

Analyse génétique des truites de la Risle (27) et du Saffimbec (76) dans le cadre du programme national GENETRUTTA

Projet GT-SNM

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI *
Analyses moléculaires: David SCHIKORSKI **

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

Le projet GT-SNM participe à la description génétique des truites du bassin de la Seine et des zones voisines. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Plus spécifiquement, les deux échantillons de 2012-2013 constitués par SEINORMIGR font partie du projet national GENETRUTTA (2013-2015) qui établit la carte nationale des lignées génétiques de truites. Ces deux échantillons seront donc inclus au rapport GT2014 prévu pour septembre 2014.

2. Echantillonnage

Les 40 truites de la Risle et du Saffimbec sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 13 décembre 2013. Mr. Geoffroy Garot, Chargé de mission à l'Association "Seine Normandie-Nord Migrateurs" à Rouen, est le correspondant de SEINORMIGR 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 nouveaux échantillons ont été rajoutés des échantillons de référence, de types connus, déjà analysés dans le passé. Ils serviront à interpréter les résultats obtenus. Dans le cas présent, l'ISEM ne possède pas d'échantillons de référence très rapprochés des deux rivières étudiées. Les rivières côtières les plus proches à l'est et à l'ouest de la Seine (échantillons 3 et 4) ainsi qu'un affluent de l'Eure (5) ont été choisis malgré la distance.



Figure 1 : Répartition géographique des 5 stations naturelles d'échantillonnage (voir Tableau 1).

Rivières	Localité	Nombre	Date	N° ISEM des échantillons	N° ISEM des individus	Rapport	GS ou GT
Risle	St Philibert sur Risle	20	30/08/2012	L403	T25893-T25912	GT-SNM1	GT.083
Saffimbec	Pavilly-Limesy	20	13/11/2013	L420	T25913-T25932	GT-SNM1	GT.084
Scie	Notre Dame du Parc	22	04/10/2011	L478	T21769-T21791	GT2013	GT.033
Grande Vallée	Vauville	20	2006	L219	T15816-T15835	GSALM2	GS-23
Saint Martin	Maillebois	20	13/06/2013	L196	T25069-T25098	GT-EetL	GT.078
pisciculture Seine Maritime	-	20	2008	L267	T16956-T16975	GSALM2	GS-36

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

3. Analyses moléculaires

Les 40 truites ont été analysées au niveau de 12 marqueurs moléculaires correspondant au format d'analyses du projet GENETRUTTA, les microsatellites suivants: Oneµ9, MST85, SSOSL311, Omy21Dias, MST543, SSOSL438, Sfo1, Ssa197, Omm1105, SSOSL 417, Str591, et StrBS131.

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 (génotypes). 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 la meilleure partition en sous-unités homogènes dans la matrice de génotypes grâce au logiciel STRUCTURE. Le nombre objectif de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER;
- les paramètres populationnels (ici la diversité génétique avec H_o et H_{nb} et la panmixie avec F_{is}) 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 utilisés. Ce diagramme permet déjà de voir que seules les enveloppes des échantillons Risle et Scie semblent impactées par les truites

domestiques. La population de la Grande Vallée (Cotentin) est très différente des autres, ainsi que le Saffimbec.

L'analyse d'assignation qui suit a pour but de chiffrer ces différences et similitudes.

