

Campagne 2013 d'analyse génétique de deux populations du Gard : Vidourle et Lingas

Projet GAR4

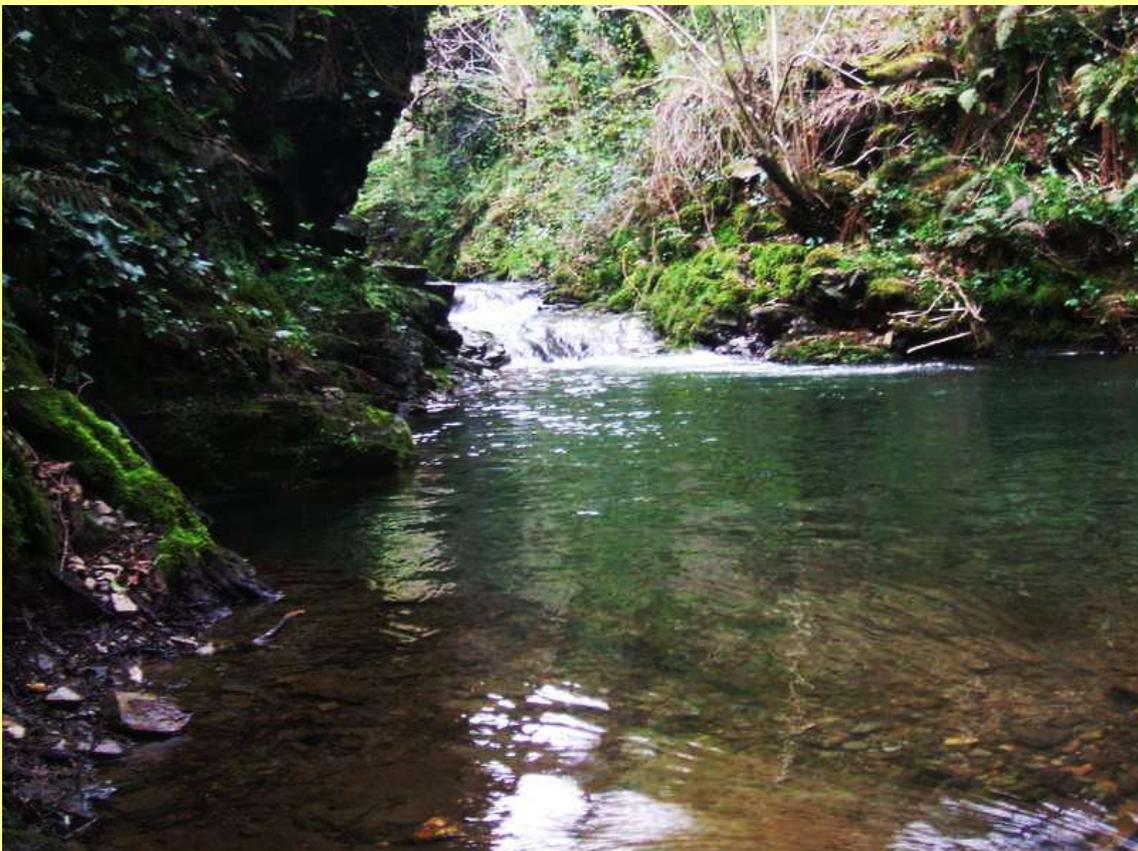
Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI

Analyses moléculaires: Zhaojun SHAO

Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2

Tel: 04 67 14 37 32

Mél: patrick.berrebi@univ-montp2.fr



Le Vidourle près de Saint Hyppolyte du Fort © FD30



1. Introduction

Le projet GAR4 participe à la description génétique des truites du Gard. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Plus spécifiquement, les stations échantillonnées en 2013 et analysées ici représentent les versants atlantique (Lingas) et méditerranéen (Vidourle) du département du Gard. Ces deux stations avaient été analysées à l'occasion du projet GENESALM (Berrebi & Cherbonnel 2009). Ces échantillons de 2009 ont été rajoutés aux analyses afin de savoir si une évolution est perceptible en 4 ans.

2. Echantillonnage

Les 60 truites du Vidourle et du Lingas sont parvenus à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 8 juillet 2013. Monsieur Pascal DANCE est le correspondant de la Fédération de Pêche du Gard auprès de l'ISEM.

La répartition géographique des localités d'échantillonnage est présentée dans les Figures 1A et 1B, et les caractéristiques des échantillons dans le Tableau 1.

