

# **Structuration génétique des truites du Vers, du Vert, de la Rauze et du Drauzou Projet LOT4**

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](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)



## 1. Introduction

Le projet LOT4 participe à la description génétique des truites du bassin du Lot. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Plus spécifiquement, quatre nouveaux affluents et sous-affluents du Lot ont été échantillonnés en 2013 complétant cette partie du réseau hydrographique du département du Lot.

## 2. Echantillonnage

Les 81 truites du Lot sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 25 novembre 2013. Mr Laurent Fridrick est le correspondant de la Fédération de Pêche du Lot (46) 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 2013 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.



**Figure 1** : Répartition géographique des 4 stations d'échantillonnage de 2013 ainsi que des autres stations de référence du Lot. Rivière en rouge : le Lot. Les numéros de stations sont expliqués au Tableau 1.

co de	Station	Bassin	Nbre	Date	N° ISEM échantillon	N° ISEM individus	Rapport	N° GS & GT
1	Vert	Lot/Garonne	25		L359	T25782 T25806	LOT4	-
2	Vers	Lot/Garonne	17		L364	T25807 T25823	LOT4	-
3	Rauze	Vers/Lot/Garonne	14		L376	T25849 T25862	LOT4	-
4	Drauzou	Célé/Lot/Garonne	25		L373	T25824 T25848	LOT4	-
5	Bervezou au moulin Siran	Célé/Lot/Garonne	30	28/07/11	L489	T22071 T22100	LOT2+ GT2013	GT.061
6	Lot amont Mende	Garonne	22	26/08/13	L330	T25700 T25721	GT-LOZ3	GT.079
7	pisciculture du Colombier	Bervezou/Célé/Lot/Garonne	30	16/03/10	L372	T19346 T19375	LOT1	-
8	pisciculture Seine Maritime	-	30	2008	L267	T16956 T16985	GSALM2	GS-36
9	pisciculture Pas de Calais	-	29	2008	L268	T16986 T17015	GSALM2	GS-35

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

### 3. Analyses moléculaires

Les 81 truites ont été analysées au niveau de 6 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: Oneµ9, MST85, SSOSL 311, Omy21Dias, MST543 et SSOSL438.

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

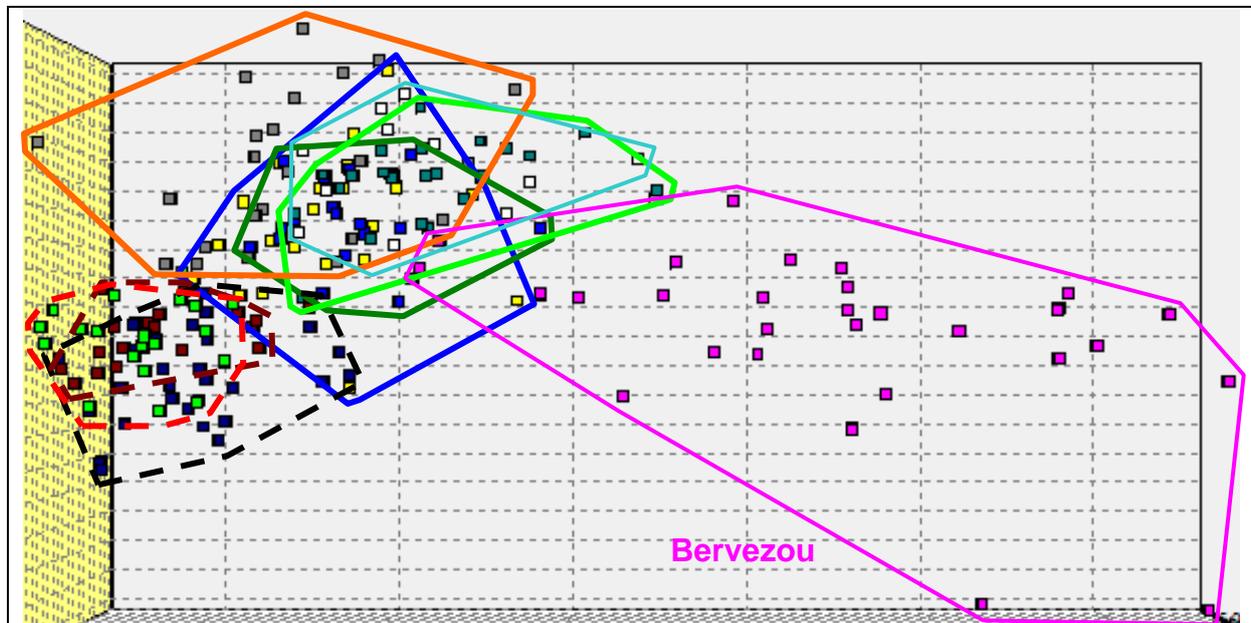
Ces analyses consistent à permettre l'interprétation des résultats. Elles sont constituées de trois étapes principales:

- 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 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.