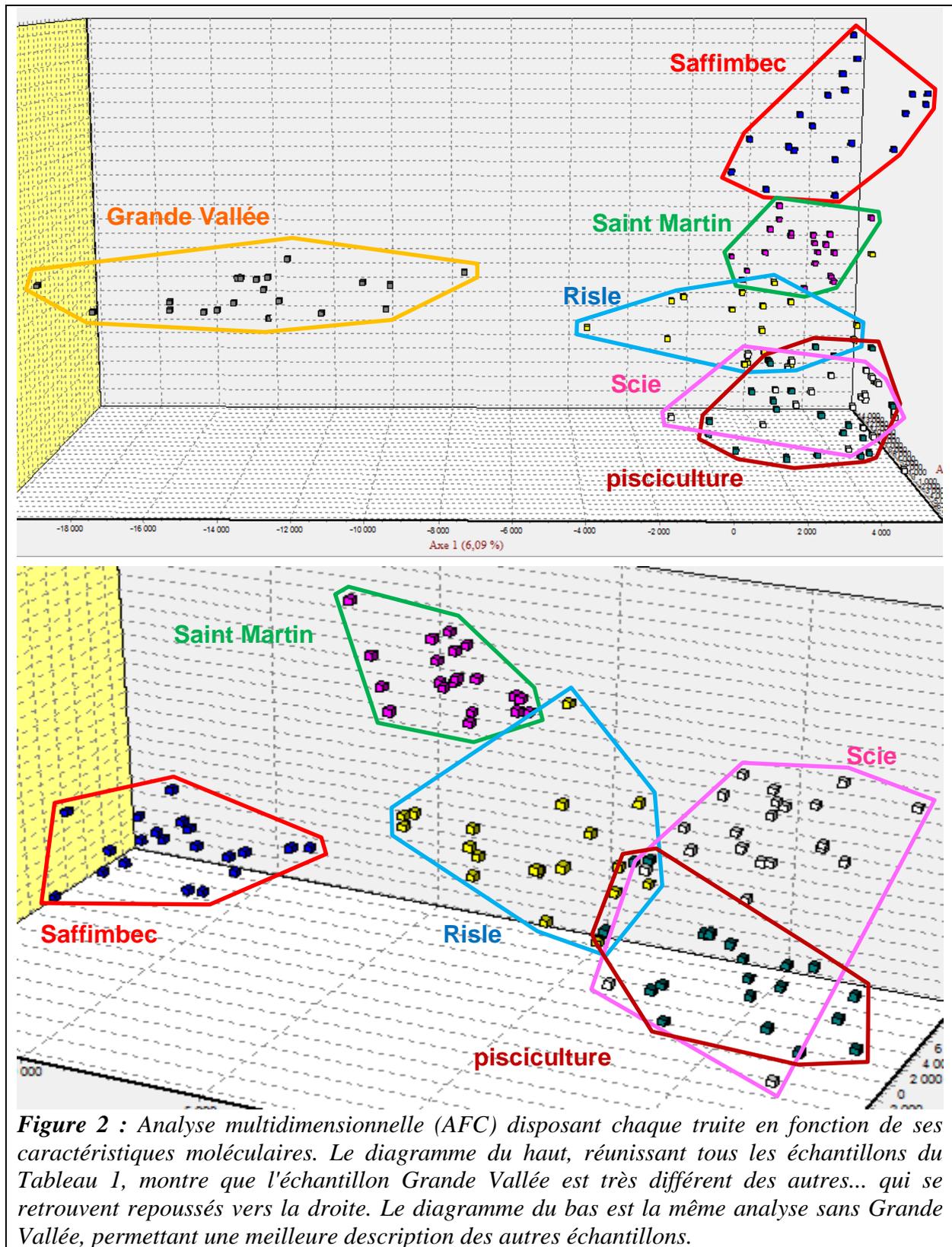


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Le diagramme du haut, réunissant tous les échantillons du Tableau 1, montre que l'échantillon Grande Vallée est très différent des autres... qui se retrouvent repoussés vers la droite. Le diagramme du bas est la même analyse sans Grande Vallée, permettant une meilleure description des autres échantillons.

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). Ici 30000 burn'in constituent la première étape de dégrossissement suivis par 70000 itérations, testant k entre 2 et 7 avec 8 répétitions à chaque valeur de k . La valeur k a été estimée à 6 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'histogrammes, la Figure 4 sous forme d'arbre et le Tableau 2 sous forme de pourcentages.

