

# Analyse génétique de truites du département de l'Yonne: rivières Cure, Trinquelin et Tholon, dans le cadre du programme national GENETRUTTA Projet GT-YON1

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**

Analyses moléculaires: **Zhaojun SHAO**

ISEM, Université Montpellier 2, Tel: 04 67 14 37 32, Mél: [patrick.berrebi@univ-montp2.fr](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)

Données écologiques : **Jean-Louis CLERE**

FD 89, Auxerre, Tel: 03 86 51 03 44, Mél: [jeanlouis.clere@peche-yonne.com](mailto:jeanlouis.clere@peche-yonne.com)



Echantillonnage sur la Cure (© FD89)



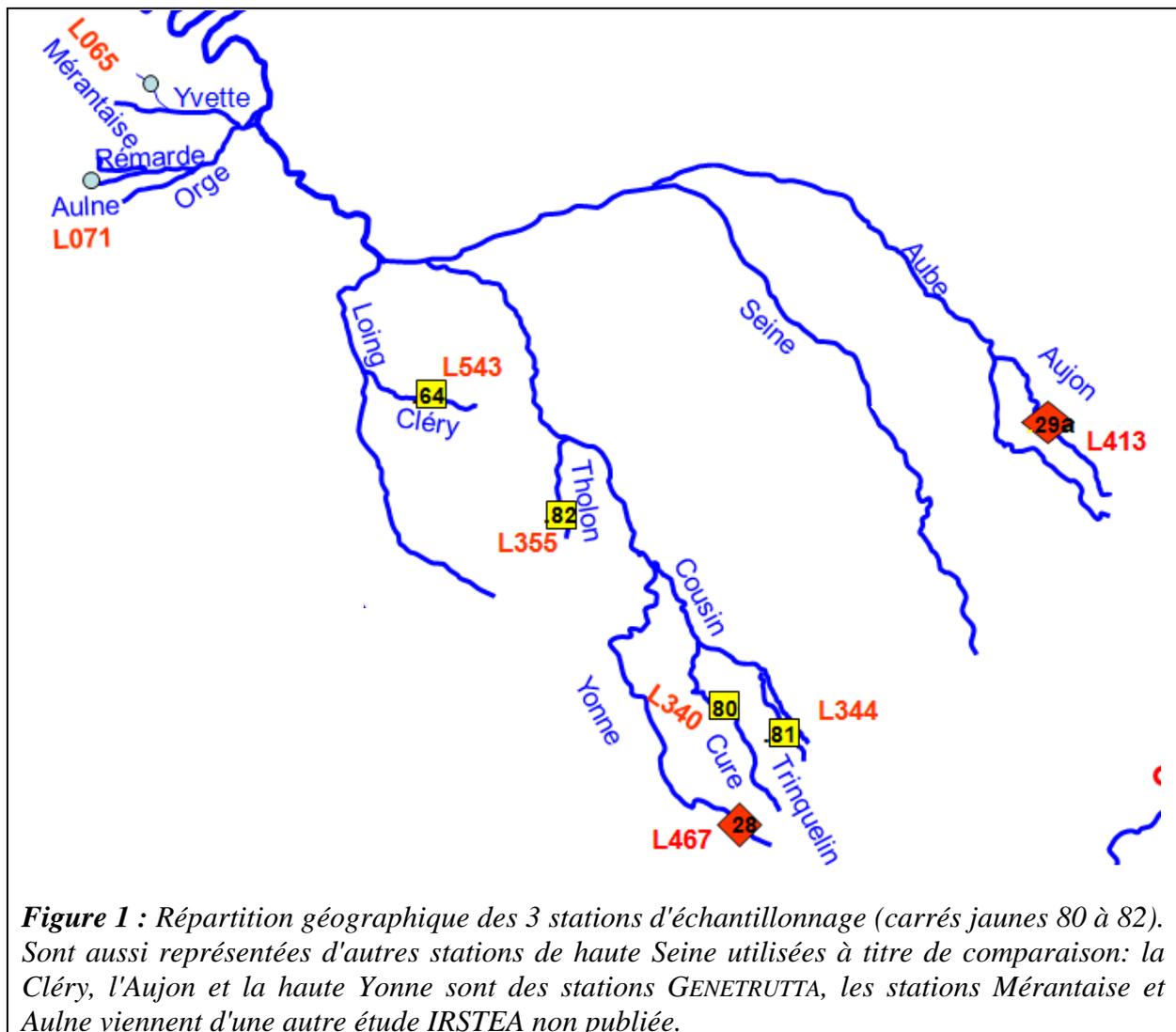
## 1. Introduction

Le projet GT-YON1 participe à la description génétique des truites de l'Yonne. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Plus spécifiquement, les trois échantillons de 2012-2013 font partie du projet national GENETRUTTA (2013-2015) qui établit la carte nationale des lignées génétiques de truites. Les échantillons de l'Yonne seront donc inclus au rapport GT2014 prévu pour septembre 2014.

