

# Continuité génétique des truites le long de la Vézère (Corrèze) décrite au moyen de marqueurs microsatellites

## Projet C-COR

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI\***  
Analyses moléculaires: **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](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)

\*\* GENINDEXE, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle.  
Tel: 05 46 30 69 66, Mél: [d.schikorski@genindexe.com](mailto:d.schikorski@genindexe.com)



© <http://aappma-bugeat.e-monsite.com> (crue de janvier 2012)

## 1. Introduction

Le projet C-COR qui traite de la génétique des truites de la Vézère, est inclus dans un marché de prestations d'étude confié à CINCLE (Cabinet d'Ingénierie et de Conseil Limagne Environnement, à Cournon d'Auvergne, dans le Puy-de-Dôme). Ce marché concerne un aménagement hydroélectrique exploité par EDF sur la Vézère (affluent de la Dordogne, en Corrèze).

La définition du projet est "*Outre les mesures classiques à réaliser, des analyses génétiques seront menées sur des échantillons de poissons pêchés, visant à évaluer si les obstacles recensés (barrage, chute ...) permettent (ou non) un certain transfert et mélange des populations*".

Les échantillons de truites communes ont été prélevés :

- ✓ Sur un tronçon de la Vézère, en amont du lac de Viam, à moins de 3 km de la queue de la retenue ;
- ✓ Sur 4 stations du TCC de Monceaux, où la Vézère est émaillée d'obstacles naturels:
  - à l'aval immédiat du barrage de Monceaux-la-Virole
  - à l'amont et à l'aval du Saut de la Virole
  - à l'aval du TCC, près du canal de restitution de l'usine

La répartition géographique des localités d'échantillonnage est présentée dans la Figure 1.

A une altitude de 669 m, le barrage de Monceaux-la-Virole est le premier des 7 barrages situés sur la Vézère de sa source à Limeuil. La retenue d'eau du barrage est appelée lac de Viam.

*Les caractéristiques du barrage de Monceaux-la-Virole:*

Mise en service: 1946  
Surface de la retenue: 183 ha  
Altitude moyenne : 690 m  
Capacité de la retenue: 20,1 millions de m<sup>3</sup>  
Longueur de la retenue: 4,5 km  
Hauteur du barrage: 32 m  
Evacuateurs de crues: 380 m<sup>3</sup>/s  
Crue maximale : 207 m<sup>3</sup>/s en 1960

## 2. Echantillonnage

Les 75 truites de la Vézère sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 22 août 2014. Clémentine Cavallé est la correspondante de CINCLE auprès de l'ISEM.

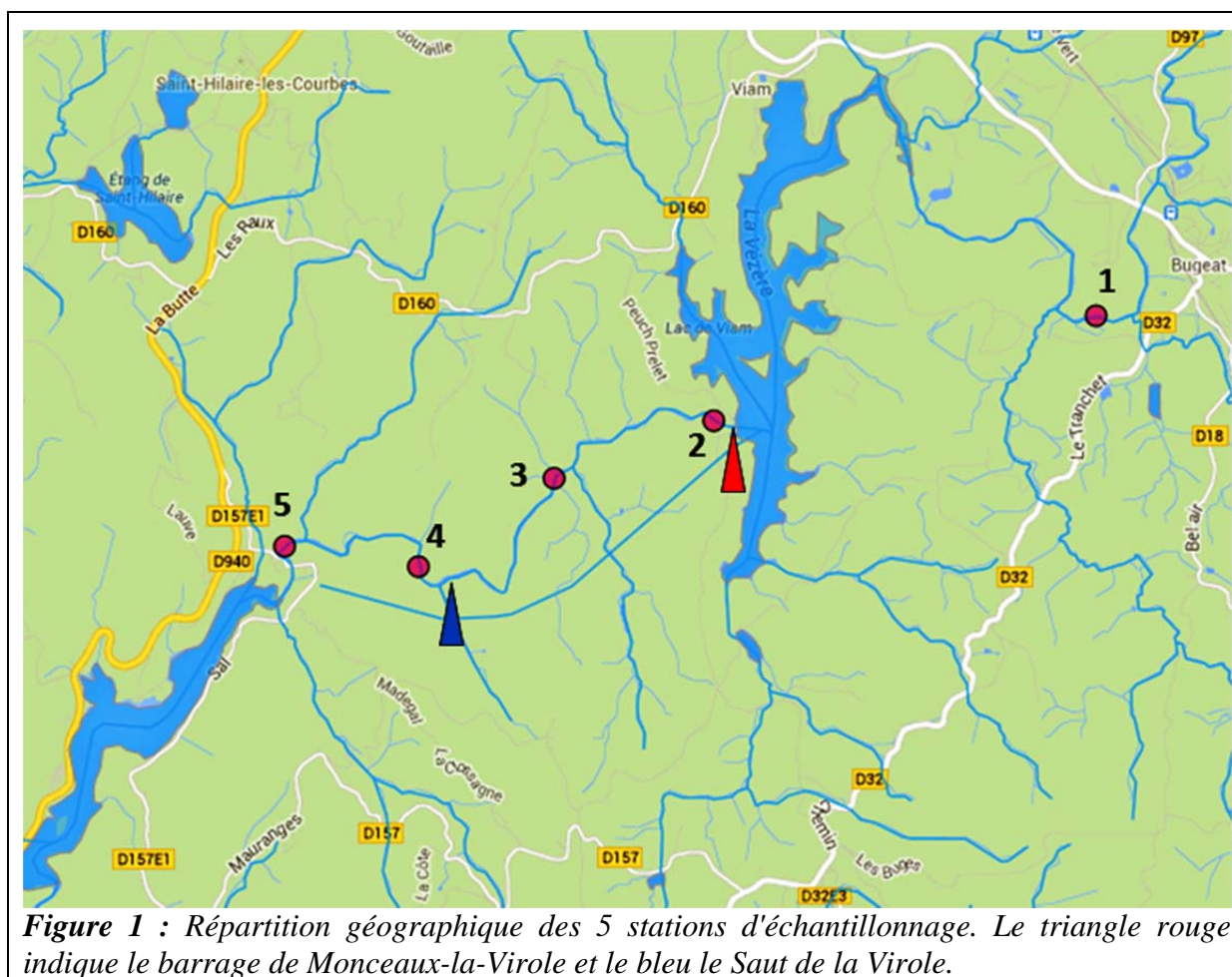
Les caractéristiques des échantillons sont présentées dans le Tableau 1. Aux échantillons de la Vézère ont été rajoutés des échantillons de référence, de types connus déjà analysés dans le passé (Tableau 1). Ils serviront à interpréter les résultats obtenus.