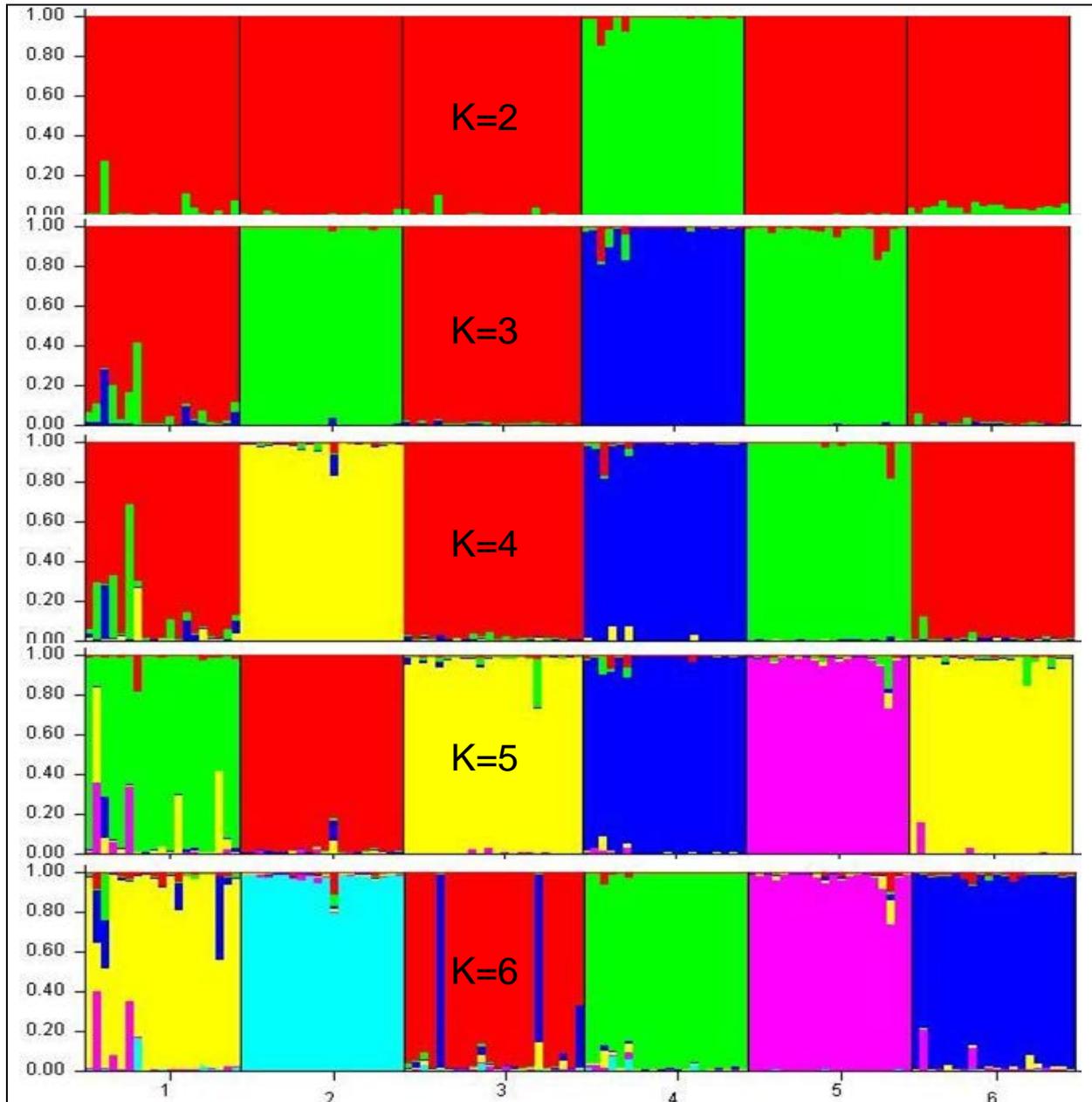


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogrammes successifs. Chaque truite est représentée par une fine barre verticale; chacune des k sous-unités a reçu une couleur au hasard; l'ordre des truites et des échantillons est exactement celui du Tableau 1. Cette analyse nous permet déjà de dire que toutes ces populations sont génétiquement différentes entre elles, que 2 truites nées en pisciculture ont été capturées avec l'échantillon de la Scie et que la Risle est légèrement hybridée suite à des alevinages.

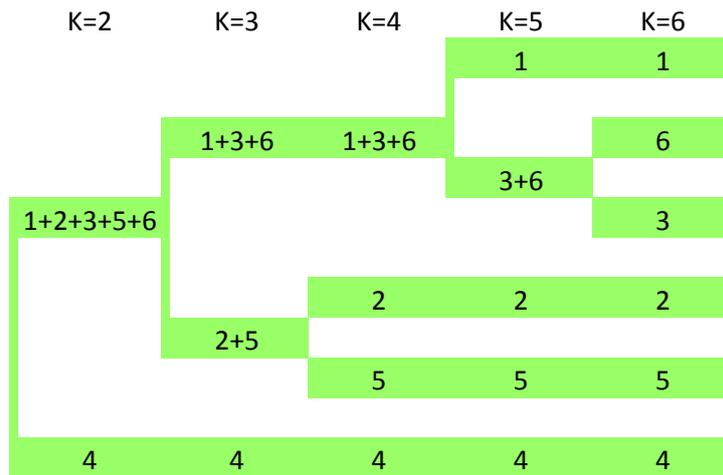


Figure 4 : Présentation des 5 étapes d'assignation (Figure 3) sous forme d'arbre. Cela permet de détecter les ressemblances: Risle, Scie et domestiques (1+3+6), Saffimbec et Saint Martin (2+5).

