

Analyse génétique d'un échantillon de truites de Lozère (rivière Lot) sur 12 microsattellites dans le cadre du projet national GENETRUTTA Projet GT-LOZ3

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



1. Introduction

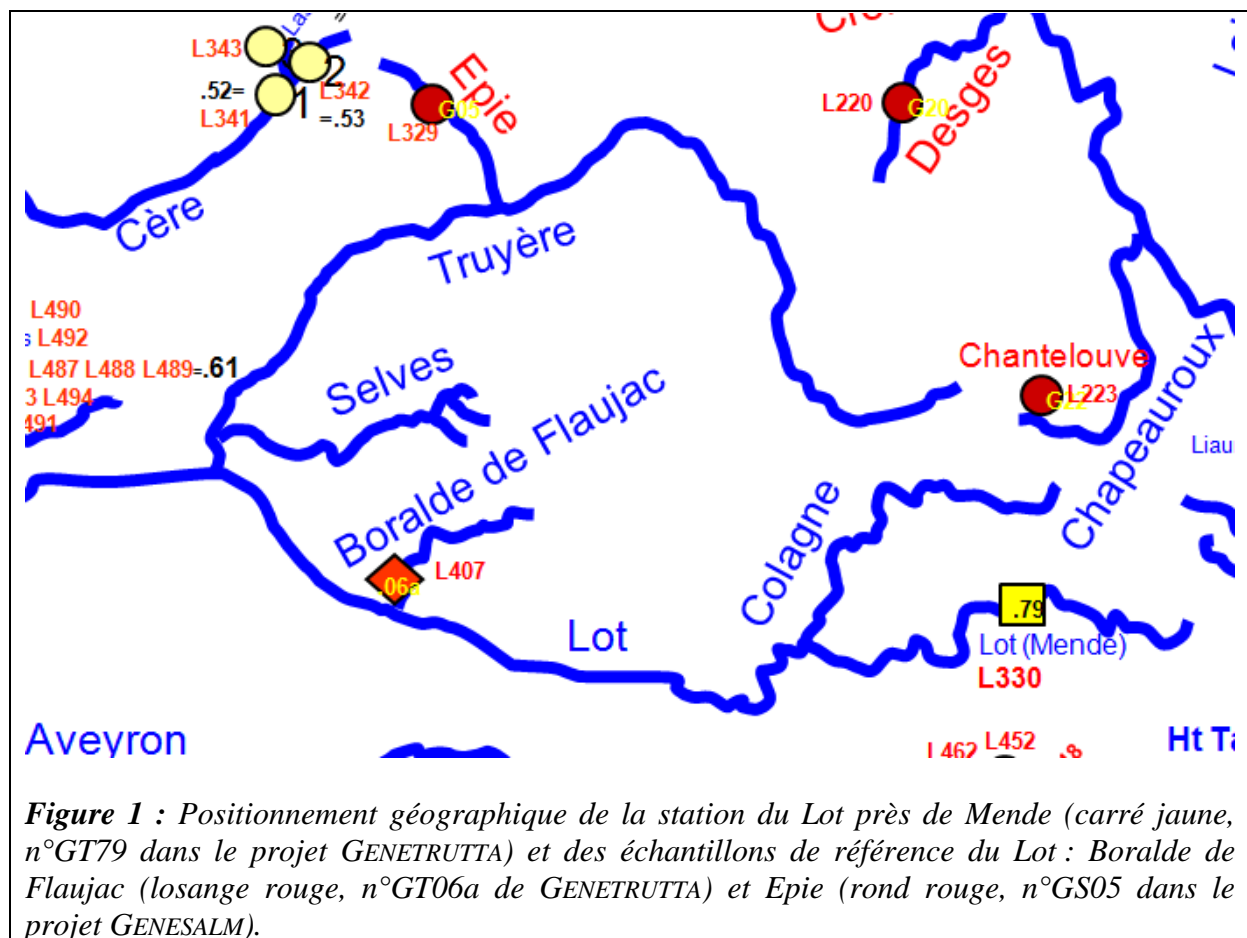
Le projet GT-LOZ3 participe à la description génétique des truites de Lozère. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Plus spécifiquement, l'unique échantillon de 2013 fait partie du projet national GENETRUTTA (2013-2015) qui établit la carte nationale des lignées génétiques de truites. L'échantillon du Lot près de Mende sera donc inclus au rapport GT2014 prévu pour septembre 2014.

2. Echantillonnage

Les 22 truites du Lot sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 9 octobre 2013. Mme Valérie Prouha est la correspondante de la Fédération de pêche de Lozère auprès de l'ISEM.