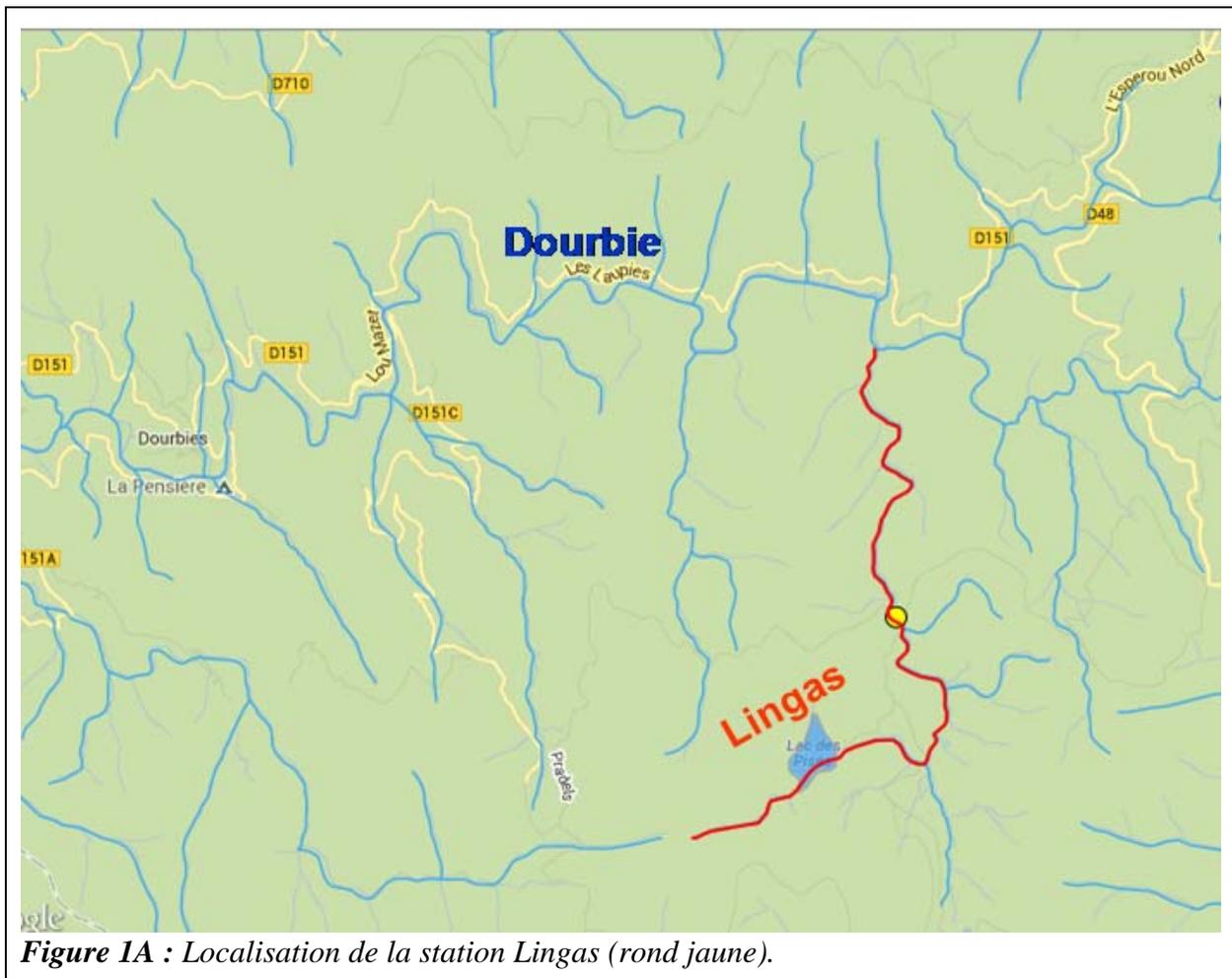


Figure 1A : Localisation de la station Lingas (rond jaune).