	Risle	Saffimbec	Scie	Grande Vallée	Saint Martin	pisciculture Seine Maritime
Risle	83	2	2	2	5	6
Saffimbec	0	97	1	1	1	0
Scie	2	1	86	1	1	10
Grande Vallée	1	1	1	96	1	1
Saint Martin	2	1	1	0	96	1
pisciculture Seine Maritime	1	1	1	1	2	94

Tableau 2 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme de pourcentages d'assignation de chaque échantillon analysé aux k sous-unités détectées. Le "bruit de fond" des analyses d'assignation est estimé à 5%. Les valeurs en jaune montrent que chaque rivière a sa propre lignée génétique en considérant que 95% (et plus) sont assimilables à 100%. Les seules exceptions (en orange) nous montrent que la Risle comprend environ 6% de formes domestiques et la Scie 10% (en fait deux truites de déversement capturées avec les truites sauvages, selon la Figure 3).

Cette analyse d'assignation nous dit que les 6 échantillons comparés sont différents génétiquement. Si on regarde le cheminement de l'analyse avant qu'elle n'arrive à séparer chaque échantillon, on remarque que des associations de couleur (Figure 3) ou dans des branches (Figure 4) désignent tout de même des ressemblances, qui coïncident avec l'analyse multidimensionnelle (Figure 2). Il y a des ressemblances (mais pas d'identité) entre la Risle et le Saint Martin (Eure), la souche domestique et la Scie.

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	Ho	A	Fis	Signif.
Risle	0,68	0,66	7,67	0,03	ns
Saffimbec	0,55	0,51	4,00	0,08	*
Scie	0,69	0,66	6,75	0,06	ns
Grande Vallée	0,40	0,37	4,08	0,08	ns
Saint Martin	0,61	0,64	4,83	-0,05	ns
pisciculture Seine Maritime	0,75	0,73	6,25	0,03	ns

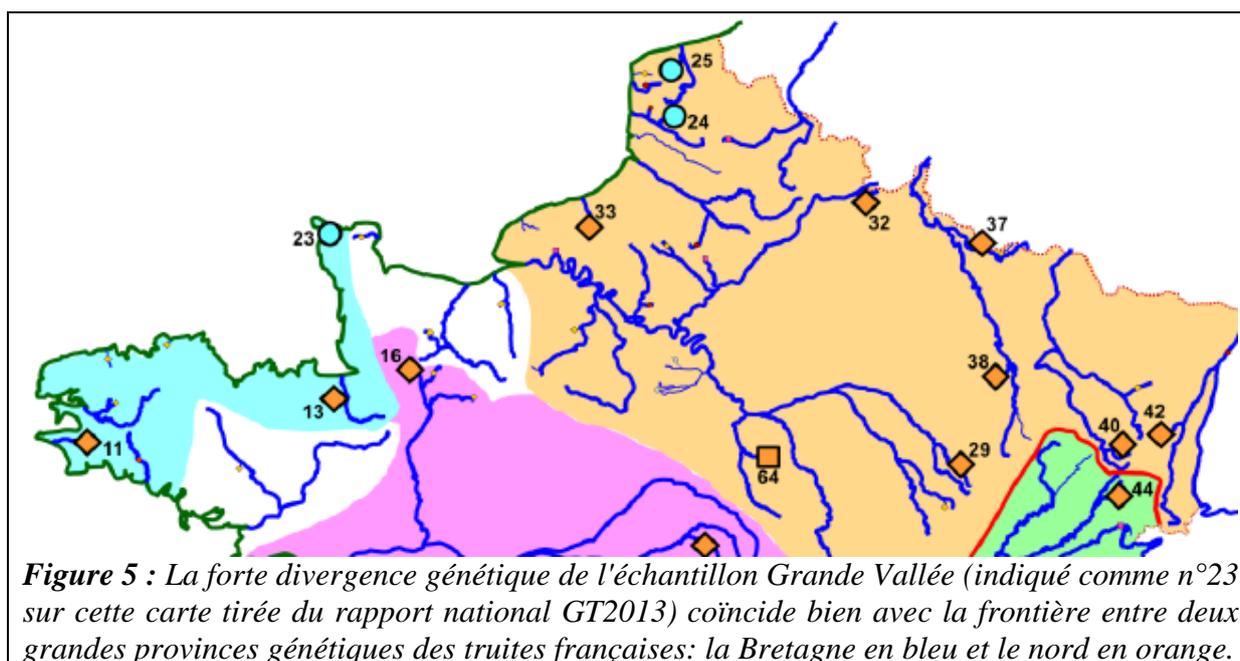
Tableau 3 : Paramètres populationnels des échantillons nouveaux et des échantillons de référence. Les entêtes orange correspondent aux paramètres de polymorphisme; les entêtes vertes aux paramètres d'équilibre panmictique : si significatif (*), le Fis indique que plus d'une lignée sont présentes dans l'échantillon (c'est la détection des truites domestiques).