1

## 3. Analyses moléculaires

Les 75 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.



**Figure 1** : Répartition géographique des 5 stations d'échantillonnage. Le triangle rouge indique le barrage de Monceaux-la-Virole et le bleu le Saut de la Virole.

N° carte	STATION	Nbre	Date	N° échantillon	X	Y	N° truites	Rapport
1	Vézère (amont Viam)	15	20/08/2014	L580	567292	2065994	T26480-T26494	C-COR
2	Vézère (aval Viam)	15	20/08/2014	L581	564351	2065206	T26499-T26515	C-COR
3	Vézère (amont Virole)	15	20/08/2014	L582	563122	2064772	T26516-T26532	C-COR
4	Vézère (aval Virole)	15	20/08/2014	L583	562076	2064101	T26533-T26547	C-COR
5	Vézère (aval TCC)	15	20/08/2014	L584	561049	2064264	T26549-T26564	C-COR
-	Dronne (Dordogne)	15	juin-05	L152	418986	2025737	T12921-T12935	GSALM2
-	pisciculture Isère	15	2008	L266	816742	2042079	T16926-T16940	GSALM2

**Tableau 1** : Caractéristiques des échantillons analysés (en jaune) et des échantillons de référence dont des échantillons de pisciculture (en gris). Les coordonnées sont en Lambert II étendu.