La répartition géographique des localités d'échantillonnage est présentée dans la Figure 1 et les caractéristiques des échantillons dans le Tableau 1. Aux échantillons du Lot ont été rajoutés des échantillons de référence, de types connus, déjà analysés dans le passé (Tableau 1). Ils serviront à interpréter les résultats obtenus.



N° ISEM d'échantillon	N° ISEM d'individu	Nombre	Date	Rapport	N° GS ou GT	Station	Lieu
L330	T25700-T25721	22	26/08/2013	GT-LOZ3 +GT2014 (en préparation)	GT.079	Lot	amont de Mende
L407	T20125-T20154	30	2011	GT2013	GT.06A	Boralde de Flaujac	St Côte d'Olt
L329	T18413-T18442	30	2009	GSALM2+GT2013	GS-05	Epie	-
L267	T16956-T16985	30	2008	GSALM2	GS-36	pisciculture de Seine Maritime	-
L268	T16986-T17015	29	2008	GSALM2	GS-35	pisciculture du Pas de Calais	-

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés (en jaune) et des échantillons de référence dont des échantillons de pisciculture (en gris). Les sigles GS et GT font références aux projets nationaux GENESALM et GENETRUTTA respectivement

3. Analyses moléculaires

Les 22 truites ont été analysées au niveau de 12 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: One μ 9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, MST 543, Ss0sL438, Sf01, Ssa197, Omm1105, Ss0sL417, Str 591, et Str BS 131.

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 deux 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 de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER);

5. Résultats

5.1. Analyses multidimensionnelles

La Figure 2 positionne toutes les truites analysées en fonction de l'ensemble de leurs génotypes au niveau des 12 marqueurs microsatellites analysés. Les échantillons choisis pour comparaison montrent clairement qu'ils comportent 3 types génétiques: (i) le Lot et la Boralde

de Flojac (affluent du Lot), (ii) l'Epie (affluent de la Truyère) et (iii) les formes domestiques atlantiques ici représentées par deux piscicultures françaises lointaines.

