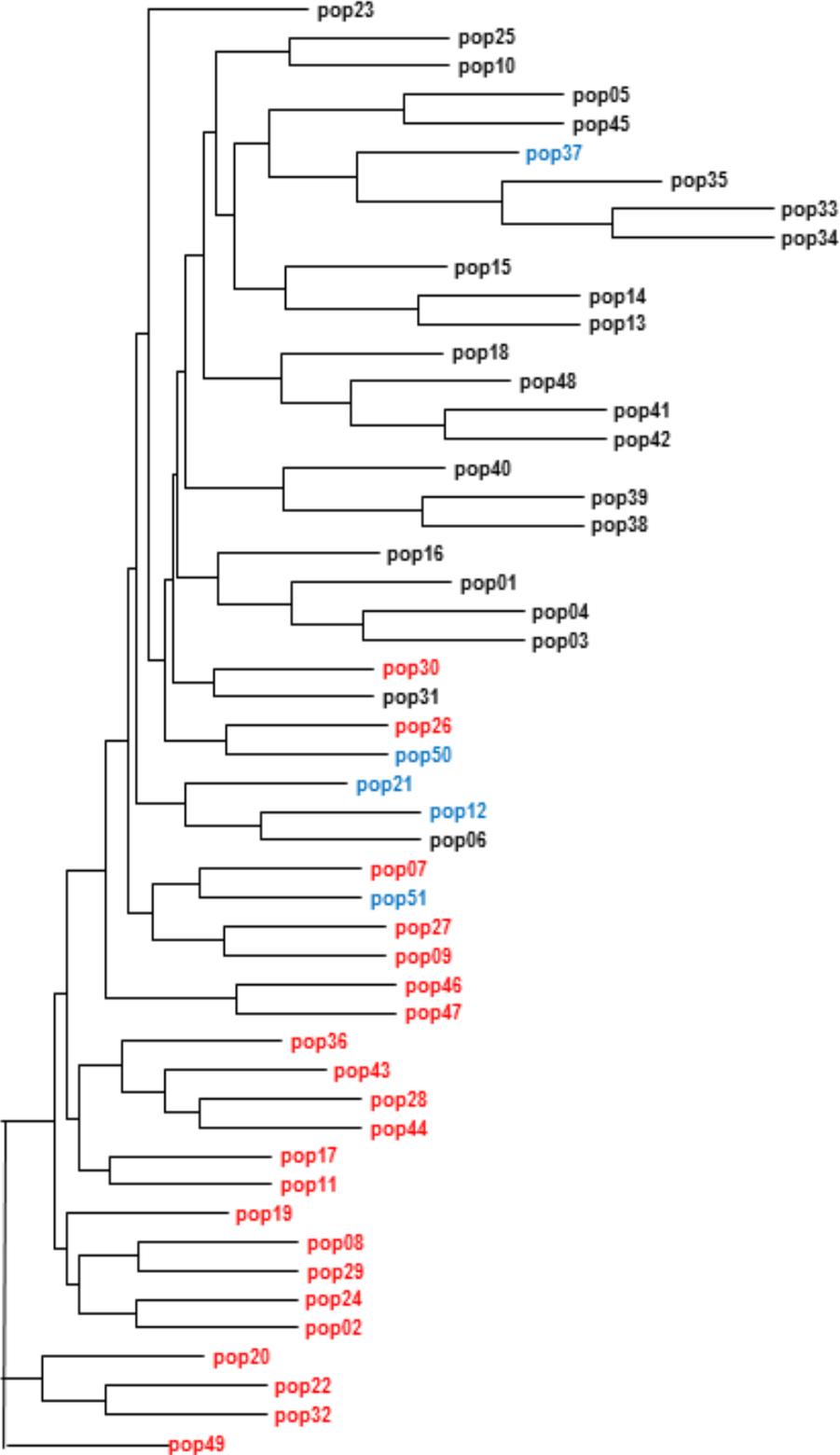
© Stéphane Muracciole

6.2. Test d'Evanno sur le nombre de partitions d'assignation (par STRUCTURE HARVESTER). Le score de K=2 est les plus significatives (partition 2 = sauvages/domestiques); puis les partitions 3, 5 et 7 sont les plus significative (l'étude s'est donc appliquée au partitions 2 à 7).