## 2. Echantillonnage

Les 60 truites du département de l'Yonne sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 6 novembre 2013. Mr Jean-Louis Clère est le correspondant de la Fédération de l'Yonne 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 de l'Yonne ont été

rajoutés des échantillons de référence, de types connus, déjà analysés dans le passé (Tableau 1). Ils serviront à interpréter les résultats obtenus.

Station	Bassin	N° ISEM des échantillons	N° ISEM des truites	Nombre	Date	Rapports	N° Genesalm ou Genetrutta
<b>Cure</b>	Yonne-Seine	<b>L340</b>	<b>T25722-T25741</b>	<b>20</b>	juil-13	<b>GT-YON1</b>	<b>GT.080</b>
<b>Trinquelin</b>	Cousin-Cure-Yonne-Seine	<b>L344</b>	<b>T25742-T25761</b>	<b>20</b>	sept-12	<b>GT-YON1</b>	<b>GT.081</b>
<b>Tholon</b>	Yonne-Seine	<b>L355</b>	<b>T25762-T25781</b>	<b>20</b>	sept-13	<b>GT-YON1</b>	<b>GT.082</b>
<b>Yonne à Arleuf</b>	Seine	<b>L467</b>	<b>T21500-T21531</b>	<b>22</b>	2011	<b>GT2013</b>	<b>GT.028</b>
<b>Cléry</b>	Loing-Seine	<b>L543</b>	<b>T24101-T24120</b>	<b>20</b>	2012	<b>GT-LOIRET+GT2013</b>	<b>GT.064</b>
<b>Aujon à Pont la Ville</b>	Aube-Seine	<b>L413</b>	<b>T20300-T20336</b>	<b>22</b>	2012	<b>GT2013</b>	<b>GT.029A</b>
<b>Mérantaise</b>	Yvette-Seine	<b>L065</b>	<b>T23153-T23175</b>	<b>23</b>	2012	<b>IRSTEA1</b>	<b>GT.074</b>
<b>Aulne</b>	Rémarde-Orge-Yvette-Seine	<b>L071</b>	<b>T23176-T23191</b>	<b>16</b>	2012	<b>IRSTEA1</b>	<b>GT.075</b>
<b>pisciculture Seine Maritime</b>	-	<b>L267</b>	<b>T16956-T16985</b>	<b>20</b>	2008	<b>GSALM2</b>	<b>GS-36</b>
<b>pisciculture Pas de Calais</b>	-	<b>L268</b>	<b>T16986-T17015</b>	<b>20</b>	2008	<b>GSALM2</b>	<b>GS-35</b>

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

### 3. Analyses moléculaires

Les 60 truites ont été analysées au niveau de 12 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: Oneµ9, 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 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 (espace mathématique défini par beaucoup plus que 3 dimensions);

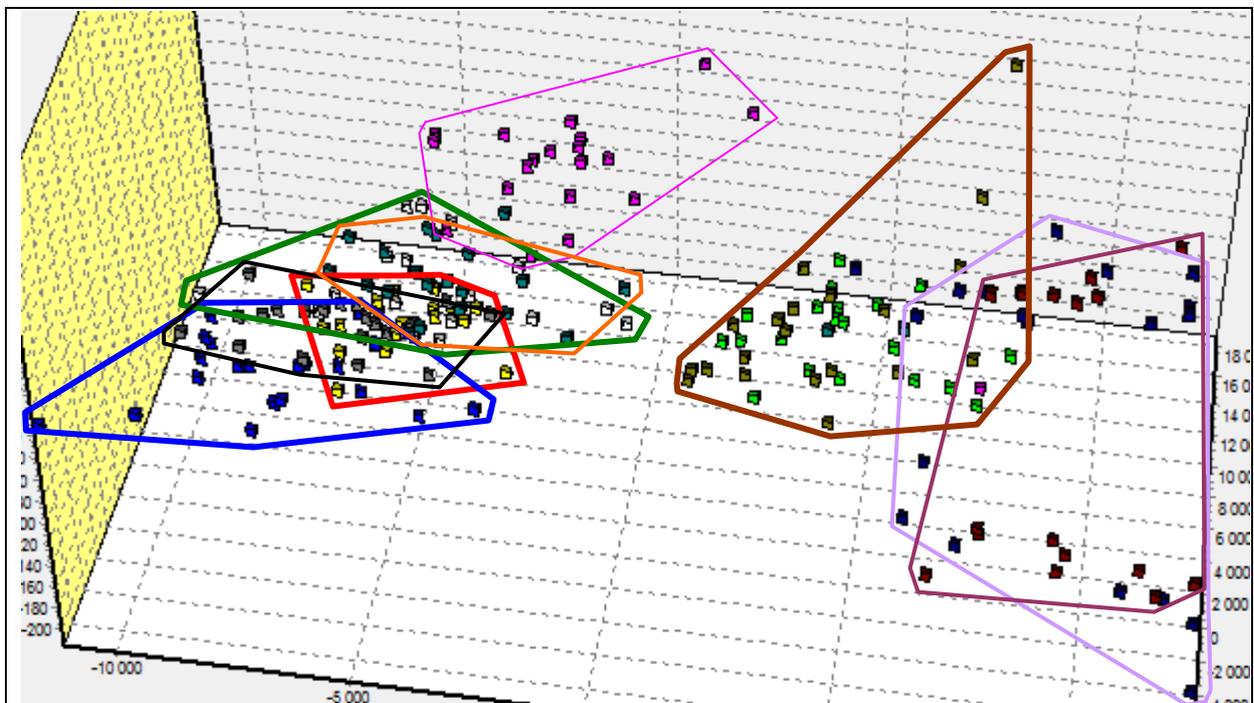
- les analyses d'assignation recherchent le nombre objectif de sous-unités homogènes dans la matrice de génotypes grâce au logiciel STRUCTURE (le nombre de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER) et assigne chaque truite à une sous-unité;