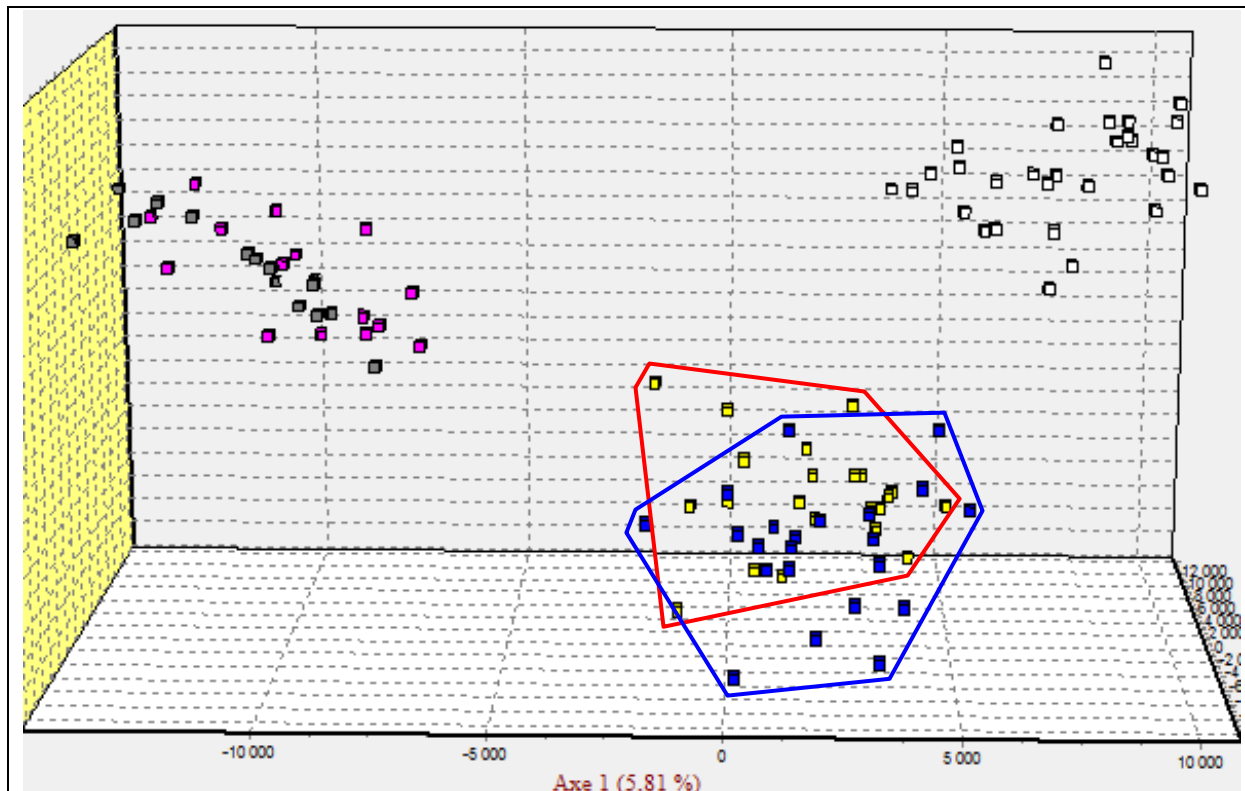


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme permet déjà de voir que les truites du **Lot** (enveloppe rouge) n'ont subi aucune influence des **truites domestiques** (carrés en haut à gauche); que les truites de l'affluent voisin **Boralde de Flojac** (enveloppe bleue) leur ressemble beaucoup, contrairement aux truites de l'**Epie** (carrés blancs en haut à droite).

5.2. Analyses d'assignation

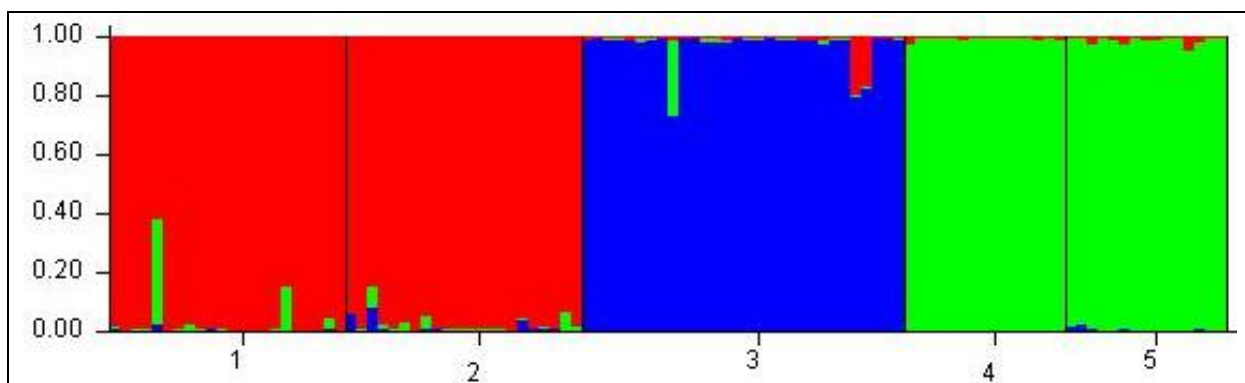


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogramme. Chaque truite est représentée par une fine barre verticale; chacune des k sous-unités a reçu une couleur au hasard; l'ordre des truites et des échantillons est exactement celui du Tableau 1. Cette analyse nous permet déjà de dire que les truites du haut Lot et la Boralde de Flojac sont génétiquement très proches et renferment très peu de formes domestiques (négligeable, voir Tableau 2).

Les analyses d'assignation (logiciel STRUCTURE) 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 3 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.

	Nombre	Lot	Truyère	Domestiques
Lot	22	97	1	3
Boralde de Flaujac	22	97	1	1
Epie	30	2	97	1
pisciculture de Seine Maritime	15	1	0	99
pisciculture du Pas de Calais	15	1	1	98

Tableau 2 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme de pourcentage d'assignation de chaque échantillon analysé aux k sous-unités détectées.

6. Interprétation des résultats

L'analyse d'une seule population de truite ne permet pas de décrire de structure géographique. Il est clair que son intérêt principal est de participer au projet national *GENETRUTTA* et de figurer dans le futur rapport GT2004 (prévu en septembre 2014).

En se limitant au seul échantillon du Lot en amont de Mende et en rajoutant les autres échantillons voisins analysés dans le passé par l'ISEM sur les mêmes 12 microsatellites, quelques informations intéressantes peuvent être obtenues:

- la population de truites du Lot en amont de Mende est totalement sauvage, exempte du moindre allèle domestique (1 à 3% doit être considéré comme du "bruit de fond" de la méthode.;

- cette population est génétiquement très proche de celle d'un affluent voisin du Lot: la Boralde de Flojac, elle aussi purement sauvage;

- la population plus lointaine du ruisseau de l'Epie (affluent de la Truyère) présente une composition génétique bien différente, tout en étant totalement sauvage.

En conclusion, comme à chaque fois qu'une population est montrée comme totalement ou presque sauvage (= sans apport de truites domestiques), il faut se poser la question de l'intérêt des repeuplements passés éventuels et de la gestion patrimoniale, seule capable de préserver la biodiversité de l'espèce.

Fait à Montpellier le 12 février 2014

7. Littérature citée

- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. ([GSALM2](#))
- Berrebi P. 2013. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Rapport de juillet 2013 ([GT2013](#)) - 1/3: Rapport d'étude pour la FNPF. Université Montpellier 2. 16p.