#### 4. Analyses statistiques

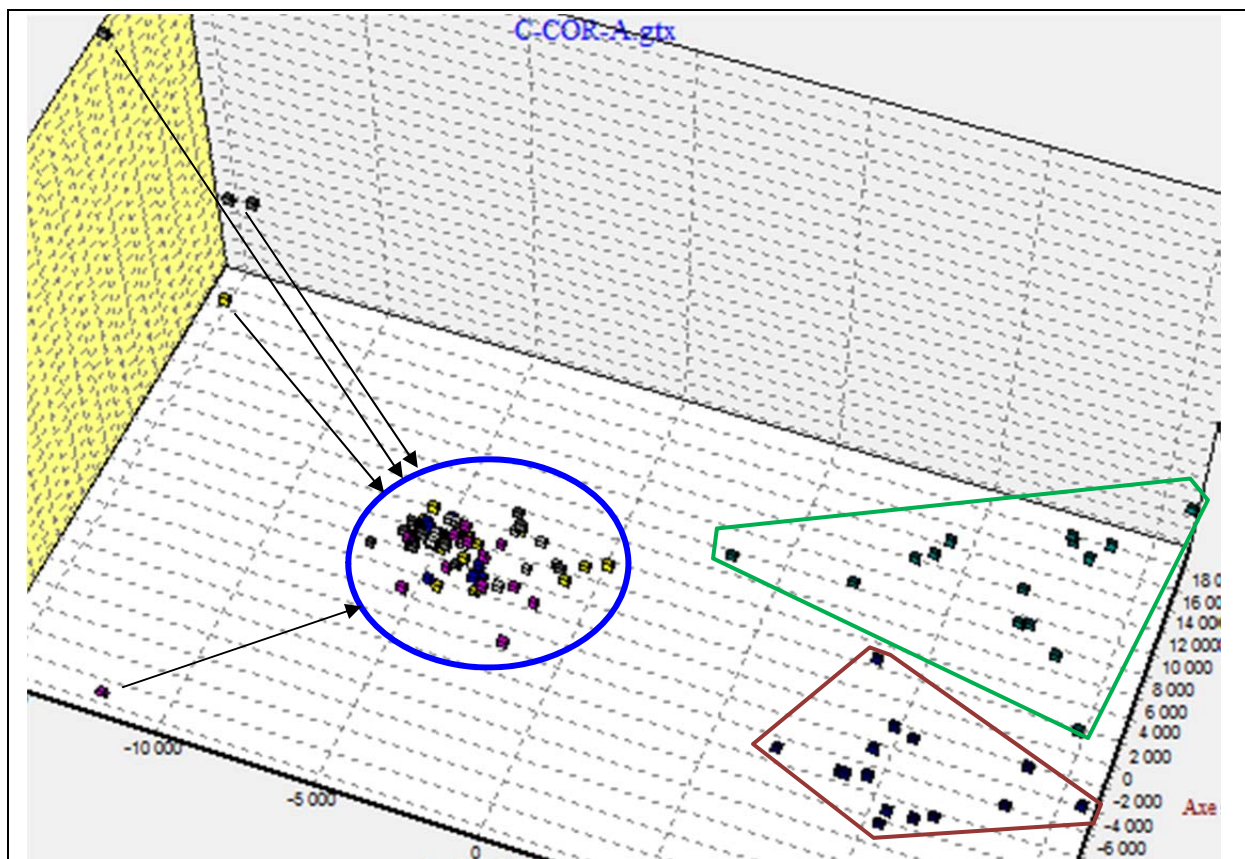
Ces analyses consistent à permettre l'interprétation des résultats. Elles comprennent trois étapes principales:

- 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 par les paramètres  $H_o^*$  et  $H_{nb}^*$ , la panmixie\* par le paramètre  $F_{is}^*$  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 6 marqueurs microsatellites analysés.

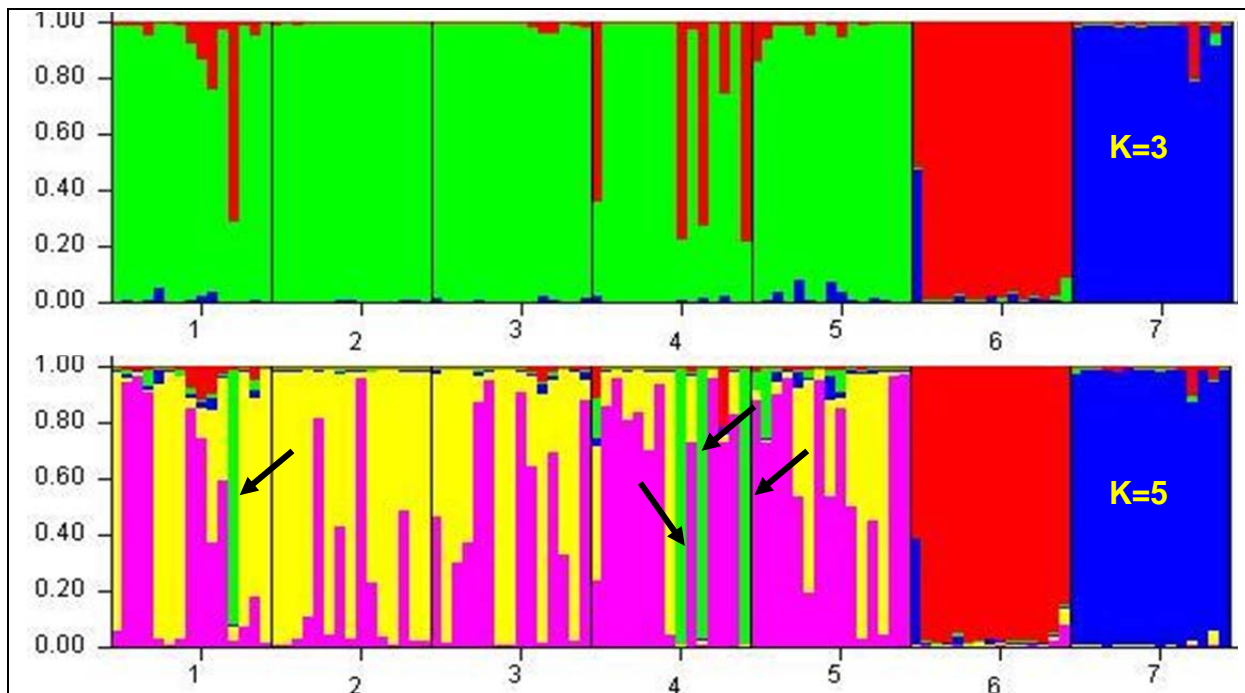


**Figure 2 :** Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme permet déjà de voir que les truites de la **Vézère** sont génétiquement distinctes des celles de la **Dronne** (affluent de la Dordogne) et des **truites domestiques**. On remarque quelques truites très excentrées de la Vézère (flèches).

