# Synthèse des analyses génétiques portant sur les truites de la rivière Lot

## **Projet LOT2014**

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI\* Analyses moléculaires: David SCHIKORSKI\*\* & Zhaojun SHAO\*

\* Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2, cc065, place Bataillon, 34095 Montpellier cedex 05.

Tel: 04 67 14 37 32, Mél: patrick.berrebi@univ-montp2.fr

\*\* GENINDEX, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle. Tel: 05 46 30 69 66, Mél: d.schikorski@genindexe.com



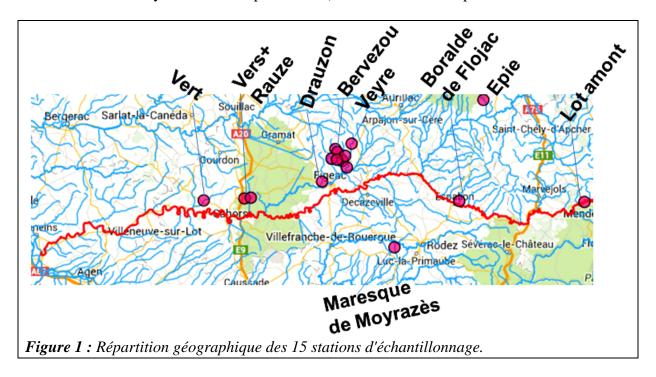
#### 1. Introduction

Les truites du Lot et de ses affluents ont fait l'objet, entre 2009 et 2013, de l'échantillonnage de 15 localités naturelles et d'une pisciculture locale, aboutissant à un total de 420 truites de rivières dont la génétique a été détaillée dans 6 rapports (voir les références en fin de rapport) commandés par deux Fédérations de Pêche (46 et 48) et par le CIPA et la FNPF (respectivement deux projets nationaux: GENESALM entre 2006 et 2009 et GENETRUTTA de 2013 à 2015).

Il était temps de réunir toutes ces données dans une synthèse permettant une cartographie génétique globale du sous-bassin.

### 2. Echantillonnage

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 (un échantillon de l'Aveyron et trois de pisciculture). Ils serviront à interpréter les données.



Les échantillons utilisés dans cette synthèse proviennent essentiellement d'études effectuées pour la Fédération de Pêche du Lot, mais aussi pour la Fédération de Lozère. Enfin, des données issues des deux projets nationaux GENESALM et GENETRUTTA ont été repris (détails dans le Tableau 1 et références en fin de rapport).

N°	N° d'échantil- lon ISEM	N° d'indivi- dus ISEM	N bre	Da te	Rapport	GS ou GT	Rivière	Confluences	Station	Départe ment
1	L330	T25700- T25721	22	26/0 8/13	GT-LOZ3	GT.0 79	Lot	Garonne	amont Mende	Lozère
2	L407	T20125- T20146	22	août -11	GT2013	GT.0 06A	Boralde Flaujac	Lot/Garonne	St Côme d'Olt	Aveyron
3	L329	T18413- T18442	30	19/0 6/09	GSALM2 +GT2013	GS- 05	Epie	Truyère/Lot/Ga- ronne	-	Cantal
4	L493	T22191- T22220	30	05/0 7/11	LOT2		Veyre	Célé/Lot/Garonne	moulin Debard	Lot
5	L491	T22131- T22160	30	16/0 8/11	LOT2		Ruisseau Noir	Veyre/Célé/Lot/Ga- ronne	moulin Paramelle	Lot
6	L494	T22221- T22250	30	17/0 8/11	LOT2		Veyre	Célé/Lot/Garonne	pont St-Hilaire	Lot
7	L489	T22071- T22100	30	28/0 7/11	LOT2+GT 2013	GT.0 61	Bervezou	Célé/Lot/Garonne	moulin Siran	Lot
8	L488	T22041- T22070	30	12/0 7/11	LOT2		Bervezou	Célé/Lot/Garonne	gouffre Cloches	Lot
9	L492	T22161- T22190	30	24/0 5/11	LOT2		Sibergue	Burlande/Bervezou/ Célé/Lot/Garonne	pont Bouscarel	Lot
10	L487	T22015- T22040	26	07/0 7/11	LOT2		Bervezou	Célé/Lot/Garonne	Gabanelle	Lot
11	L490	T22101- T22130	30	16/0 5/11	LOT2		Burlande	Bervezou/Célé/Lot/ Garonne	Foncer vines	Lot
12	L373	T25824- T25848	25	24/0 7/13	LOT4		Drauzon	Lot/Garonne	-	Lot
13	L364	T25807- T25823	17	13/0 8/13	LOT4		Vers	Lot/Garonne	-	Lot
14	L376	T25849- T25862	14	13/0 8/13	LOT4		Rauze	Vers/Lot/Garonne	-	Lot
15	L359	T25782- T25805	24	18/0 7/13	LOT4		Vert	Lot/Garonne	-	Lot
16	L217	T15756- T15785	30	nov- 08	GSALM2 +GT2013	GS- 04	Maresque de Moyrazes	Aveyron/Tarn/Ga- ronne	1	Aveyron
17	L372	T19346- T19375	30	16/0 3/10	LOT1		piscic. du Colombier	Bervezou	-	Lot
18	L266	T16936- T16955	20	200 8	GSALM2	GS- 37	piscicult.	-	-	Isère
19	L267	T16956- T16975	20	200 8	GSALM3	GS- 36	piscicult.	-	-	Seine- Marit.