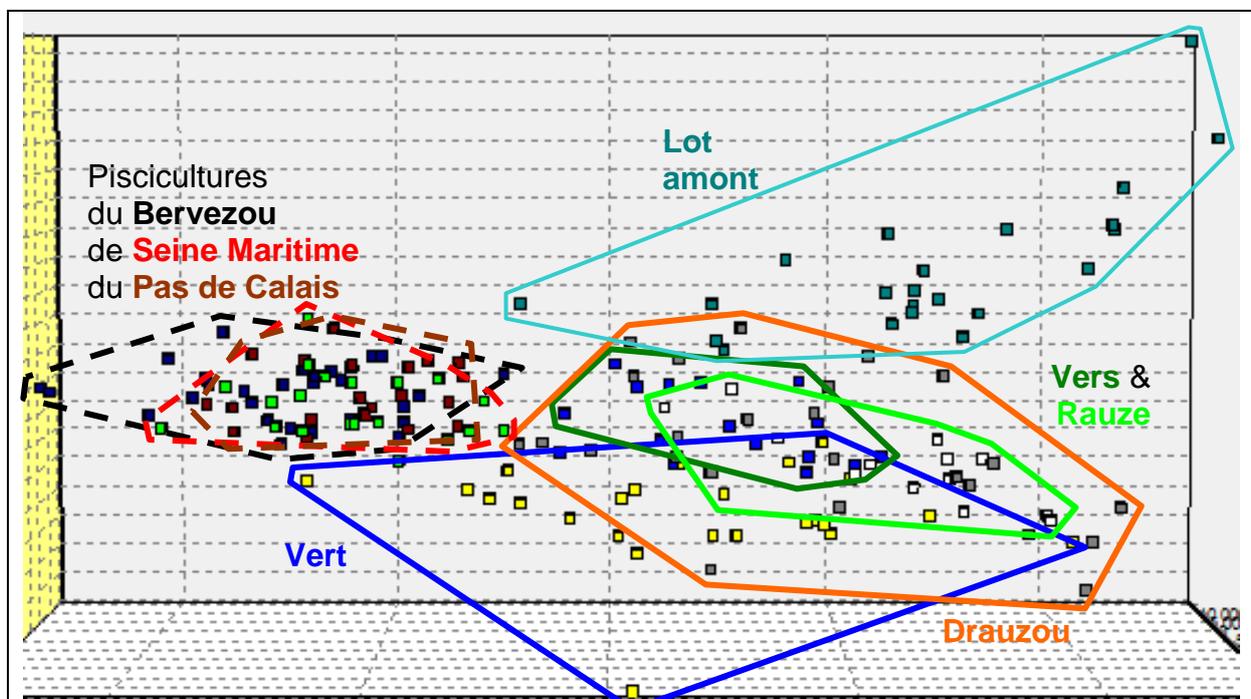
## 5. Résultats

### 5.1. Analyses multidimensionnelles

La Figure 2 positionne toutes les truites analysées en fonction de l'ensemble de leurs génotypes aux 6 marqueurs microsatellites analysés.



*Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme montre la particularité génétique du Bervezou. La signification des couleurs est donnée à la Figure 3.*