- 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

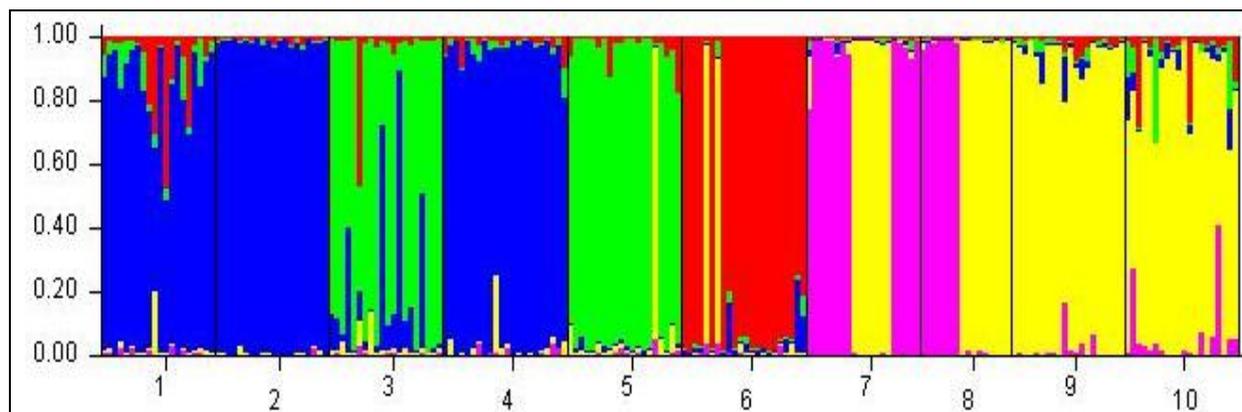
La Figure 2 positionne toutes les truites analysées en fonction de l'ensemble de leurs génotypes au niveau des 12 marqueurs microsatellites analysés. Cette première analyse garantit déjà que les populations de l'Yonne ne présentent aucune trace de truites domestiques (espace vide entre les enveloppes respectives) et qu'elles sont génétiquement homogènes, associées avec les autres stations de l'Yonne et de l'Aube. Les populations de l'Yonne apparaissent distinctes de la Cléry et surtout des deux stations de l'Yvette.



**Figure 2 :** Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme permet déjà de voir un groupe assez homogène à gauche comprenant les trois stations de l'Yonne (la **Cure** en rouge, le **Trinquelin** en bleu et le **Tholon** en vert), associées aux stations de référence proches (l'**Yonne** amont en noir et l'**Aujon** en orange). Proche mais décalée, la **Cléry** est génétiquement distincte. Les deux stations de l'Yvette se retrouvent complètement à droite (**mauve** et **violet**) et les truites **domestiques** au centre (marron). ...

### 5.2. Analyses d'assignation

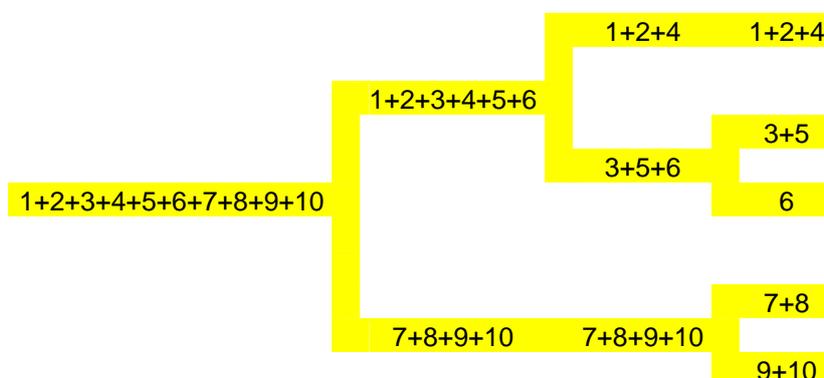
Les analyses d'assignation (logiciel STRUCTURE) permettent un découpage de l'échantillonnage global (nouveaux échantillons + échantillons de référence) en  $k$  sous-unités homogènes (proche des caractéristiques d'une population en équilibre). La valeur de  $k$  a été estimée à 5 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et le Tableau 2 sous forme de pourcentages.