K	Reps	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
1	2	-30115.300000	0.707107	—	—	—
2	5	-25428.980000	86.454103	4686.320000	2710.520000	31.352127
3	5	-23453.180000	103.999962	1975.800000	831.200000	7.992311
4	5	-22308.580000	239.029657	1144.600000	109.360000	0.457516
5	5	-21273.340000	182.372800	1035.240000	333.560000	1.829001
6	5	-20571.660000	140.510722	701.680000	166.800000	1.187098
7	5	-19703.180000	151.114334	868.480000	268.000000	1.773492
8	5	-19102.700000	219.681326	600.480000	174.780000	0.795607
9	5	-18677.000000	152.526899	425.700000	23.160000	0.151842
10	5	-18274.460000	176.697575	402.540000	74.660000	0.422530
11	5	-17946.580000	99.146946	327.880000	71.475000	0.720900
12	4	-17547.225000	244.152649	399.355000	—	—

6.3. Arbre des distances génétiques



6.4. Listing des 42 rapports ISEM rédigés entre 1993 et 2016 sur la génétique des truites corses

Année	Titre	Sigle	Propriété	N° ENL
1993	Berrebi P. 1993. Rapport d'activité 1993 - Etude génétique de la truite corse, Université Montpellier 2.	CORS01	PNRC	6888
1994	Berrebi P. 1994. Etude génétique des truites de Corse - Rapport final 1994 - Commande 1993 du Parc Naturel Régional de Corse. 16 p. + annexes.	CORS02	PNRC	6889
1995	Berrebi P. 1995. Etude génétique des truites de Corse, rapport final 1995. Rapport de contrat Parc Naturel Régional de Corse, novembre 1995, 36p. + annexes.	CORS03	PNRC+FD20	1252
1996	Berrebi P. 1996. Analyses allozymiques des truites corses dans le cadre du protocole n°1165 du CSP (8° délégation) : Etude de deux cours d'eau corses dévastés par les crues : la Solenzara et l'Ortolo. Suivi de la recolonisation par les populations de truite. Rapport décembre 1996, Université Montpellier II.	CORS04	ONEMA8	2968
1997	Berrebi P. 1997. Rapport intermédiaire - Analyse LDH5 Corse. Rapport de commande de la Fédération de Corse, de l'ONC et de l'ONF.	CORS05	FD20	7022
1998	Berrebi P. 1998. Structuration génétique des truites de Corse - Rapport 1998. Rapport de contrat, Université Montpellier II, 11 p. + annexes.	CORS06	FD20	3906
2002	Berrebi P. 2002. Rapport d'analyses génétiques de deux lots de truites de Corse. Pisciculture et Golo de décembre 2001. Rapport de contrat, Université Montpellier II, 3 p.	CORS07	FD20	6456
2004	Berrebi P. 2004. Rapport intermédiaire n°1. LIFE macrostigma.	LIFE01	FD20	7189
2004	Berrebi P. 2004. Rapport intermédiaire n°2. LIFE macrostigma.	LIFE02	FD20	7188
2004	Berrebi P. 2004. Rapport intermédiaire n°3. LIFE macrostigma.	LIFE03	FD20	7187
2004	Berrebi P. 2004. Rapport d'analyse - Analyses génétiques sur la truite en sites Natura 2000, p. 4. Université Montpellier 2, Montpellier.	NAT2000C	DREAL20	7426
2005	Berrebi P., Lasserre B. 2005. Rapport intermédiaire n°4. LIFE macrostigma.	LIFE04	FD20	7186
2005	Berrebi P., Lasserre B. 2005. Analyses génétique sur la truite en sites Natura 2000 - Rapport final d'analyse lots 19 à 23 - juin 2005 : Rapport de contrat, Université Montpellier 2, 4p.	NAT2000D	DREAL20	7057
2005	Berrebi P., Lasserre B. 2005. Rapport intermédiaire n°5. Life macrostigma.	LIFE05	FD20	7185
2005	Berrebi P., Lasserre B. 2005. Rapport intermédiaire n°6 - septembre 2005. LIFE macrostigma.	LIFE06	FD20	7184
2005	Berrebi P., Lasserre B., Meldgaard T. 2005. LIFE Nature "macrostigma" - Rapport intermédiaire n°7 - octobre 2005 - Synthèse de la première année d'analyses. LIFE macrostigma.	LIFE07	FD20	7191