### 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 50000 burn'in constitue la première étape de dégrossissement suivis par 100000 itérations, testant  $k$  entre 2 et 6 avec 5 répétitions à chaque valeur de  $k$ . La valeur  $k$  a été estimée à 3 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme. Bien que, statistiquement,  $K=3$  soit le meilleur découpage,  $K=5$  est aussi présenté car il distingue certaines truites qu'on peut considérer comme des intruses et correspondant aux truites excentrées de la Figure 2 (flèches, Figure 3 du bas).



**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 confirmer que les truites de la Vézère (parties 1 à 5) ne sont pas influencées par les truites domestiques les plus utilisées en France (ici partie 7).

Pour  $K=3$ , les traces de rouge sont probablement de simples ressemblances avec les truites de la Dronne (partie 6) car cette station est proche (bassin de la Dordogne).

Pour  $K=5$ , bien que non significatif, cet histogramme met en relief 4 truites (en vert, flèches) qui correspondent aux flèches de la Figure 2, leur cas sera discuté plus bas.

### 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.

N° carte	STATION	Hnb	Ho	A	Fis	signif.
1	Vézère (amont Viam)	0,58	0,38	6,50	0,36	***
2	Vézère (aval Viam)	0,40	0,32	4,00	0,20	**
3	Vézère (amont Virole)	0,45	0,33	4,67	0,28	***
4	Vézère (aval Virole)	0,54	0,26	5,33	0,53	***
5	Vézère (aval TCC)	0,64	0,45	5,83	0,30	***
-	Dronne (Dordogne)	0,63	0,64	5,67	-0,02	ns
-	pisciculture Isère	0,67	0,66	5,33	0,02	ns

**Tableau 3 :** Paramètres populationnels des échantillons de la Vézère 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.

Les stations 2 à 4 montrent une chute de polymorphisme (Hnb passe de 0,58 à 0,40, Ho de 0,38 à 0,32, et A de 6,5 à 4). Toutes les stations de la Vézère sont en fort déséquilibre panmictique (Fis fortement significatifs). Ces résultats sont exploités dans la discussion.

Le Tableau 4 donne les valeurs de Fst entre chaque paire d'échantillons analysés. Ces valeurs peuvent être considérées comme des distances génétiques indiquant le niveau de différenciation entre stations.

N° carte	STATION	Vézère (amont Viam)	Vézère (aval Viam)	Vézère (amont Virole)	Vézère (aval Virole)	Vézère (aval TCC)	Dronne (Dordogne)	pisciculture Isère
1	Vézère (amont Viam)	0,00	0,07	0,02	0,02	0,01	0,23	0,29
2	Vézère (aval Viam)		0,00	0,00	0,03	0,07	0,36	0,37
3	Vézère (amont Virole)			0,00	0,01	0,03	0,31	0,34
4	Vézère (aval Virole)				0,00	0,02	0,28	0,31
5	Vézère (aval TCC)					0,00	0,23	0,25
-	Dronne (Dordogne)						0,00	0,19
-	pisciculture Isère							0,00

**Tableau 4 :** Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. Le niveau de significativité permet de savoir quelles valeurs sont à considérer et quelles valeurs sont négligeables. Les cellules jaunes correspondent à des différences « hautement significatives », les cellules orange sont des comparaisons « très hautement significatives ». Ces résultats sont exploités dans la discussion.

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.

Ainsi les échantillons de la Vézère, de la Dronne et de la pisciculture constituent 3 lignées bien distinctes sans interférences. On peut d'abord en conclure que les truites de la Vézère analysées sont toutes sauvages (naturelles), du moins par rapport à la principale souche domestique nationale. Il est possible qu'il y ait eu des translocations locales (déplacement de poissons vivants d'une rivière à l'autre), ce qui est difficile à voir surtout après plusieurs générations (voir partie 6.3).