**Tableau 1 :** Caractéristiques des échantillons analysés et des échantillons de référence dont un du bassin de l'Aveyron (en vert) et trois de piscicultures (en gris). La colonne "GT ou GS" fait référence aux nomenclatures des projets nationaux GENESALM et GENETRUTTA.

## 3. Analyses moléculaires

Les 490 truites ont été analysées au niveau de 6 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: Oneµ9, MST85, SSOSL 311, Omy21Dias, MST543 et SSOSL438.

Les génotypes obtenus dont ceux 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. La méthode la plus appropriée ici est l'analyse d'assignation qui recherche 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

Les analyses d'assignation (logiciel STRUCTURE) permettent un découpage de l'échantillonnage global (échantillons du Lot + 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. Ce dernier signale cependant un autre découpage intéressant à K=5. La Figure 2 présente ces résultats sous forme d'histogrammes colorés et la Figure 3 sous forme de carte de répartition.

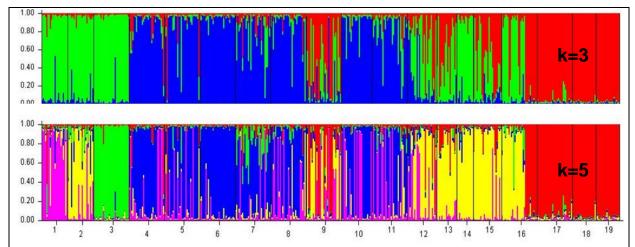
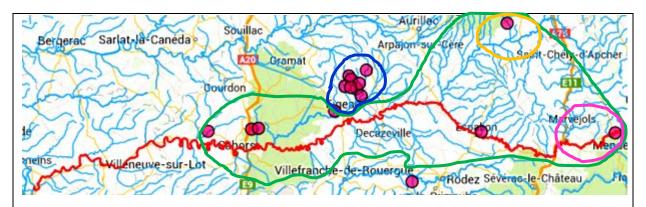


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogrammes à deux étapes: pour k=3 (structure principale) et k=5 (structure secondaire). Chaque truite est représentée par une fine barre verticale; chacune des k sous-unités a reçu une couleur au hasard; l'ordre des truites et des échantillons est exactement celui du Tableau l.



**Figure 3:** Interprétation cartographique de l'analyse d'assignation de la Figure 3. Enveloppes verte et bleue: structure principale pour k=3; enveloppes rose et orange: structure secondaire pour k=5.

## 6. Interprétation des résultats

L'objectif de cette méta-analyse est de comprendre la structure naturelle des truites du Lot à l'échelle du sous-bassin. Il faut comprendre les deux principales lignées détectées comme la structure supérieure de la région: le Célé est différencié par rapport au Lot amont-aval, c'est le principal résultat obtenu.

Bien sûr, la Figue 3, présentant de vastes surfaces dans des enveloppes, est une extrapolation abusive puisqu'un petit nombre seulement des populations de truites qui y vivent ont été analysées.

Quand on veut analyser plus finement cette structure, il faut soit tenir compte de la structure secondaire détectée par le logiciel STRUCTURE HARVESTER soit analyser l'échantillonnage par blocs et refaire des analyses d'assignation.

- la structure secondaire apparait pour k=5 (Figure 3, partie inférieure) et nous dit que l'amont du Lot et un affluent de la Truyère sont différenciés génétiquement.
- l'analyse d'assignation limitée à des blocs géographiques de stations est précisément ce qui a été fait dans les rapports GT-LOZ3, LOT2 et LOT4.

Notons le rapprochement inexplicable de la Maresque (bassin de l'Aveyron) avec le Lot.

En comparant les résultats globaux de la présente étude avec ceux des trois rapports cités, seule une contradiction apparait: dans GT-LOZ3, les populations du Lot amont et de Boralde apparaissaient semblables alors qu'ici elles sont distinctes dans la structure secondaire. En dehors de cette divergence, les études sont toutes cohérentes, les rapports, géographiquement limités, apportant plus de précision locale: par exemple dans LOT2, les 8 échantillons du groupe Bervezou-Veyre présentaient une structure en 3 lignées (Célé 1, Célé 2 et Bave) mais apparaissent comme homogènes ici.

Fait à Montpellier le 17 mars 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., 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 (GT2013) 1/3: Rapport d'étude pour la FNPF. Université Montpellier 2. 16p. (GT2013)
- Berrebi P, Shao Z. 2014. Structuration génétique des truites du Vers, du Vert, de la Rauze et du Drauzou Projet LOT4: Rapport pour la FD46, Université Montpellier 2. 10p. (LOT4)
- 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)