Année	Titre	Sigle	Propriété	N° ENL
2005	Berrebi P, Lasserre B. 2005. Analyses génétique sur la truite en sites Natura 2000 - Rapport final d'analyse - décembre 2005: rapport de contrat, Université Montpellier 2, 4p.	NAT2000E	DREAL20	7056
2006	Berrebi P., Dubois S. 2006. LIFE Nature "macrostigma" - Rapport n°8 - octobre 2006 - Synthèse de la seconde année d'analyses. LIFE macrostigma.	LIFE08	FD20	7190
2007	Berrebi P., Dubois S. 2007. LIFE Nature "macrostigma" - Rapport intermédiaire N°9 - janvier 2007. Université Montpellier, 6 p.	LIFE09	FD20	7258
2007	Berrebi P. 2007. Rapport succinct d'analyse génétique des truites du Rizzanese à la recherche de corrélation avec la parasitofaune.	CORSPAR	ISEM	7718
2007	Berrebi P., Dubois S. 2007. LIFE Nature "macrostigma" - Rapport final n°10 - Juillet 2007 - Synthèse de trois années d'analyses, p. 9. Université Montpellier 2.	LIFE10	FD20	7451
2007	Berrebi P. 2007. Rapport d'analyse - Quenza juillet 2007, p. 2. Université Montpellier 2, Montpellier.	CORSQZ	FD20	7732
2008	Berrebi P., Shao Z. 2008. Analyse moléculaire des truites de Sainte Lucie et du Meli dans le cadre du projet de barrage du Cavo. Rapport d'octobre 2008, p. 4. Université Montpellier 2.	CORSCAV	FD20	7650
2009	Berrebi P., Cherbonnel C., Muracciole S., Recorbet B. 2009. Rapport intermédiaire OEC1 (3 décembre 2009) - Etude génétique de 18 échantillons 20 truites de Corse sur 4 marqueurs microsatellites. Université Montpellier 2.	OEC2009	OEC	7798
2010	Berrebi P., Shao Z. 2010. Rapport d'analyse des truites du Prunelli à l'aval du barrage de Tolla : 3p. Université Montpellier 2.	CORSTOL	DREAL20	7932
2010	Berrebi P. 2010. Tests pour la détermination de l'analyse minimum pour distinguer les truites de types corse ancestral, méditerranéen et atlantique domestiques marqueurs microsatellites: 11p. Rapport de l'Université Montpellier 2.	CORSTEST	ISEM	8154
2011	Berrebi P., Cherbonnel C. 2011. Etude génétique de 18 échantillons de truites de Corse sur 4 marqueurs microsatellites. Rapport final. Mars 2011, p. 16p. Université Montpellier 2.	OEC2010	OEC	8093
2011	Berrebi P., Shao Z. 2011. Test à deux marqueurs. Détermination rapide de la composition génétique des populations de truites de 5 stations 2011: Varaculongu, Sant' Antone, Chjuvone, Ese et Manica, 3p. Rapport d'étude pour la Fédération de Pêche de Corse.	CORS2L1	FD20	4593
2011	Berrebi P., Shao Z. 2011. Description génétique de cinq populations de truites corses basée sur six locus microsatellites - décembre 2011, p. 10. Marché OEC2011, Université Montpellier 2.	OEC2011	OEC	4630
2012	Berrebi P, Shao Z (2012) Analyse génétique de contrôle d'un échantillon de truites de Pozzi di Marmanu - Test à 2 marqueurs - Projet CORS2L2 - Rapport de novembre 2012. Rapport de contrat pour la FD20 - Université Montpellier 2 - 4p.	CORS2L2	FD20	5099

