

Synthèse des analyses génétiques des truites du département du Gard (2010-2013) Projet GAR2014

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI*

Analyses moléculaires: Zhaojun SHAO* et David SCHIKORSKI**

* Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2, 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



Gardon de St Jean © <http://geotrace.net/>

1. Introduction

Le projet GAR2014 est une synthèse des études génétiques effectuées sur les truites du département du Gard entre 2010 et 2013. Ces études ont été commandées par la Fédération des AAPPMA du Gard (30) à Nîmes et par l'AAPPMA de l'Arre au Vigan. Le département du Gard étant situé à la source de plusieurs bassins: les stations échantillonnées appartiennent au versant atlantique (Tarn) et surtout méditerranéen (Hérault, Vidourle, Rhône).

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 Gard ont été rajoutés des échantillons de piscicultures commerciales. Ils servent à interpréter les résultats obtenus.

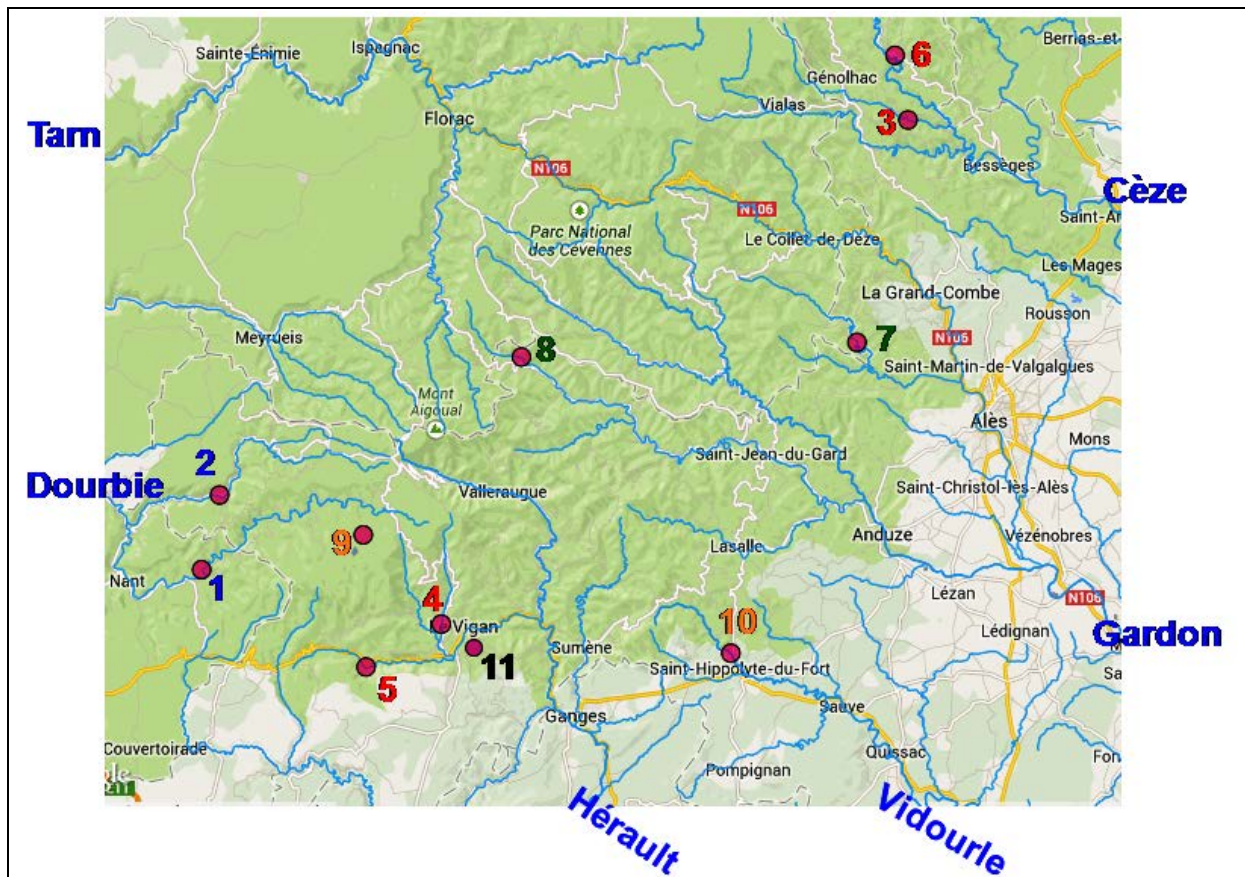


Figure 1 : Répartition géographique des 11 stations d'échantillonnage prises en compte pour la synthèse (les numéros en bleu désignent les stations de l'étude GAR1, en rouge GAR2, en vert GAR3, en orange GAR4 et en noir COUL).