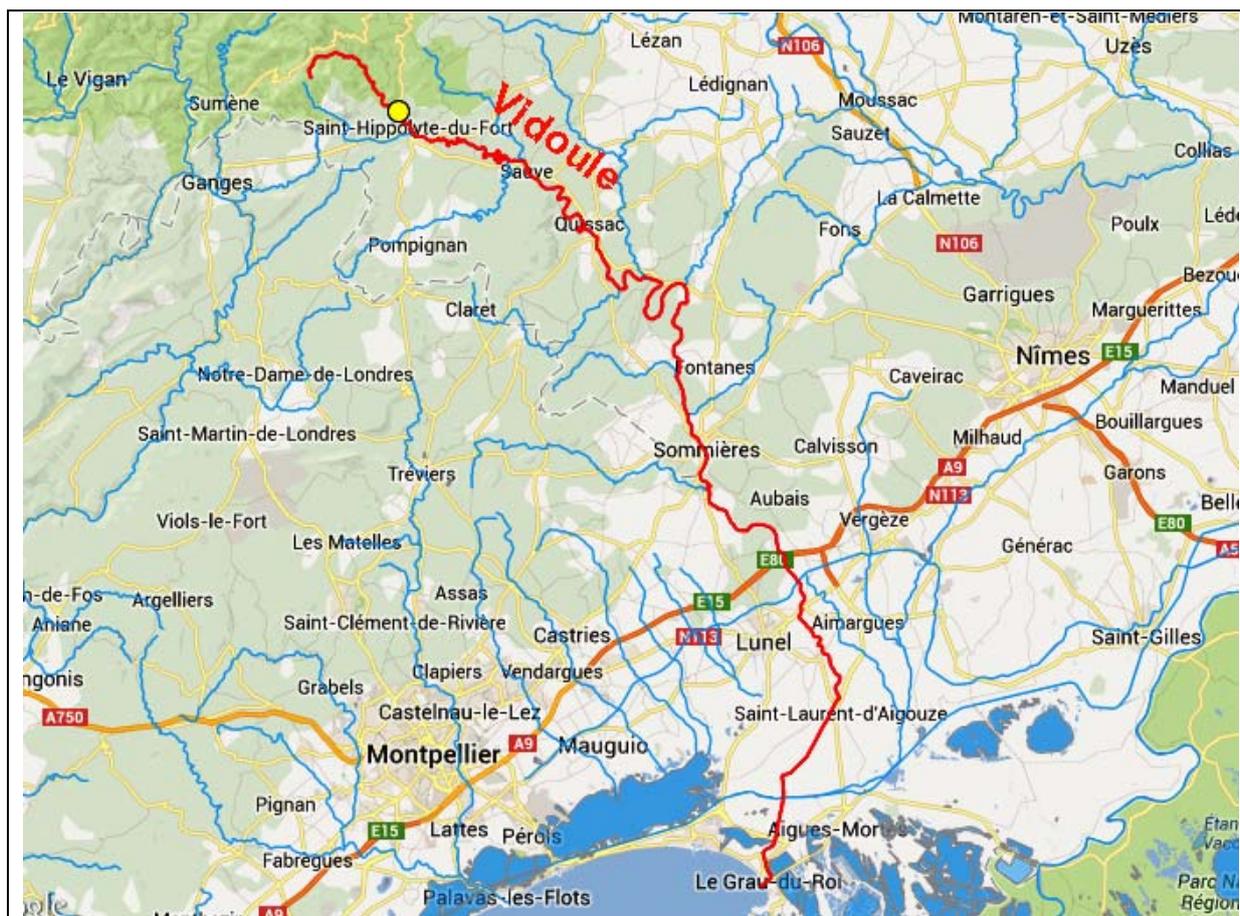


Figure 1B : Positionnement géographique de la station Vidourle (rond jaune).

N° ISEM d'échantillons	N° ISEM d'individus	Nombre	Date	Rapport	Station	Bassin
L270	T25234-T25263	30	2013	GAR4	Lingas	Dourbie/Tarn/Garonne
L228	T16068-T16096	21	2009	GSALM2	Lingas	Dourbie/Tarn/Garonne
L300	T17918-T17947	30	2010	GAR1	Dourbie	Tarn/Garonne
L301	T17948-T17977	29	2010	GAR1	Trévezel	Dourbie/Tarn/Garonne
L272	T25264-T25293	30	2013	GAR4	Vidourle	Vidourle
L229	T16097-T16125	29	2009	GSALM2	Vidourle	Vidourle
L378	T19692-T19721	30	2011	GAR2	Arre	Hérault
L499	T22371-T22400	30	2012	GAR3	Gardon de St Jean	Gard/Rhône
L266	T16926-T16955	15	2008	GSALM2	pisciculture Isère	-
L267	T16956-T16985	15	2008	GSALM2	pisciculture Seine Maritime	-

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés (en jaune) et des échantillons de référence dont des échantillons de pisciculture (en gris)

Aux échantillons de 2013 ont été rajoutés des échantillons des deux mêmes stations provenant du projet GENESALM (2009) ainsi que des échantillons de référence, de type connus, déjà analysés dans le passé (Tableau 1). Ils serviront à interpréter les résultats obtenus.

3. Analyses moléculaires

Les 60 truites ont été analysées au niveau de 6 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: Oneµ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, MST 543 et Ss0sL438.