**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 de dire que Cure et Trinquelin sont très semblables et proches de l'Yonne, mais différents du Tholon lui même proche de la Cléry. Les stations du département de l'Yonne sont indemnes de présence domestique.

	CURE	THOLON	AUJON	YVETTE	Pisciculture
Cure	83	5	9	1	2
Trinquelin	97	1	1	0	1
Tholon	17	77	4	1	2
Yonne à Arleuf	93	2	2	1	2
Cléry	1	88	3	1	7
Aujon à Pont la Ville	3	1	86	1	9
Mérantaise	1	1	1	62	36
Aulne	0	0	0	43	55
pisciculture Seine Maritime	2	1	2	2	92
pisciculture Pas de Calais	3	5	5	6	81

**Tableau 2 :** Transposition de l'histogramme de la Figue 3 sous forme de pourcentage d'assignation de chaque échantillon analysé aux  $k$  sous-unités détectées. Les pourcentages inférieurs à 5% peuvent correspondre à du bruit de fond et ne sont pas fiables.



**Figure 4 :** Transposition de l'histogramme de la Figue 3 sous forme d'arbre. Nous retrouvons le regroupement de Cure-Trinquelin avec Yonne (1+2+4) et le regroupement du Tholon avec la Cléry (3+5).

### 5.3. Paramètres populationnels

Le Tableau 3 expose les valeurs des paramètres populationnels des échantillons nouveau et des échantillons de référence à des fins de comparaison.

Les paramètres de polymorphisme (en orange) sont l'hétérozygotie non biaisée (Hn.b.) qui donne la proportion théorique d'hétérozygotes, l'hétérozygotie observée (Hobs) qui donne la proportion observée d'hétérozygotes et A qui est le nombre moyen de variants génétiques par marqueur. Ces trois paramètres indiquent le niveau de polymorphisme génétique dans chaque échantillon. Il est habituel de trouver les souches de pisciculture, issues de mélanges, plus polymorphes ( $H_{nb} > 0,75$ ) que les populations naturelles ( $H_{nb}$  entre 0,52 et 0,72).

L'écart entre  $H_{nb}$  et  $H_{obs}$  donne une idée de la panmixie de l'échantillon (toutes les truites se reproduisent au hasard sur les lieux d'échantillonnage). C'est le cas de la Cure et du Trinquelin, mais pas du Tholon. C'est attribuable à l'échantillonnage en de multiples points (voir Annexe 1) et suggère qu'il y a plusieurs frayères sur ce parcours.

Station	Hnb	Hobs	A	Fis	signif.
Cure	0,62	0,60	6,08	0,05	ns
Trinquelin	0,52	0,48	4,33	0,06	ns
Tholon	0,64	0,56	6,42	0,12	**
Yonne à Arleuf	0,52	0,45	5,92	0,13	***
Cléry	0,67	0,65	7,08	0,02	ns
Aujon à Pont la Ville	0,61	0,58	7,25	0,05	ns
Mérantaise	0,72	0,58	5,92	0,20	***
Aulne	0,70	0,65	5,42	0,07	*
pisciculture Seine Maritime	0,75	0,73	6,50	0,03	ns
pisciculture Pas de Calais	0,76	0,71	9,17	0,07	*

**Tableau 3 :** Paramètres populationnels des échantillons de l'Yonne et des échantillons de référence. Les entêtes orange correspondent aux paramètres de polymorphisme; les entêtes bleues aux paramètres d'équilibre panmictique : si significatif (\*, \*\* ou \*\*\*), le Fis indique que plus d'une lignée est présente dans l'échantillon. ns = non significatif. Voir les explication au chapitre Interprétation.

	CUR	TRI	THO	YON	CLE	AUJ	MER	AULN	PSM	PPDC
Cure	0	0,08	0,07	0,10	0,10	0,08	0,15	0,16	0,14	0,10
Trinquelin		0	0,14	0,14	0,20	0,15	0,24	0,25	0,18	0,18
Tholon			0	0,11	0,12	0,13	0,16	0,17	0,13	0,11
Yonne à Arleuf				0	0,17	0,16	0,22	0,23	0,19	0,18
Cléry					0	0,16	0,14	0,16	0,13	0,12
Aujon à Pont la Ville						0	0,15	0,17	0,13	0,09
Mérantaise							0	0,00	0,08	0,05
Aulne								0	0,08	0,08
pisciculture Seine Maritime									0	0,04
pisciculture Pas de Calais										0

**Tableau 4 :** Matrice triangulaire des  $F_{st}$  par paire d'échantillon. Toutes les comparaisons (paires de stations) sont significatives à l'exception de celle indiquée en orange.