N° carte	N° ISEM d'échantillons	N° ISEM d'individus	Nombre	Date	Rapport	Station	Bassin
1	L300	T17918-T17947	30	2010	GAR1	Dourbie	Tarn/Garonne
2	L301	T17948-T17977	29	2010	GAR1	Trévezel	Dourbie/Tarn/Garonne
3	L374	T19634-T19661	28	2011	GAR2	Homol	Cèze/Rhône
4	L377	T19662-T19691	30	2011	GAR2	Coudoulous	Arre/Hérault
5	L378	T19692-T19721	30	2011	GAR2	Arre	Hérault
6	L375	T19722-T19751	30	2011	GAR2	Cèze	Rhône
7	L498	T22341-T22370	30	2012	GAR3	Galeizon	Gardon d'Alès/Gard/Rhône
8	L499	T22371-T22400	30	2012	GAR3	Gardon de St Jean	Gard/Rhône
9	L270	T25234-T25263	30	2013	GAR4	Lingas	Dourbie/Tarn/Garonne
10	L272	T25264-T25293	30	2013	GAR4	Vidourle	Vidourle
11	L086	T24701-T24730	30	2013	COUL	Coularou	Arre/Hérault
-	L266	T16941-T16955	15	2008	GSALM2 GT2013	pisciculture Isère	-
-	L267	T16956-T16970	15	2008	GSALM2 GT2013	pisciculture Seine Maritime	-

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés dans l'ordre des rapports publiés, et des échantillons de référence de pisciculture (en gris). Les couleurs de la colonne de droite sont réutilisées à la Figure 4.

3. Méthodes

3.1. Analyses moléculaires

Les 328 truites du Gard et les 30 truites domestiques ont été analysées au niveau de 6 marqueurs moléculaires, les microsatellites suivants: One μ 9, 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.

3.2. Analyses statistiques

Ces analyses consistent à permettre l'interprétation des résultats. Elles sont limitées ici à une seule étape, 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).

Une estimation de la différence génétique entre échantillons est proposée par le calcul des Fst.

4. Résultats

4.1. 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). Le nombre d'essais se monte à 30000 burn'in et 70000 itérations. La valeur k a été estimée à 9 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et la figure 4 sous forme d'arbre.

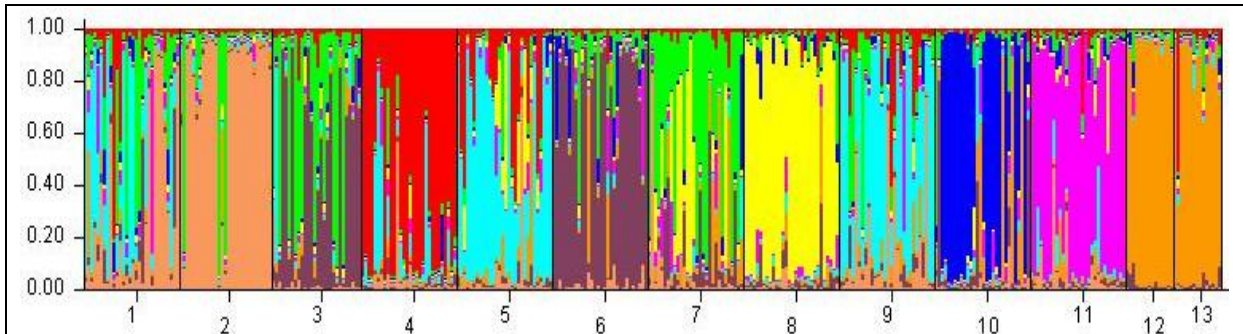


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogramme. Chaque truite est représentée par une fine barre verticale; chacune des k sous-unités (ici 9) a reçu une couleur au hasard; l'ordre des truites et des échantillons est exactement celui du Tableau 1. Les couleurs des échantillons 1+2 et 12+13 sont différentes. Difficile à suivre, cet histogramme a été interprété sous forme d'un arbre dans la figure suivante.