Les génotypes obtenus additionnés des génotypes de référence ont permis de constituer une matrice de données à la base de tous les calculs statistiques qui suivent.

4. Analyses statistiques

Ces analyses consistent à permettre l'interprétation des résultats. Elles sont constituées de trois étapes principales:

- les analyses multidimensionnelles (ici l'Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC) traitées par le logiciel GENETIX permettent de visualiser les variations génétiques des truites analysées et de les positionner les unes par rapport aux autres dans un hyper-espace;

- les analyses d'assignation recherchent le nombre objectif de sous-unités homogènes dans la matrice de génotypes grâce au logiciel STRUCTURE (le nombre k de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER);

- les paramètres populationnels (ici la diversité génétique H_o et H_{nb} , la panmixie F_{is} et le niveau de différenciation F_{st}) sont calculés avec le logiciel GENETIX et permettent d'interpréter les résultats en termes biologiques.

5. Résultats

5.1. Analyses multidimensionnelles

Les analyses multidimensionnelles permettent une vision d'ensemble, qualitative, des ressemblances et dissemblances entre échantillons. Elles ne permettent pas facilement de chiffrer les pourcentages de chaque lignée dans chaque échantillon. Cela sera fait avec les analyses d'assignation.

Les deux figures 2A et 2B donnent cependant une bonne vision de la situation: de manière générale, les prélèvements de 2009 (GENESALM) ne diffèrent pas de ceux de 2013 (présente étude) à part le Vidourle qui semble plus introgressé par les truites domestiques atlantiques en 2013. Le Lingas ressemble à la Dourbie (du moins un peu à l'aval de la confluence Lingas/Dourbie) mais pas au Trévezel; le Vidourle ne ressemble pas aux échantillons des bassins voisins de l'Hérault et du Gard (Rhône).

Tout ceci va être précisé et chiffré par l'analyse d'assignation.

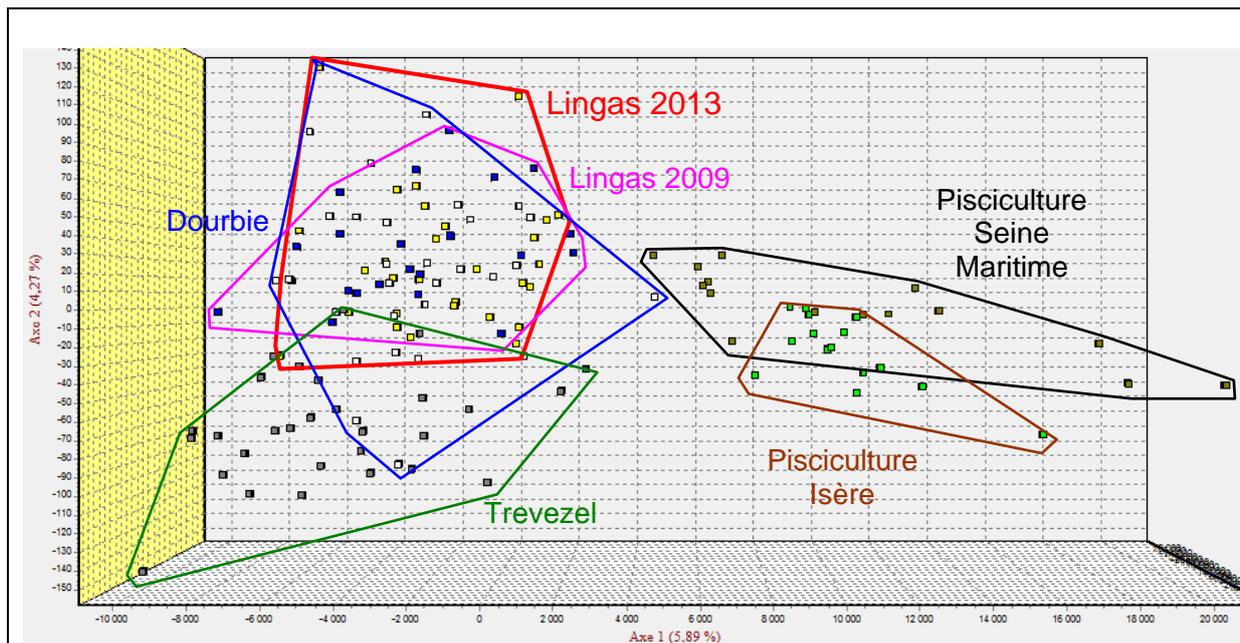


Figure 2A : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ici sont présentés le **Lingas** et les échantillons de référence pour comparaison. Ce diagramme permet déjà de voir que les truites du Lingas ne sont pas du tout impactées par les truites domestiques atlantiques, que rien n'a changé entre 2009 et 2013 et que cette station ressemble génétiquement à la Dourbie (sans être identique) mais se différencie bien du Trévezel.