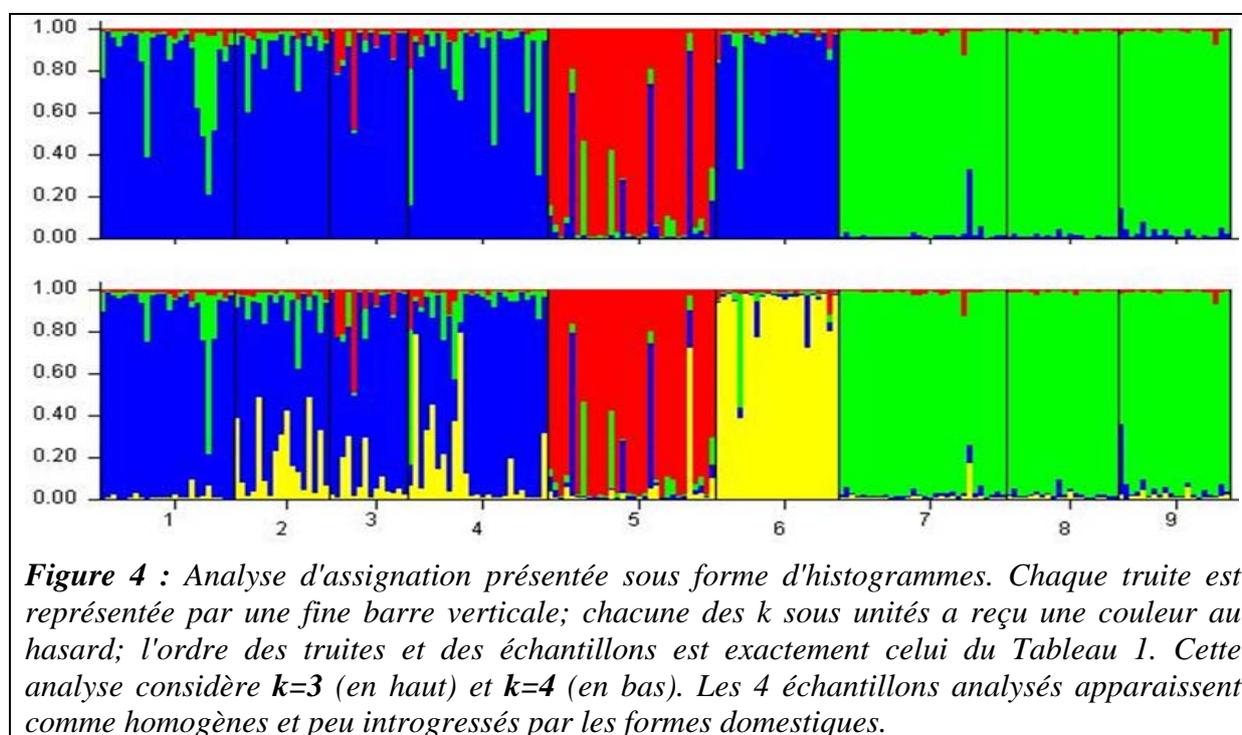


*Figure 3 : Même analyse mais sans l'échantillon du Bervezou. Les relations génétiques entre les échantillons de 2013 et les références de pisciculture sont plus claires.*

La population du Bervezou présente une différence vis à vis des autres et une diversité telle qu'elle gêne l'analyse. Une analyse similaire a été refaite sans cet échantillon (Figure 3). Les échantillons de 2013 apparaissent comme très semblables entre eux, légèrement différents de l'échantillon du Lot amont, très différents de la population du Bervezou. Les relations avec les formes domestiques, même locales (pisciculture du Colombier, sur le Bervezou), sont très faibles (proximité mais quasiment pas de recouvrement des enveloppes des types correspondants).

## 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 de populations en équilibre). La valeur  $k$  a été estimée à 3 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 4 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et le Tableau 2 sous forme de pourcentages.



Stations	Nbre	Vert	Célé 1	Lot	domestique
<b>Vert</b>	24	89	2	2	8
<b>Vers</b>	17	69	2	22	8
<b>Rauze</b>	14	77	9	11	3
<b>Drauzou</b>	25	73	3	16	8
<b>Bervezou (Moulin Siran)</b>	30	8	82	5	5
<b>Lot (Mende)</b>	22	3	2	91	4
Piscic. Bervezou	30	2	1	2	95
Piscic. Seine Maritime	20	2	1	1	96
Piscic. Pas de Calais	20	4	1	2	93

**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.

### 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.

	Hnb	Hobs	A	Fis	signif.
<b>Vert</b>	0,76	0,69	8,2	0,10	*
<b>Vers</b>	0,75	0,66	8,0	0,13	**
<b>Rauze</b>	0,71	0,80	5,2	-0,12	*
<b>Drauzou</b>	0,79	0,69	9,5	0,13	**
Bervezou au moulin Siran	0,63	0,42	7,8	0,35	***
Lot amont Mende	0,71	0,67	6,8	0,06	ns
pisciculture du Colombier	0,79	0,77	10,0	0,03	ns
pisciculture Seine Maritime	0,75	0,68	6,2	0,09	*
pisciculture Pas de Calais	0,78	0,73	8,8	0,07	ns

**Tableau 3** : Paramètres populationnels des échantillons de 2013 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 les truites ne se croisent pas au hasard 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 indiquant leur différenciation.