### 6.2. Hypothèses sur l'impact des obstacles naturel et artificiel sur la Vézère



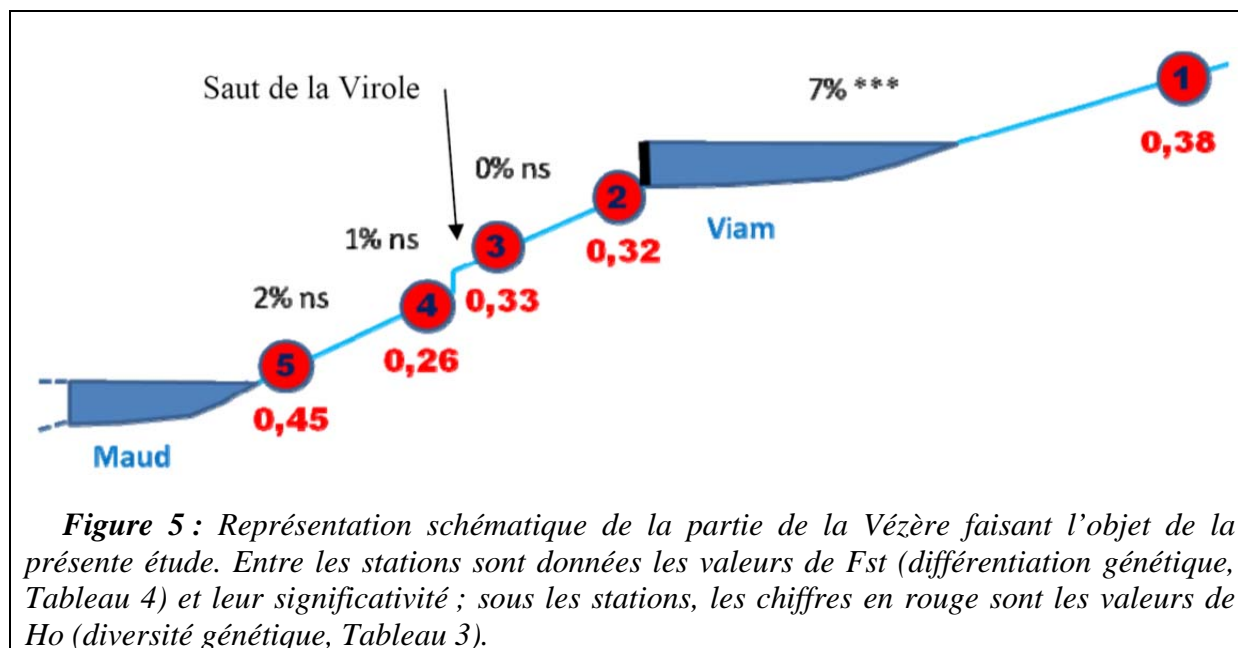
La question posée est celle de l'impact du barrage de Monceaux-la-Virole sur la continuité génétique du peuplement de truites. A ceci peut être ajoutée la question de l'impact du Saut de la Virole qui est le seul obstacle naturel pris en compte dans cette étude. Il s'agit d'une cascade infranchissable à la remontée mais permettant logiquement aux truites de dévaler (au moins les jeunes individus, voir Figure 4).

La différence avec l'obstacle que constitue le barrage de Monceaux-la-Virole est que la chute est très ancienne et le barrage très récent (moins de 70 ans). L'autre différence est que le barrage permet très difficilement la dévalaison (lac de retenue à traverser, chute de 30 mètres par intermittence) par rapport au saut.

*Figure 4 : Le Saut de la Virole en régime normal.*

Le graphique présenté ci-dessous (Figure 5) additionne les informations importantes réunies dans le rapport. On y voit que la rupture de la continuité génétique est maximale au niveau du barrage de Monceaux-la-Virole ( $F_{st}$  de 7%, très hautement significatif). Le niveau de significativité est influencé par l'effectif de chaque échantillon. On peut prédire que si on augmentait la taille des captures, certaines valeurs à l'aval deviendraient significatives, mais la valeur des  $F_{st}$  resterait sensiblement les mêmes, mettant en relief le différentiel de part et d'autre de la retenue de Viam.

La diversité génétique (représentée par le paramètre  $H_o$  à la Figure 5) est autant affectée par l'obstacle naturel et ancien (Saut de la Virole :  $H_o$  passe de 0,33 à 0,26 = 0,7 de réduction) que par l'obstacle artificiel (0,38 à 0,32 = 0,6). On peut en conclure qu'un barrage datant de 70 ans peut avoir autant d'effet qu'une chute d'eau datant de dizaines de milliers d'années: l'impact du barrage peut donc être considéré comme important.



De l'ensemble de ces résultats, il ressort que chaque obstacle le long de la Vézère a une incidence sur les caractéristiques des populations de truites.

- Le barrage de Monceaux-la-Virole a conduit à une différence de composition génétique des truites entre amont et aval de l'obstacle, probablement par 70 années d'interruption des échanges entre amont et aval.

- La chute naturelle de la Virole ne modifie pas la composition génétique mais la diversité et les populations amont et aval sont plus marquées par leur taille respective que par l'obstacle.