Le Tableau 4 donne les valeurs de  $F_{st}$  entre chaque paire d'échantillons analysés. Ces valeurs peuvent être considérées comme des distances génétiques indiquant leur différenciation. Les  $F_{st}$  sont tous significatifs à l'exception de la paire Aulne/Mérantaise. On peut en conclure que même les stations génétiquement identiques (ex. Cure et Trinquelin) forment toutefois des populations distinctes car se reproduisant séparément.

Ces paramètres populationnels aident à l'interprétation biologique des résultats présentés dans le chapitre suivant.

## 6. Interprétation des résultats

### 6.1. Description de la structure génétique observée

Les deux méthodes statistiques employées (analyses multidimensionnelles et d'assignation) permettent de découper les échantillons analysés en lignées locales ou nationales. La Figure 3 et le Tableau 2 font apparaître trois lignées naturelles dans la zone étudiée (on oubliera le type Yvette qui appartient à une autre zone géographique):

- le type Cure (voir Annexes 4 et 5) se trouve logiquement dans la Cure et le Trinquelin, très proches; ce type se trouve aussi en amont de l'Yonne près d'Arleuf. Dans le bassin de la Seine historique, les truites pouvaient probablement se déplacer d'un affluent à l'autre, homogénéisant les populations. Cela n'est plus possible actuellement en raison du cloisonnement important de ces cours d'eau;

- le type Tholon (voir annexe 6) se retrouve aussi dans la Cléry, marque probable de possibilité migratoires anciennes: une analyse fine de tous les affluents de la région nous donnerait la logique géographique de ces migrations devenues aujourd'hui impossibles;

- le type Aujon est différent, ce qui est logique compte tenu de la distance.

### 6.2. Caractéristiques des trois stations échantillonnées

La **Cure** est une population panmictique, qui se reproduit donc librement sans perturbation et sans apport d'éléments étrangers ( $F_{is}$  non significatif, Tableau 3). Il n'y a pas de trace fiable de présence domestique (2%, Tableau 2, en dessous du seuil de sensibilité de la méthode). Le type morphologique est montré en annexe 4.

La Cure est actuellement gérée de façon patrimoniale sur ce secteur, sans alevinage depuis 1987. Nous sommes dans un tronçon court-circuité (TCC) entre deux barrages EDF infranchissables mais il n'y a aucun cloisonnement entre les deux. Il y a quelques affluents peu productifs et sans alevinage aussi. La circulation avec les affluents est assez compliquée en montaison mais la dévalaison se fait sans encombre.

Notons que le milieu (la Cure et ses affluents) est loin d'être à sa capacité d'accueil optimale. Nous sommes dans un système où normalement la densité de truite devrait avoisiner les 2000 ind/ha contre 500 à 1200 actuellement selon les secteurs. Pour les affluents, la situation est plus problématique dans la mesure où la plupart de ceux-ci sont exempts ou presque de truite (0 à 500 ind/ha contre 3000 à 5000 attendus) et ne peuvent donc pas exporter vers la rivière principale. Les affluents qui possèdent encore une population de truite sont eux aussi en sous effectifs chronique. Ce déficit s'explique assez bien:

- sur la Cure, le débit réservé, historiquement très faible, associé à une faible présence de frayères pour la truite, ne permet pas de saturer les habitats piscicoles disponibles. Le transport solide est bloqué dans des lacs de barrage (Settons, Chaumeçon, Crescent, Malassis) d'où un déficit en granulométrie favorable à la reproduction de la truite. En fait nous avons un

habitat favorable mais une reproduction naturelle trop faible. Les densités les plus fortes sur la Cure sont toujours observées au niveau du seul affluent qui abrite une population dense de truites. La hausse du débit réservé en 2013 (234 l/s à 900 l/s) fait partie des mesures attendues pour améliorer la situation, le suivi mis en place nous le dira.

- sur les affluents, le piétinement par le bétail, les travaux d'hydrauliques, les ouvrages... ont considérablement amoindri le potentiel reproducteur.

Le **Trinquelin** est également en panmixie, avec un polymorphisme plus bas que celui de la Cure (Tableau 3), ce qui pourrait être le signe d'une population de plus faible effectif. Ici aussi, les truites domestiques sont absentes (1%). Ce type naturel est représenté en Annexe 5.

Ce résultat est logique car cette rivière est gérée de façon patrimoniale sans alevinage depuis 1987 et le secteur amont est fermé par le barrage de Saint Agnan (58), ce qui empêche l'arrivée de truites éventuellement hybridées avec la forme domestique. A l'aval, quelques ouvrages plus ou moins franchissables limitent les échanges, mais la fonctionnalité globale est plutôt bonne grâce à quelques affluents très productifs.