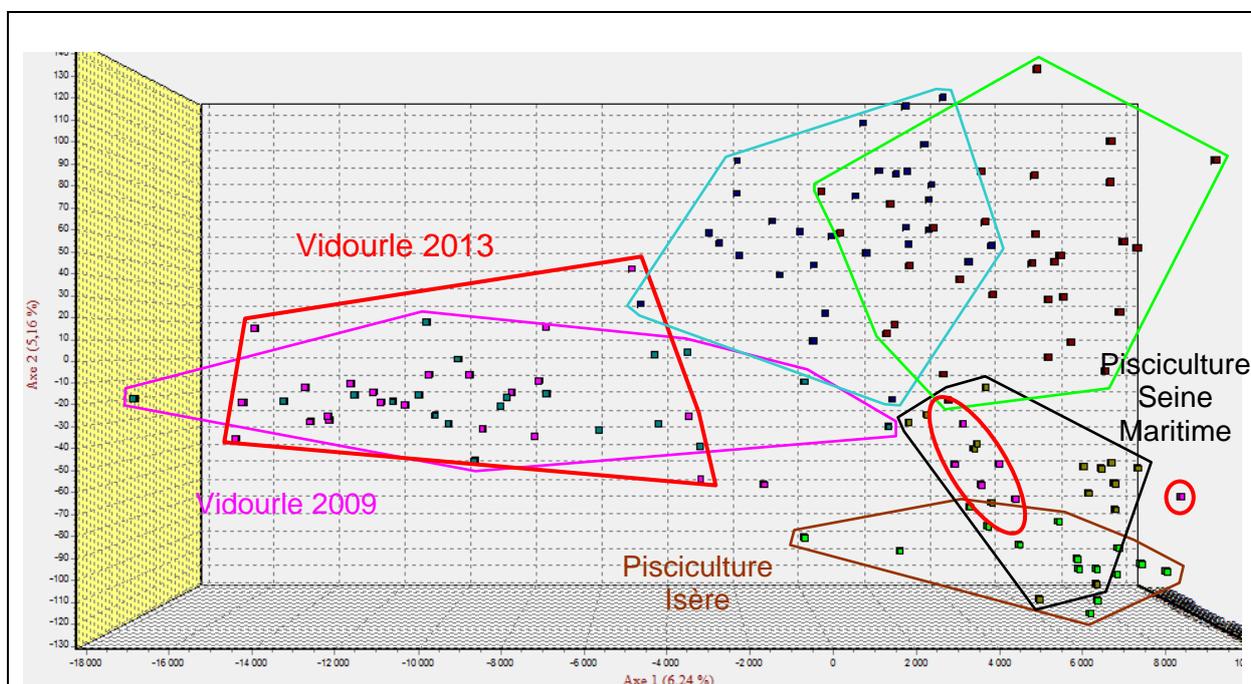


Figure 2B : Diagramme d'AFC présentant le **Vidourle** opposé à un échantillon de l'Hérault et un autre du Gard, et opposé aux truites domestiques atlantiques. Cette première analyse du Vidourle nous montre que l'échantillon de 2013 semble bien impacté par les truites domestiques avec des truites nées en pisciculture (ellipses rouges à droite). Ceci sera chiffré plus bas. D'autre part, il n'y a pas de ressemblance génétique inter-bassins Hérault-Vidourle-Gard.

5.2. Analyses d'assignation

Les analyses d'assignation (logiciel STRUCTURE: 50000 burn'in et 100000 itérations, 10 répétitions avec k de 2 à 12) permettent un découpage de l'échantillonnage global (nouveaux échantillons + échantillons de référence) en k sous-unités homogènes (proche des caractéristiques de populations en équilibre). La valeur k a été estimée à 6 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et le Tableau 2 sous forme de pourcentages. Ils sont discutés dans le chapitre Interprétation.