De manière générale, il semble (i) qu'un obstacle naturel permettant au moins la dévalaison n'empêche pas le contact entre amont et aval. On rapporte tout de même dans la littérature (mais pas dans la Vézère) des pertes de variants (ou allèles) quand on va vers amont, pertes qui ne peuvent plus être compensées par la richesse de l'aval et (ii) que le polymorphisme s'adapte surtout à la taille de la population. Une petite population est mécaniquement moins polymorphe qu'une grande. Les peuplements non perturbés ont une diversité dépendant de leur histoire évolutive mais aussi de leur effectif.

On peut donc interpréter le profil de polymorphisme de la Vézère comme une combinaison de l'impact des obstacles naturels et artificiels et de la taille des populations fragmentées qui augmente généralement vers l'aval (l'augmentation du débit et les affluents conduisant à une augmentation du volume vital et de la taille des populations). Cette dernière hypothèse est tout particulièrement valable pour le secteur du TCC en aval de la chute ( $H_o = 0,26$  à la station 4 contre  $0,45$  à la station 5). En revanche, la densité et la diversité génétique des truites en amont de la chute est similaire pour les deux zones étudiées ( $H_o = 0,32$  à la station 2 et  $H_o = 0,33$  à la station 3 car les conditions de reproduction de l'espèce est stable sur l'ensemble de son linéaire.

On peut cependant simplifier le débat, forcément spéculatif, par l'observation des données de la figure 5: le polymorphisme ( $H_o$  ou  $H_{nb}$ ) semble être un paramètre complexe intégrant plusieurs forces, mais le *Fst* (différentiation entre populations) n'est significatif que de part et d'autre du barrage.



### **6.3. Manipulation des populations de truites**

Une autre information importante apportée par cette étude est que les truites de la Vézère ont subi des manipulations par l'homme. Un des indices, qui n'est pas décisif, est le déséquilibre panmictique très fort et généralisé (Fis significatif, Tableau 3). Un autre indice décisif est la présence de truites génétiquement distinctes mises en évidence par l'analyse multidimensionnelle (flèches à la Figure 2) et l'analyse d'assignation (barres vertes et flèches à la Figure 3 pour  $K=5$ ). Le tableau donné en Annexe 1 explique que ces truites introduites sont caractérisées par l'allèle 092 au locus\* microsatellite OMY21DIAS à l'état homozygote\* : si ces truites appartenaient à la population échantillonnée, elles auraient présenté des hétérozygotes\* avec l'allèle 094 dominant (génotypes 092094). D'autres anomalies dans les génotypes sont indiquées par des couleurs dans l'Annexe 1. Il n'est pas possible de savoir quelles sont ces manipulations, ces caractéristiques génétiques ne sont pas celles des truites domestiques commerciales courantes (Figures 2 et 3). On peut toutefois en conclure que ces truites sont manipulées par l'homme, influençant peut-être les paramètres génétiques utilisés dans cette étude.

L'Annexe 2 montre les robes des truites "normales" et des truites intruses. La robe normale de la Vézère est caractérisée par de grosses taches noires et "rougeoyantes" vers le ventre, ocellées de blanc; peu de taches noires sur les opercules (moins de 10) et des franges blanches aux nageoires pelviennes et anale, rouge à la nageoire adipeuse. Malgré une certaine variabilité, cette robe est observée chez toutes les truites y compris les intruses, montrant là qu'elles sont sans doute de la Corrèze.

### **6.4. Comparaison avec d'autres modèles et conclusion**

La littérature scientifique présente quelques études sur l'impact des obstacles naturels ou artificiels des rivières sur leur ichthyofaune. Selon Raeymaekers et al. (2008) les populations d'épinoches belges réduisent leur diversité génétique en fonction de l'augmentation d'altitude. Selon Dehais et al. (2010), la diversité des chevesnes de la Durance augmente naturellement vers l'aval et la rupture de communication entre populations est proportionnelle au nombre d'obstacles. Selon Stelkens et al. (2012), la fragmentation d'habitat des truites d'une rivière suisse (l'Aare) est proportionnelle au nombre d'obstacles et à la distance tandis que la diversité génétique ne varie pas sur les 40 km étudiés.

De manière générale, on observe une baisse de diversité génétique vers l'amont attribuée à des tailles des populations de plus en plus réduite du fait de la réduction du volume de milieu disponible dans les rivières (Frankham 1996) et une perturbation génétique proportionnelle à l'importance des obstacles, et même proportionnelle à la distance dans les rivières présentant une multitude d'obstacles naturels et artificiels comme la Durance (selon Dehais et al., 2010).