L'échantillon du **Tholon** n'est pas panmictique (Tableau 3) mais cela s'explique par la longueur de la zone pêchée (voir la carte en Annexe 1) et par le cloisonnement dans sa partie amont. Si plusieurs frayères existent entre les points de capture, les truites échantillonnées ne se croisent pas toutes au hasard mais en sous-groupes, créant un déséquilibre naturel. Exempt de présence domestique (1%, Tableau 2), cette lignée naturelle est représentée en annexe 6.

Ce cours d'eau subit des apports annuels mais ils sont localisés à l'aval du bassin versant et vont en diminuant d'année en année (200/300 kg concentré sur quelques centaines de mètres) et se pratiquent en début de saison de pêche. L'absence de forme domestique peut s'expliquer de deux façons: (i) ces déversements de truites se font actuellement en majorité à partir d'adultes qui sont connus pour ne pas survivre au premier hiver; d'autre part, les alevins et boîtes Vibert (dont l'usage décroît) sont et ont été parfaitement inadaptés à la rivière et n'arrivent pas à l'âge de reproduction ou (ii) seconde hypothèse (peu probable) la souche utilisée n'est pas la souche commerciale atlantique française (99% des piscicultures françaises) et seul un échantillon de cette souche particulière permettrait sa détection.

Historiquement il y avait une grande pratique de la boîte Vibert sur quelques affluents servant de ruisseaux pépinière, avec capture et translocation vers le Tholon... mais ceci est arrêté depuis 1993. Si cette pratique avait été efficace, on en aurait trouvé les hybrides dans la population actuelle.

Les ouvrages sont peu franchissables sauf ouverture des vannes, ce qui se produit assez peu souvent. Le milieu est peu productif, très sableux naturellement, mais lors de notre étude en 2013, sur 17 stations couvrant tout le bassin, seule la station la plus aval n'avait pas de truite (voir Annexe 1). La densité en truites est très faible (en dehors de deux affluents très productifs), ce qui explique qu'il a fallu faire des captures multiples.

Pour le Tholon, les deux tiers amont vont bientôt être, de fait, en gestion patrimoniale par défaut d'alevinage.. Cependant une large majorité des pêcheurs est favorable à la pratique de l'alevinage. Les résultats de la présente étude devrait contribuer à faire faire changer ce point de vue: bien que la densité de truites naturelle soit faible par rapport aux apports immédiats des alevinages surdensitaires, le Tholon héberge tout de même des truites sauvages, celles qui habitaient la région avant que l'homme n'intervienne sur le milieu. La gestion ancienne (alevinage) a donc montré ses limites en terme de maintien de l'espèce. La seule action

possible reste donc l'amélioration du milieu et peut-être le déversement de truites portion à l'ouverture sur des parcours sans enjeu patrimoniaux.

En conclusion, les analyses génétiques nous montrent que les 3 stations analysées sont en équilibre populationnel (le déséquilibre panmictique du Tholon est naturel). Ces populations ont toutes les caractéristiques de lignées naturelles de deux types (type Cure et type Tholon), en bonne santé génétique (en panmixie, sans d'hybridation domestique, polymorphisme normal pour ces rivières modestes). Les problèmes démographiques (faibles densités) sont une réalité mais ne peuvent pas être abordés par la génétique.