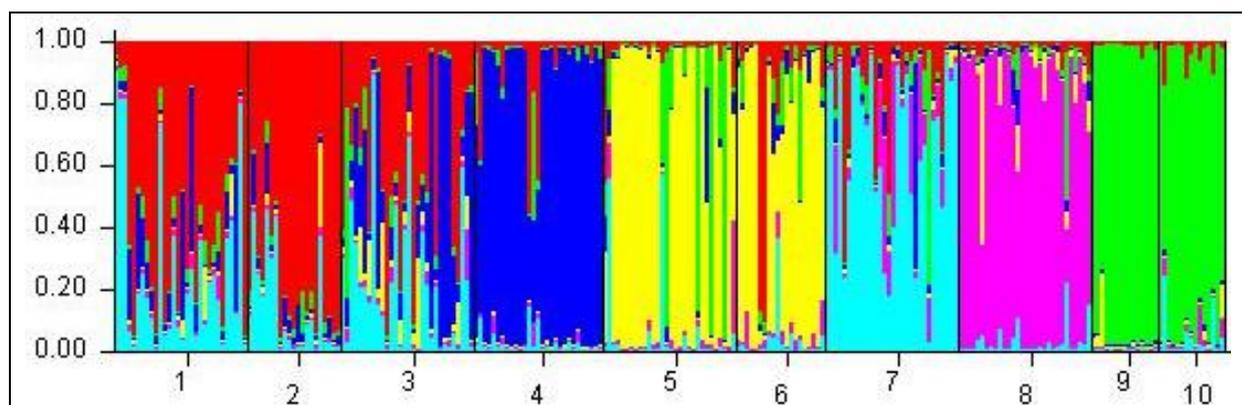


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogramme. Chaque truite est représentée par une fine barre verticale; chacune des k sous-unités a reçu une couleur au hasard; l'ordre des échantillons est exactement celui du Tableau 1. Cette analyse nous permet déjà de dire que globalement la présence domestique (en vert) est limitée sauf dans l'échantillon 5 (Vidourle 2013) et que le type génétique Lingas (rouge) se retrouve dans la Dourbie (échantillon 3) mais que le type Vidourle est isolé.

	Linguas	Trévezel	Vidourle	Hérault	Gard	domestique
Lingas 2013	56	10	2	27	2	3
Lingas 2009	75	4	2	15	1	3
Dourbie	37	27	6	24	2	5
Trévezel	7	84	1	3	1	4
Vidourle 2013	4	3	68	5	3	17
Vidourle 2013 sans les truites portion	4	3	79	6	3	5
Vidourle 2009	13	3	70	4	3	6
Arre	13	4	1	65	12	6
Gardon de St Jean	2	2	6	3	83	4
pisciculture Isère	1	1	2	1	1	94
piscic. Seine Maritime	4	1	2	4	2	87

Tableau 2 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme de pourcentages d'assignation de chaque échantillon analysé aux k sous-unités détectées. La composition du Vidourle 2013 a été recalculée sans les truites portion (voir chapitre Interprétation).

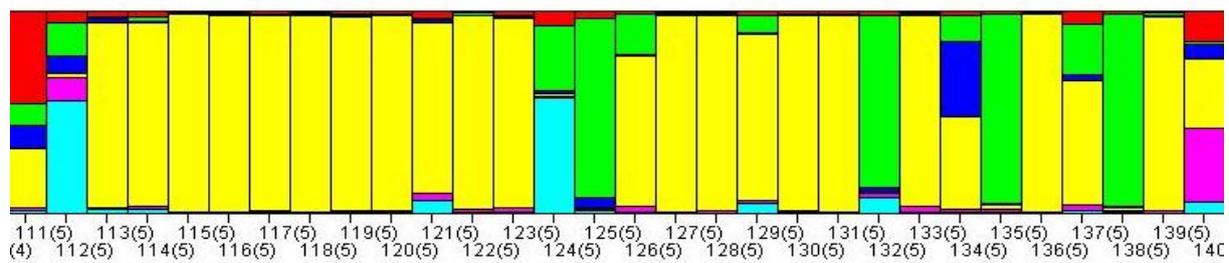


Figure 4 : Détail des truites du Vidourle 2013 présentant 17% de gènes domestiques atlantiques. Le jaune représente le type Vidourle et le vert le type domestique. L'intérêt de cette image est de montrer que sur les 30 truites analysées, 4 sont nées en piscicultures (presqu'entièrement en vert) et sont donc les survivantes de déversements des 2 ou 3 dernières années. Selon les gestionnaires de terrain, il s'agirait des truites portion relâchées deux fois par an.

5.3. Paramètres populationnels

Le Tableau 3 expose les valeurs des paramètres populationnels des échantillons nouveaux et des échantillons de référence, à des fins de comparaison. Le polymorphisme des souches de pisciculture est généralement élevé (Hnb autour de 0,8) alors qu'il est généralement plus bas dans les rivières (autour de 0,65), surtout en amont. Le paramètre de panmixie (Fis) indique si tous les poissons échantillonnés se reproduisent au hasard entre eux : si significatif (*, ** ou ***), le Fis indique qu'un déséquilibre panmictique existe dans la population (le plus souvent, c'est dû à la présence de plusieurs lignées dans l'échantillon). Ceci est discuté dans la partie "Interprétation".