Le cas de la Vézère obéit à ces tendances générales. La présente étude met en évidence, sur une portion très réduite de la Vézère, une forte influence du barrage de Monceaux-la-Virole sur la continuité génétique de la truite (= absence d'échanges amont-aval), mais pas sur la diversité génétique. Le Saut de la Virole influe sur la diversité génétique mais pas sur la composition génétique (= échanges amont aval et diversité fonction de la taille des populations).

Il faut enfin noter que ces interprétations et conclusion sont limitées par la taille des échantillons (15 truites) et par la manipulation (introduction) des truites par l'homme.

*Fait à Montpellier le 25 septembre 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.
- Dehais C., Eudeline R., Berrebi P., Argillier C. 2010.** Microgeographic genetic isolation in chub (Cyprinidae : *Squalius cephalus*) populations of the Durance River : estimating fragmentation by dams. *Ecology of Freshwater Fish* 19:267-278.
- Frankham R. 1996.** Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conservation Biology* 10:1500–1508.
- Stelkens R.B., Jaffuel G., Escher M., Wedekind C. 2012.** Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout. *Molecular Ecology*, 21:2896-2915.

## 8. Glossaire des termes techniques

\* **Equilibre panmictique** (ou panmixie): se dit d'une population dont les membres se reproduisent au hasard entre eux (par opposition à un peuplement composé par exemple de deux sous-groupes qui ne se reproduisent pas entre eux). Cette panmixie se vérifie par les proportions d'homozygotes\* et d'hétérozygotes ( $H_o^*$ ) qui peuvent être théoriquement prédites ( $H_{nb}^*$ ). L'écart entre ces deux paramètres = écart à la panmixie, qui peut être mesuré par le paramètre  $F_{is}^*$ .

\* **F<sub>is</sub>**: Ce paramètre se sert de la différence entre  $H_o^*$  et de  $H_{nb}^*$  pour mesurer l'écart à la panmixie\*. Positif il correspond à un manque d'hétérozygotes\* par rapport à l'attendu théorique. Négatif il correspond à un excès.

\* **F<sub>st</sub>**: Paramètre estimant la quantité de différence génétique entre deux échantillons ou deux populations. Il est assimilable à une distance génétique.

\* **Hétérozygote**: se dit d'un gène (ou d'un locus) composé de deux variants différents (chacun descendant de chacun des parent).

\* **Homozygote**: se dit d'un gène (ou d'un locus\*) composé de deux fois le même variant (chacun descendant de chacun des parent).

\***H<sub>o</sub>** et **H<sub>nb</sub>**: Ce sont les paramètres de polymorphisme génétique des populations les plus couramment employés. Ils représentent la proportion de génotypes hétérozygotes dans une population, tous marqueurs confondus. Plus il y a d'hétérozygotes, plus il y a de variants et plus la population est polymorphe. **H<sub>o</sub>** est l'hétérozygotie observée: on l'établit en comptant les génotypes hétérozygotes dans la matrice de données. **H<sub>nb</sub>** est une amélioration de **H<sub>e</sub>** pour tenir compte des différences d'effectifs dans les échantillons comparés. **H<sub>nb</sub>** (et **H<sub>e</sub>**) donnent la proportion théorique d'hétérozygotes si la population analysée était en panmixie\*. A l'équilibre panmictique,  $H_o = H_{nb}$ .

\* **Locus**: équivalent du gène quand la fonction n'est pas connue (ou quand il n'y a pas de fonction). Ce terme est employé pour les microsatellites\* car ce sont des zones (= locus) dont la fonction est nulle ou bien simplement volumétrique (ils écarteraient certains gènes sur l'ADN pour améliorer leur fonctionnement).

\* **Microsatellite:** partie non fonctionnelle de l'ADN composé d'une répétition du même motif (exemple: GTGTGTGTGT ou CATCATCATCATCAT...). Les erreurs de copie dans la cellule lors de sa division en font des marqueurs hypervariables exploités pour marquer les lignées génétiques.