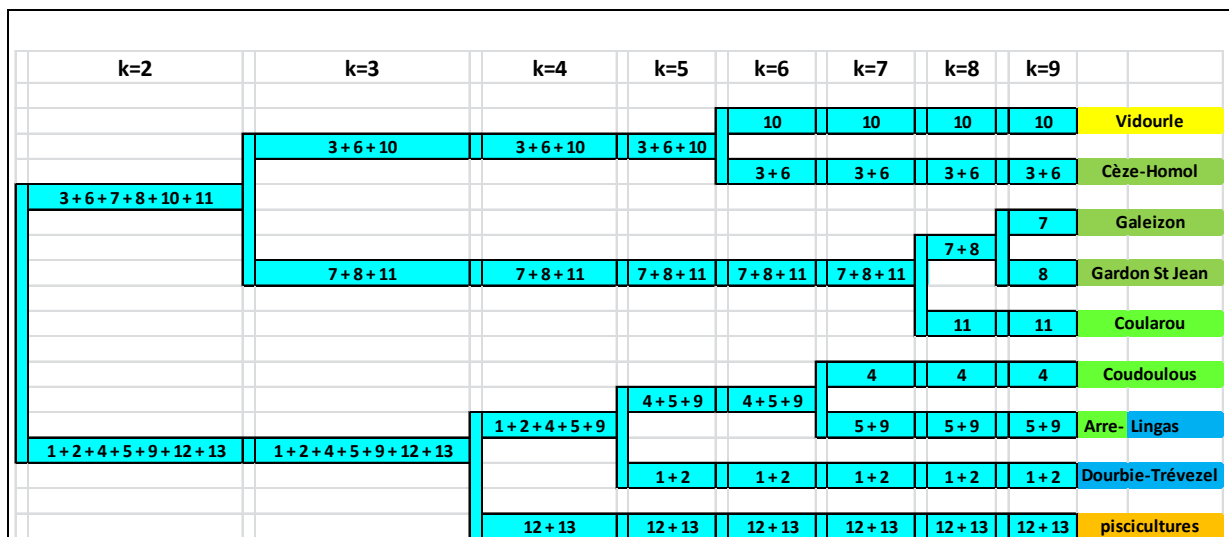


Figure 4 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme d'arbre consensus (quelques contradictions ont été gommées) montrant l'évolution du découpage selon k allant de 2 à 9.

Les résultats obtenus, présentés dans la Figure 4 sont cohérents à quelques exceptions près:

- Arre et Lingas apparaissent très proches alors qu'ils appartiennent à des bassins versants différents;
- les échantillons de l'Hérault ne sont pas rassemblés dans la même branche de l'arbre.

4.2. Paramètres populationnels

Le Tableau 2 donne les valeurs de Fst entre chaque paire d'échantillons analysés. Ces valeurs peuvent être considérées comme des distances génétiques indiquant les différenciations génétiques.

	DOUR	TREV	HOM	COUD	ARR	CEZ	GAL	GSL	LIN	VID	COUL	PIS	PSM
Dourbie	0	0,09	0,08	0,11	0,09	0,11	0,07	0,15	0,06	0,12	0,09	0,18	0,10
Trévezel		0	0,14	0,21	0,15	0,15	0,12	0,22	0,10	0,22	0,16	0,19	0,19
Homol			0	0,14	0,12	0,04	0,06	0,13	0,09	0,12	0,13	0,16	0,11
Coudoulous				0	0,10	0,19	0,14	0,15	0,11	0,19	0,14	0,26	0,14
Arre					0	0,16	0,13	0,12	0,05	0,18	0,11	0,21	0,13
Cèze						0	0,07	0,15	0,12	0,08	0,11	0,16	0,13
Galeizon							0	0,11	0,09	0,10	0,09	0,10	0,07
Gardon de St Jean								0	0,15	0,14	0,09	0,24	0,14
Lingas									0	0,14	0,12	0,14	0,11
Vidourle										0	0,09	0,17	0,13
Coularou											0	0,19	0,10
pisciculture Isère												0	0,09
pisciculture Seine Maritime													0

Tableau 2 : Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. Toutes les comparaisons sont statistiquement significatives: toutes ces populations sont isolées les unes des autres.