Les paramètres populationnels aident à l'interprétation biologique des résultats présentée dans le chapitre suivant.

6. Interprétation des résultats

Les deux méthodes statistiques employées (Analyses multidimensionnelles et d'assignation) permettent de distinguer les deux échantillons analysés en lignées locales ou nationales.

Ainsi l'exclusion de l'échantillon Grande Vallée par rapport à tous les autres (Figure 2 haut) correspond à la frontière entre truites du Nord et truites de Bretagne telle que définie dans le rapport GENETRUTTA année 1 (GT2013, Figure 5).



Les deux stations analysées sont soit indemne (Saffimbec) soit légèrement hybridée (Risle: 6 à 10%, Tableau 2) par les truites domestiques. Cet apport exotique modéré est ancien (il n'y a pas de truite née en pisciculture comme dans le cas de l'échantillon de référence Scie) et est intégré dans la reproduction locale (Fis non significatif, Tableau 3).

Le déséquilibre panmictique du Saffimbec n'a pas d'explication évidente et doit être recherché dans la biologie des truites: structure en famille? Migrations, mêmes locales?...

La diversité génétique des deux populations est "normale" dans la Risle pour une population naturelle, un peu faible dans le Saffimbec (Tableau 3). Ce paramètre, quand il varie dans des valeurs moyennes, dépend de la taille des populations, celle du Saffimbec étant probablement faible.

Le résultat principal de l'étude est la mise en évidence de deux populations sauvages (ou quasi-sauvage) dans le bassin de la Seine et alentours. Ce résultat suggère qu'une gestion patrimoniale (sans repeuplement) est la plus appropriée.

D'autre part, ces deux stations seront ajoutées à l'étude nationale Genetrutta, dans le rapport GT2014 prévu pour septembre 2014. Les stations étudiées ici seront alors classées dans les lignées génétiques nationales.

Fait à Montpellier le 9 avril 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, and Genindex. 2013. Analyse génétiques des truites de deux rivières d'Eure-et-Loir dans le cadre du programme national Genetrutta (12 microsatellites) - Programme GT-EetL - Rapport d'août 2013: Rapport pour la FD28, Université Montpellier 2. 7p. ([GT-EetL](#))
- 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](#))

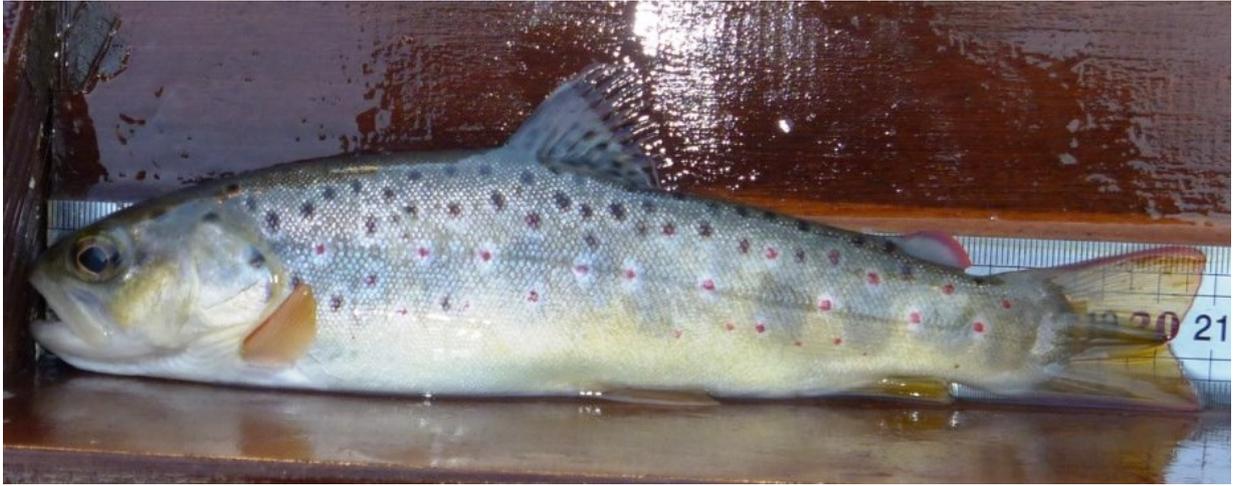
8. Annexes photographiques



Types morphologiques de la Risle



La Risle (Eure)



Type morphologique du Saffimbec



Vue du Saffimbec (Seine Maritime)