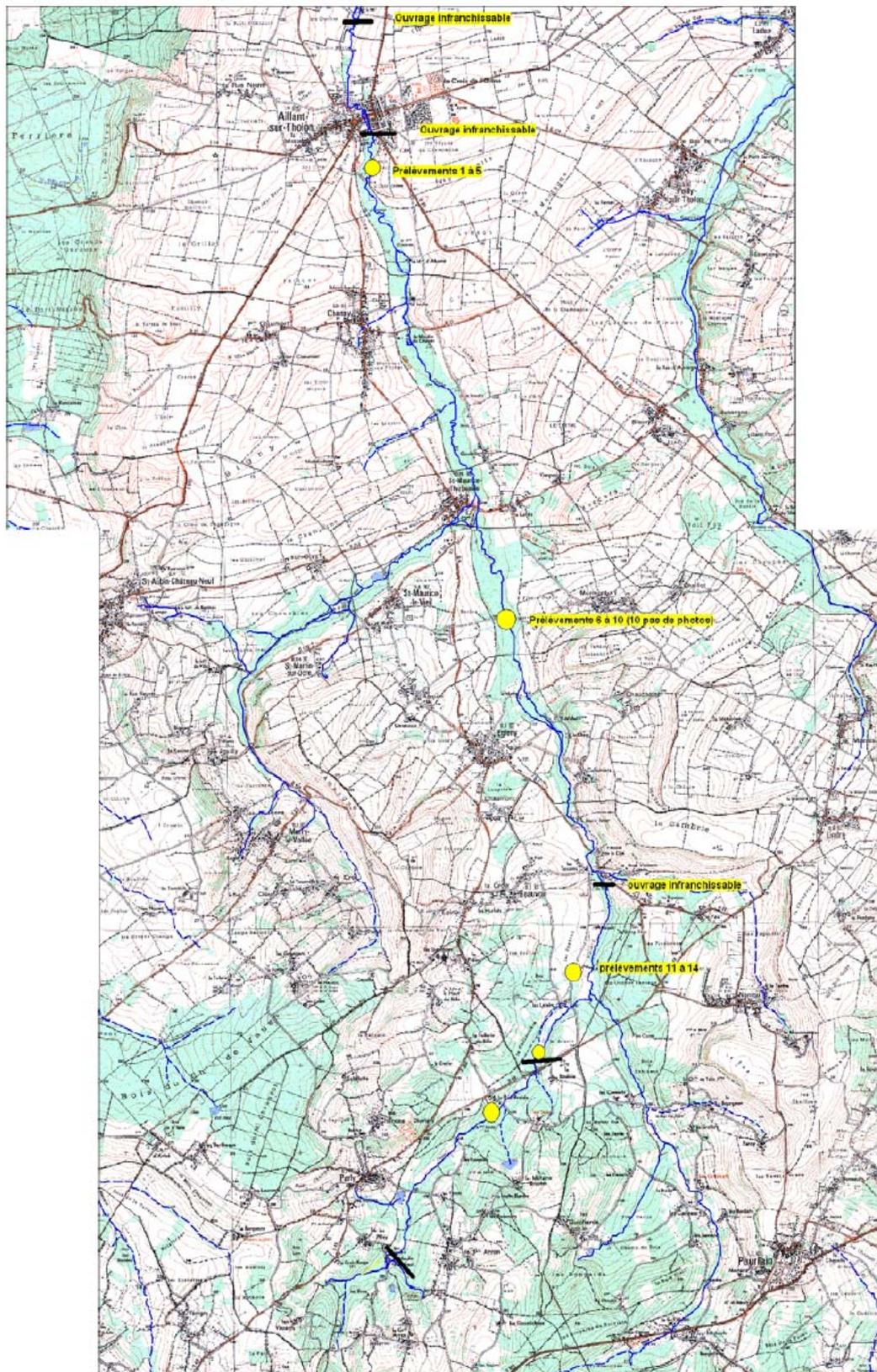
Etant de lignées naturelles, ne présentant pas de trace d'apport domestique, ces rivières devraient être gérées de façon patrimoniale pour protéger ces types génétiques adaptés aux milieux.

## 7. Littérature citée

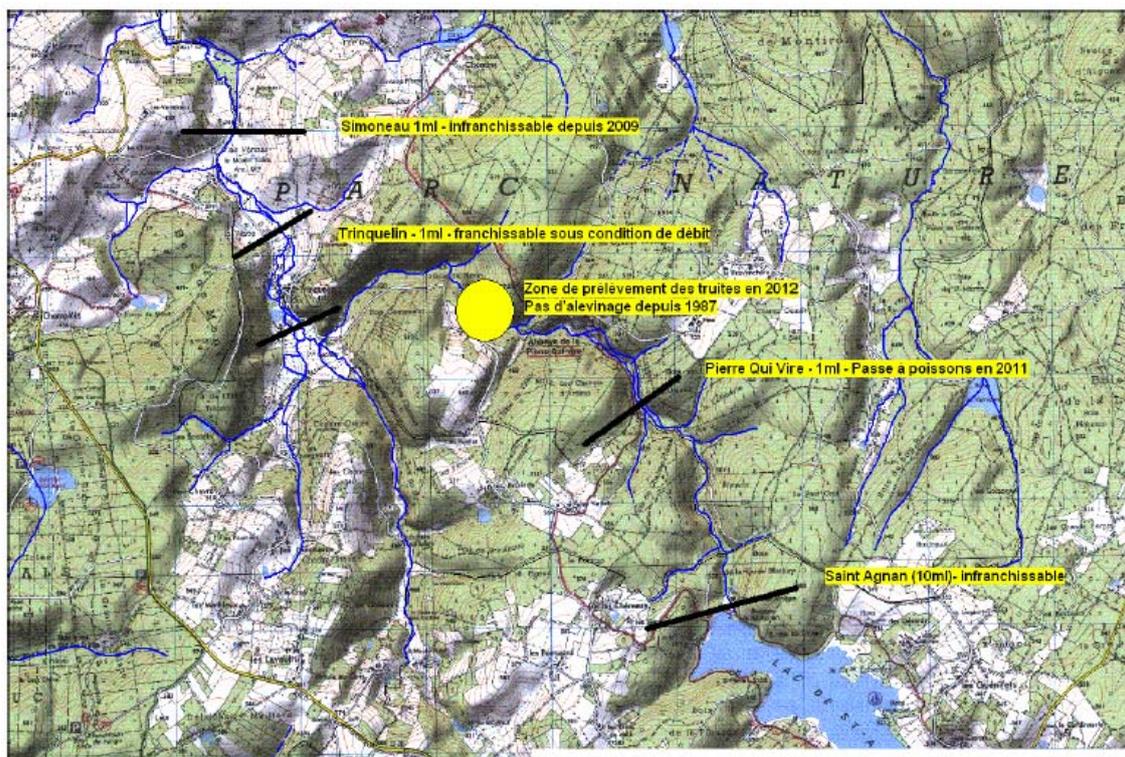
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. ([GSALM2](#))
- Berrebi P. 2012. Etude génétique de truites communes sur le territoire du PNR Chevreuse (78 et 91) - Analyse génétique sur 16 microsatellites: Rapport de collaboration avec Equipe Hydro-écologie, HBAN, IRSTEA Antony. 4p. ([IRSTEA1](#))
- Berrebi P. 2013. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Rapport de juillet 2013 - 1/3: Rapport d'étude pour la FNPF. Université Montpellier 2. 16p. ([GT2013](#))
- Berrebi P., and Shao Z. 2013. Analyse génétique des truites de la Cléry, affluent rive gauche de l'Axe Loing, bassin de la Seine (Loiret), dans le cadre du programme national Genetrutta - Projet GT-LOIRET - Rapport de janvier 2013: Rapport pour la FD45, Université Montpellier 2. 10p. ([GT-LOIRET](#))