Les paramètres populationnels aident à l'interprétation biologique des résultats présentée dans le chapitre suivant. Ici les Fst permettent de mesurer les différences génétiques entre échantillons pris par paires.

Dans le Tableau 2, les valeurs les plus faibles (en jaune) se rencontrent entre échantillons des affluents du Rhône (en vert olive), sauf pour le Lingas, confirmant l'anomalie relevée à la Figure 4.

Les valeurs les plus élevées (en orange) opposent toujours des truites atlantiques (y compris domestiques) et méditerranéennes.

5. Interprétation des résultats

Les rivières échantillonnées dans le département du Gard sont en grande majorité à l'état presque sauvage. L'analyse d'assignation a permis de calculer la présence de gènes de truites domestiques dans ces populations (Tableau 3). Il en ressort que la plupart des stations analysées sont pas ou peu impactées par les truites de repeuplement (les truites domestiques du Vidourle sont des truites portion qui ne survivent pas à l'hiver). On remarque que les estimations de présence domestique dans la Dourbie et le Galeizon sont contradictoires entre

les anciens rapport et la présente synthèse. Il est généralement accepté que les tests effectués sur plus d'échantillons (dans la synthèse) sont plus fiables.

Station	% 2014	% autres rapports	rapport
Dourbie	4	14	GAR1
Trévezel	3	6	GAR1
Homol	4	7	GAR2
Coudoulous	2	2	GAR2
Arre	5	8	GAR2
Cèze	5	7	GAR2
Galeizon	10	5	GAR3
Gardon de St Jean	3	2	GAR3
Lingas	4	3	GAR4
Vidourle	13	17	GAR4
Coularou	3	0	COUL
pisciculture Isère	90	97	GSALM2
pisciculture Seine Maritime	82	95	GSALM2

Tableau 3 : Pourcentage estimé de gènes domestiques atlantiques dans chacun des échantillons analysés (en rouge). Les valeurs inférieures à 5% peuvent être considérées comme du "bruit de fond" (en noir)

C'est donc une caractéristique des rivières du Gard (du moins pour les quelques station analysées): la truite sauvage est très présente, toujours très fortement majoritaire. Dans une telle situation, une gestion patrimoniale est conseillée puisque ces populations ont perdu sans aide des truites domestiques, malgré les nombreux pêcheurs du département. Le lâcher de truites portion est compatible avec la gestion patrimoniale.

Parmi ces truites sauvages, 8 lignées distinctes ont été détectées (Figures 3 et 4) montrant toute la diversité de ces formes sédentaires: sans perturbation par l'homme, toutes les rivières analysées possèdent leur propre souche sauvage, seuls les couples de stations proches Cèze-Homol et Dourbie-Trévezel ont une lignée en commun. Parmi les affluents de l'Arre, il faut noter que les truites des amonts des rivières Arre, Coudoulous et Coularou sont différenciées, probablement dû à l'isolement, ce qui confirme encore les résultats du rapport COUL (voir page 7). La ressemblance Arre-Lingas n'est pas explicable, mais le rapport GAR4 avait déjà montré une forte présence méditerranéenne apparente (et surprenante) dans le Lingas.

6. 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., 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](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2013. Description génétique de la population de truites du Coularou (Gard) ayant subi une pollution massive au détergent le 31 janvier 2013 - Projet COUL - Rapport de mars 2013: Université Montpellier 2, 7p. ([COUL](#))
- 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. Campagne 2013 d'analyse génétique de deux populations du Gard : Vidourle et Lingas - Projet GAR4: Rapport pour la FD30, Université Montpellier 2. 10p. ([GAR4](#))

Fait à Montpellier le 17 mars 2014