	Hnb	Ho	A	Fis	Signif.
Lingas 2013	0,74	0,69	8,3	0,06	ns
Lingas 2009	0,74	0,66	7,0	0,11	**
Dourbie	0,77	0,72	9,0	0,07	*
Trévezel	0,67	0,61	7,3	0,09	*
Vidourle 2013	0,77	0,69	10,2	0,10	**
Vidourle 2009	0,80	0,66	8,2	0,17	***
Arre	0,74	0,74	10,3	0,00	ns
Gardon de St Jean	0,71	0,54	8,2	0,24	***
pisciculture Isère	0,65	0,62	5,7	0,05	ns
piscic. Seine Maritime	0,78	0,70	6,3	0,11	*

Tableau 3 : Paramètres populationnels des échantillons de 2013 et des échantillons de référence. Les entêtes bleues correspondent aux paramètres de polymorphisme; les entêtes jaunes aux paramètres d'équilibre panmictique : si significatif (*, ** ou ***), le Fis indique qu'un déséquilibre panmictique existe dans la population (voir "Interprétation").

Le Tableau 4 donne les valeurs de Fst entre chaque paire d'échantillons analysés. Ces valeurs peuvent être considérées comme des distances génétiques mesurant leur différenciation.

	Lingas 2013	Lingas 2009	Dourbie	Trévezel	Vidourle 2013	Vidourle 2009	Arre	Gardon de St Jean	piscic. Isère	piscic. Seine Maritime
Lingas 2013	0	0,00	0,06	0,10	0,14	0,13	0,15	0,05	0,14	0,11
Lingas 2009		0	0,03	0,10	0,15	0,13	0,15	0,06	0,16	0,11
Dourbie			0	0,09	0,12	0,09	0,15	0,09	0,18	0,10
Trévezel				0	0,22	0,20	0,22	0,15	0,19	0,19
Vidourle 2013					0	0,01	0,14	0,18	0,17	0,13
Vidourle 2009						0	0,13	0,17	0,19	0,12
Arre							0	0,12	0,24	0,14
Gardon de St Jean								0	0,21	0,13
pisciculture Isère									0	0,09
piscic, Seine Maritime										0

Tableau 4 : Matrice triangulaire des *Fst* par paire d'échantillon. Toutes les estimations par paire d'échantillons sont significatives (= les échantillons comparés sont génétiquement différents) sauf les estimations indiquées en orange (pas de variation génétique entre les échantillons de 2013 et de 2009).

Les paramètres populationnels aident à l'interprétation biologique des résultats présentée dans le chapitre suivant.

6. Interprétation des résultats

6.1. Description de la structure génétique observée

Les deux méthodes statistiques employées (Analyses multidimensionnelle et d'assignation) permettent de décrire les échantillons analysés en lignées locales ou nationales.

Ainsi, la Figure 3 montre qu'il n'y a pas de caractères génétiques communs entre truites des versants atlantique et méditerranéen du Gard, à l'exception des truites domestiques (en jaune) présentes dans les deux versants. Le Tableau 2 montre que la lignée domestique est très peu présente (3 à 6%) sauf dans le Vidoule de 2013 (13%).

Pris par bassin versant:

- le Lingas n'a pas varié entre 2009 et 2013; on note une nette ressemblance avec la Dourbie où il se jette (Figures 2A et 3, Tableau 2) et une forte dissemblance avec le Trévezel, affluent plus lointain de la Dourbie: il y a deux lignées naturelles dans l'échantillonnage analysé: le type Lingas et le type Trévezel. Ces observations sont confirmées par les *Fst* (Tableau 4).

- le Vidourle n'a pas fondamentalement changé entre 2009 et 2013 (*Fst* non significatif, Tableau 4) mais présente plus de présence domestique (de 6 à 17%, Tableau 2). Il se distingue nettement des bassins voisins l'Hérault et le Gard, chaque bassin présentant un type génétique distinct (Tableau 2).

6.2. Hypothèses sur l'origine des lignées observées

Ce sont les échantillons de référence, déjà connus car analysés dans d'autres contextes, qui permettent d'essayer de comprendre comment la structure génétique observée s'est mise en place.