*Fait à Montpellier le 20 février 2014*

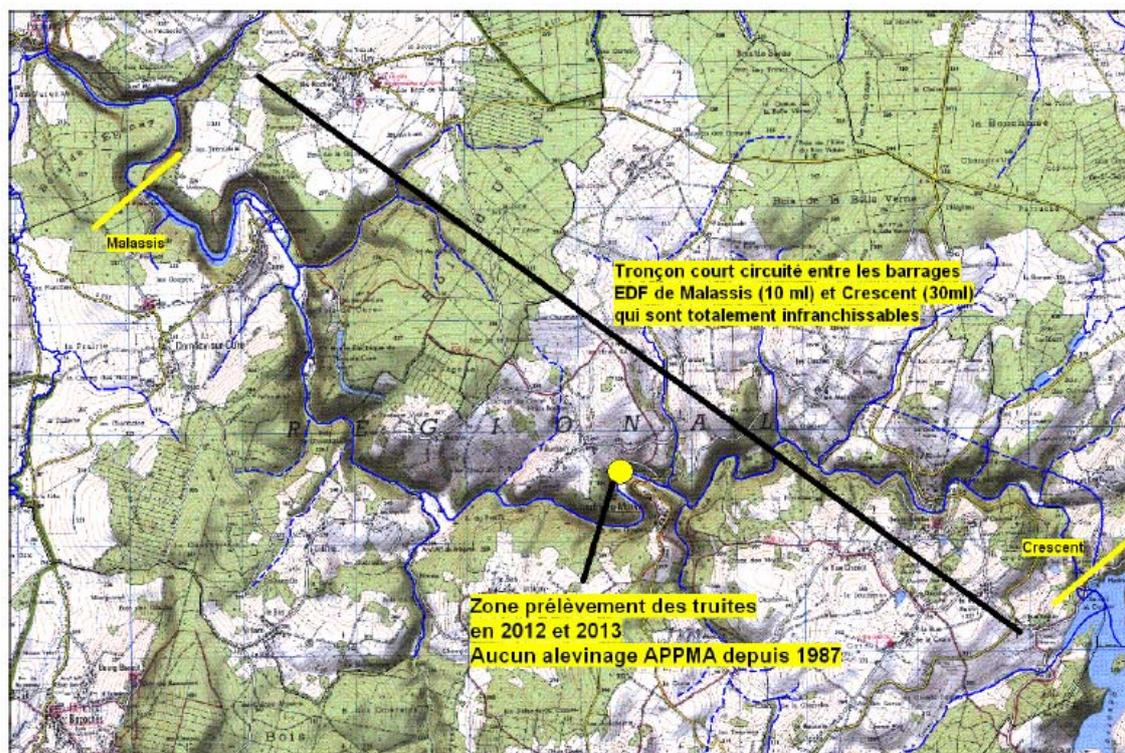
## 8. Annexes



*Annexe 1 : Détails topographiques et de lieux de capture autour du Tholon*



*Annexe 2 : Détails topographiques autour du Trinquelin*



*Annexe 3 : Détails topographiques autour de la Cure.*



*Annexe 4 : Truite de la Cure (spécimen n°4)*



*Annexe 5 : Truite du Trinquelin (spécimen n°12)*



*Annexe 6 : truite du Tholon (spécimen n°2)*