Année	Titre	Sigle	Propriété	N° ENL
2012	Tougard C, Shao Z. 2012. Analyse phylogénétique de 30 populations de truites de Corse à partir d'un marqueur mitochondrial (région de contrôle) - Décembre 2012: Rapport pour la FD20, Université Montpellier 2. 17p.	CORSMT1	FD20	5046
2012	Berrebi P., Shao Z. 2012. Analyse génétique des 5 échantillons de truites de Corse - Ultimi, Asinao, Castagnu, Tassineta et Maghjine - Projet OEC2012 - Rapport de décembre 2012, p. 7p. Rapport d'analyse pour l'OEC. Université Montpellier 2.	OEC2012	OEC	4952
2012	Berrebi P, Shao Z. 2012. Origine de la grosse truite du lac corse de Calacuccia (amont du Golo): Rapport d'analyse pour la FD20, Université Montpellier 2. 2p.	CORSCAL	FD20	4989
2013	Tougard C. 2013. Détermination de l'origine des lignées de truites de Corse par le biais de l'analyse phylogénétique d'un marqueur mitochondrial (région de contrôle) - Novembre 2013: Université Montpellier 2. 25p.	CORSMT2	FD20	8560
2013	Berrebi P., Schikorski, D. 2013. Analyse génétique de 4 échantillons de truites de Corse (Puzzatelli, Fulminatu, I Meli et Tavignanu) - Projet CORSPUZ - Rapport de décembre 2013: Université Montpellier 2.	CORSPUZ	FD20	8565
2013	Berrebi, P., Schikorski, D. 2013. Analyse génétique des truites de Corse sur 15 sites - Etape 2013 : Casilla, Ochju, I Pincioni, Aqua d'Acelli & Agnone - Projet OEC2013: Université Montpellier 2.	OEC2013	OEC	8564
2014	Renouard M. 2014. Etude phylogéographique des lignées de truites communes <i>Salmo trutta</i> en Corse: Master 1 - Génétique et Biodiversité – Université Montpellier II (GMBE235). 28p.	Manon14	ISEM	8676
2014	Oliver J. 2014. Evolutionary history of the brown trout, <i>Salmo trutta</i> L., in France: Master 1, MEME research project, Université Montpellier II. 66p.	Jillian14	ISEM	8670
2014	Berrebi P., Shao Z. 2014. Analyse génétique des truites de Corse sur 15 sites. Etape 2014 : Prunicia, Albarelli, Vivaggiu, Vitalbetu, Valdu alle grotte & Pratelle - Projet OEC2014: Rapport d'étude pour l'OEC; Université Montpellier 2. 6p.	OEC2014	FD20	8743
2014	Berrebi P. 2014. Structure génétique des truites du Golu. Bilan 2014: Rapport de synthèse GOLU2014 pour la FD20, Université Montpellier 2. 5p.	GOLU2014	ISEM	8793
2015	Berrebi P. Schikorski D. 2015. Analyse génétique de truites sur 15 sites en Corse - Les 4 stations de 2015 - Projet OEC2015: Rapport d'analyse pour l'Office de l'Environnement de Corse, Université de Montpellier, 12p.	OEC2015	OEC	8964
2016	Berrebi P. 2016. Méta-analyse génétique des populations de truites de Corse - Rapport CORS2016: Université de Montpellier. Rapport de synthèse pour la FD20.	CORS2016	FD20	4046