D'abord, la **présence domestique** (lignée atlantique créée au XIX^{ème} siècle à partir de géniteurs de Scandinavie, Allemagne et France) est limitée à 6% à l'exception du Vidoule de 2013 (17%). L'origine de repeuplement des ces gènes ne font aucun doute. Cependant il est considéré qu'en dessous de 5%, une lignée ne peut pas être détectée avec sécurité par assignation. Ainsi seuls Doubie, Vidourle et Arre seraient impactés à coup sur par les truites de repeuplement.

Ceci correspond à ce qu'on sait des pratiques de repeuplements:

- sur le Lingas, aucun repeuplement n'a été pratiqué depuis 6 ans, la gestion y est patrimoniale;

- sur le Vidourle, on déverse des truites portion deux fois par an (mais ces truites sub-adultes ne survivent pas et ne participent pas à la reproduction naturelle) et des truitelles atlantiques et/ou méditerranéennes. Vue l'introgession des truites domestiques (6% en 2009 et 17% en 2013), il est probable que l'essentiel des repeuplements se font en truites domestiques atlantiques. La figure 4 montre que 4 des 30 truites analysées (13%) sont des truites de pisciculture atlantiques survivantes dans la station. Selon les gestionnaires de terrain, il s'agirait des truites portion relâchées deux fois par an. Une fois ces truites retirées du calcul, le Vidourle 2013 est sensiblement de même composition génétique qu'en 2009 (Tableau 2).

Il est surprenant que le **type Hérault** soit présent de 15 à 27% dans le sous-bassin de la Doubie (Tableau 2). L'installation d'une forme méditerranéenne dans le versant atlantique n'a jamais été vue (à l'exception du Gave de Cauterets, dans les Pyrénées, Berrebi 1997).

Nous avons donc deux hypothèses difficiles à départager:

- présence de truite de l'Hérault dans la Doubie
- artefact statistique dû au hasard (ressemblance fortuite des marqueurs)

Une analyse globale des truites du département du Gard est en préparation. Cette question y sera reprise.

En conclusion, les rivières analysées ici (Lingas, Trévezel, Vidourle, Arre, Gardon) présentent la plupart du temps un beau cheptel sauvage qu'il convient de protéger. Il est la preuve que toutes les pratiques de repeuplement à partir de souches domestiques ont échoué. Pour la préservation de la biodiversité, mais aussi d'un point de vue économique, la gestion patrimoniale est très avantageuse. La tendance est à l'aménagement des cours d'eau plutôt qu'au repeuplement.

7. Conclusion - vulgarisation

L'étude génétique des truites du Gard est nécessaire pour leur gestion. En particulier, une rivière contenant des truites sauvages (celles qui étaient là avant la venue de l'homme) mérite une gestion patrimoniale (sans repeuplement); au contraire une rivière ne contenant que des truites domestiques peut continuer à être repeuplée parce que les truites sauvages n'y survivraient sans doute pas.

Cette année (pêches en 2013), deux stations ont été analysées en complément des 8 rivières déjà analysées (pêches de 2010 à 2012): une sur le versant atlantique, le Lingas et une sur le versant méditerranéen: le Vidourle.

Ces deux stations sont presque purement sauvages et n'ont pas besoin de repeuplements. Le déversement de truites portion dans le Vidourle ne provoque pas de croisement avec les truites sauvages: cette pratique est acceptable.

7. Littérature citée

- Berrebi P. 1997.** Biodiversité génétique des truites fario des bassins de l'Adour, la Nivelle et l'Untxin. Marqueurs allozymiques. Rapport de contrat TFP, CH, CSP et BRG, janvier 1997, 27p. ([ADOUR1](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009.** Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme Genesalm - tome 1 - version du 15 décembre 2009: Université Montpellier 2, rapport de contrat du projet Genesalm, 22p. ([GENESALM2](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2010.** Analyses génétiques des truites du bassin versant atlantique de la Dourbie - rapport d'octobre 2010. Pour la Fédération de Pêche du Gard, Université Montpellier 2, 8p. ([GAR1](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2011.** Analyses génétiques des truites du bassin versant méditerranéen du département du Gard - Cèze (Rhône) et Arre (Hérault), p. 11. Rapport d'analyses pour la Fédération du Gard. Université Montpellier 2. ([GAR2](#))
- Berrebi P., Genindex 2012.** Analyse génétique de deux populations de truites du bassin versant des Gardons: Galeizon et Gardon de St Jean département du Gard - Projet GAR3 - Rapport de novembre 2012. Rapport d'étude pour la Fédération de Pêche du Gard. Université Montpellier 2. 4p. ([GAR3](#))

Fait à Montpellier, le 12 février 2013

8. Annexe



Truite sauvage du Lingas