	VRT	VRS	ROZ	DRZ	BRV	LOT	PBR	PSM	PPC
<b>Vert</b>	0	0,09	0,09	0,05	0,18	0,15	0,11	0,13	0,12
<b>Vers</b>		0	0,04	0,09	0,17	0,12	0,14	0,12	0,12
<b>Rauze</b>			0	0,08	0,16	0,12	0,17	0,17	0,15
<b>Drauzou</b>				0	0,18	0,12	0,12	0,11	0,11
Bervezou au moulin Siran					0	0,19	0,22	0,22	0,21
Lot amont Mende						0	0,17	0,16	0,16
pisciculture du Colombier							0	0,04	0,05
pisciculture Seine Maritime								0	0,03
pisciculture Pas de Calais									0

**Tableau 4** : Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. La totalité des comparaisons par paire d'échantillon s'est avérée significative (tous les échantillons appartiennent à des populations distinctes). On peut remarquer que parmi les échantillons de 2013, le Fst entre Vers et Rauze est le plus bas (4%) indiquant une proximité génétique pour les truites du Vers et de son affluent.

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 multidimensionnelles et d'assignation) permettent de découper les échantillons analysés en lignées locales ou nationales.

Assez étrangement, les 4 stations de 2013 sont dominées par le type génétique Vert (le Vert est la rivière contenant la plus grande proportion de cette lignée) alors qu'elles ne forment pas un sous-bassin cohérent. L'échantillon de référence du Bervezou confirme sa composition en lignée Célé (voir rapport LOT2), distincte de la lignée Vert. Enfin la lignée Lot occupe l'amont de cette rivière, en Lozère.

### **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.

A l'évidence, la distribution des deux lignées Vert et Célé ne suivent pas la logique hydrographique: le Drauzou étant plus près du Bervezou que du Vers. Cette particularité pourrait trouver son explication dans l'histoire des échanges entre cours d'eau et dans l'existence d'obstacle à ces migrations.

Les populations analysées sont essentiellement composées de lignées naturelles. Vert, Vers et Drauzou sont impactés à 8% par les formes domestiques, ce qui est peu et ne modifie pas les caractéristiques biologiques de ces truites. La Rauze, avec 3%, peut être considérée comme purement sauvage.

Les 4 populations naturelles de 2013 sont remarquablement polymorphes : l'hétérozygotie non biaisée ( $H_{nb}$ ) est d'environ 0.75, comparable à la diversité des souches domestiques. Par leur origine composite, la souche commerciale domestique la plus utilisée est considérée comme ayant le polymorphisme maximum possible.

Ces populations sont en déséquilibre de panmixie. Ce phénomène a déjà été observé dans des populations sauvages des Pyrénées. Il a été interprété comme dû au cycle biologique des truites comportant une phase juvénile vivant dans le chevelu et une migration de retour vers le lit principal à l'âge de 1+, provoquant ce déséquilibre (Aurelle et al. 1998).

En conclusion, les quatre rivières analysées dans le présent rapport montrent une lignée sauvage nouvelle, baptisée "lignée Vert", constituant de 73 à 89% des gènes. Le reste est constitué du le lignée Lot habitant le haut de ce cours d'eau et de 8% de lignée domestique (sauf la Rauze).

Globalement, ces quatre rivières sont peuplées de truites très fortement sauvages, telles qu'elles devaient être avant que l'homme ne les manipule. Une gestion patrimoniale évitant tout alevinage en truites domestiques serait appropriée.

*Fait à Montpellier le 24 février 2014*

## 7. Littérature citée

- Aurelle D., Berrebi P. 1998.** Microsatellite markers and management of brown trout *Salmo trutta fario* populations in southwestern France. *Génétique Sélection Evolution* 30(suppl. 1):S75-S90.
- 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., Fridrick L., Cherbonnel C. 2011.** Etude génétique des populations de truites communes (*Salmo trutta* L.) du bassin versant de la Bave (sous-bassin de la Dordogne, département du Lot) - Rapport de novembre 2011. Rapport d'analyse pour la Fédération de Pêche du Lot. ISEM, Université Montpellier 2, 5 pp. ([LOT1](#))
- Berrebi P., Fridrick L., Cherbonnel C. 2012.** Analyse génétique des truites des bassins versants du Bervezou et du Veyre (département du Lot, pêches de mai-août 2011) - Rapport de juin 2012, p. 15p. ([LOT2](#))
- 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. 2014.** Analyse génétique d'un échantillon de truites de Lozère (rivière Lot) sur 12 microsatellites dans le cadre du projet national GENETRUTTA - Projet GT-LOZ3: Rapport pour la FD48, Université Montpellier 2. 5p. ([GT-LOZ3](#))

## 8. Annexe



Truite du Vert (spécimen n°20)



Truite du Vers (spécimen 15)



Truite de la Rauze (spécimen 2)



Truite du Drauzou (spécimen 2)