## 8. Annexes

TISSUE	N° terrain	N° labo	ONEU9	MST85	SSOSL311	OMY21DIAS	MST543	SSOSL438
T26480	Cincle-01	VEZ1-01	197241	167167	166166	094094	118118	105105
T26481	Cincle-02	VEZ1-02	197201	167169	130136	094096	118126	105107
T26482	Cincle-03	VEZ1-03	197201	167167	136136	094094	118118	105105
T26483	Cincle-04	VEZ1-04	201205	169169	136136	094094	118118	101105
T26484	Cincle-05	VEZ1-05	197197	147167	122162	094094	118142	105105
T26485	Cincle-06	VEZ1-06	197197	167167	126126	094094	148148	099099
T26486	Cincle-07	VEZ1-07	185197	167167	126126	094094	126126	099099
T26487	Cincle-08	VEZ1-08	201205	167167	136136	094096	126148	105109
T26488	Cincle-09	VEZ1-09	201201	165167	140156	094094	118148	105105
T26489	Cincle-10	VEZ1-10	197197	167167	152152	094094	152152	105109
T26490	Cincle-11	VEZ1-11	197201	167167	140162	094094	118118	099103
T26491	Cincle-13	VEZ1-12	197197	167169	122138	092092	162164	101101
T26492	Cincle-15	VEZ1-13	197197	167167	126126	094094	118130	099105
T26493	Cincle-16	VEZ1-14	197197	167167	126148	094102	118118	105105
T26494	Cincle-17	VEZ1-15	197197	167169	126126	094094	118140	105105
T26499	Cincle-12	VEZ2-01	197197	167167	126126	094108	118126	105105
T26500	Cincle-14	VEZ2-02	197197	167169	126126	094094	148148	105105
T26501	Cincle-20	VEZ2-03	197197	167167	122152	094094	000000	105105
T26502	Cincle-21	VEZ2-04	197197	167167	144162	094094	118142	105105
T26503	Cincle-24	VEZ2-05	197197	169169	138140	094094	118148	105105
T26504	Cincle-25	VEZ2-06	197205	167167	122152	094094	118148	105105
T26506	Cincle-27	VEZ2-07	197197	161167	128144	094094	000000	105107
T26508	Cincle-29	VEZ2-08	197197	167169	152166	094094	126126	105105
T26509	Cincle-30	VEZ2-09	197197	167169	136148	094094	118118	105105
T26510	Cincle-31	VEZ2-10	197197	167169	122140	094094	148148	105105
T26511	Cincle-32	VEZ2-11	197197	169169	122166	094094	118126	105105
T26512	Cincle-33	VEZ2-12	197197	167169	126166	094094	142142	105105
T26513	Cincle-34	VEZ2-13	197197	167169	128128	094094	118148	105105
T26514	Cincle-35	VEZ2-14	197197	167169	166166	094094	126126	105105
T26515	Cincle-36	VEZ2-15	197197	167169	122122	094094	148148	105105
T26516	Cincle-37	VEZ3-01	197197	167169	128128	094094	148148	105105
T26517	Cincle-38	VEZ3-02	197197	167169	126126	094094	118140	105105
T26518	Cincle-39	VEZ3-03	197197	161167	140166	094094	118118	105105
T26519	Cincle-40	VEZ3-04	197197	167169	152152	094094	118118	099105
T26520	Cincle-41	VEZ3-05	197197	167169	148154	094094	118148	099105
T26521	Cincle-42	VEZ3-06	197197	167169	136148	094094	118118	105105
T26522	Cincle-43	VEZ3-07	197197	167169	126126	094094	148148	105105
T26523	Cincle-44	VEZ3-08	197205	167167	126126	094094	140140	105105
T26524	Cincle-45	VEZ3-09	197197	163167	136152	094094	118118	105105
T26525	Cincle-46	VEZ3-10	197201	167167	138152	094094	118118	105105
T26526	Cincle-47	VEZ3-11	201201	167167	122122	094094	126142	105105
T26528	Cincle-49	VEZ3-12	197201	167169	138138	094094	148148	105105
T26530	Cincle-51	VEZ3-13	197197	161167	144144	094094	118148	105105
T26531	Cincle-52	VEZ3-14	197197	167167	126152	094094	000000	099105
T26532	Cincle-53	VEZ3-15	197205	167169	130130	094094	148152	105105
T26533	Cincle-54	VEZ4-01	197201	167167	142142	094094	154164	105105

TISSUE	N° terrain	N° labo	ONEU9	MST85	SSOSL311	OMY21DIAS	MST543	SSOSL438
T26534	Cincle-55	VEZ4-02	193197	167169	136154	094094	118140	105105
T26535	Cincle-56	VEZ4-03	197197	163169	140140	094094	118118	105105
T26536	Cincle-57	VEZ4-04	197197	167167	136140	094094	126126	105105
T26537	Cincle-58	VEZ4-05	197197	167169	140140	094094	118148	105105
T26538	Cincle-59	VEZ4-06	197197	169169	144156	094094	118118	105105
T26539	Cincle-60	VEZ4-07	197197	167169	136136	094094	148148	099105
T26540	Cincle-61	VEZ4-08	197197	167167	126126	094094	118148	105107
T26541	Cincle-62	VEZ4-09	197197	167169	148148	092092	116116	101101
T26542	Cincle-63	VEZ4-10	197201	167167	138138	094094	118118	105105
T26543	Cincle-64	VEZ4-11	197197	167167	124124	092092	148148	101101
T26544	Cincle-65	VEZ4-12	197197	167169	130130	094094	118118	105105
T26545	Cincle-66	VEZ4-13	197201	163169	132150	094094	118118	105105
T26546	Cincle-67	VEZ4-14	197197	167169	140140	094094	000000	105105
T26547	Cincle-68	VEZ4-15	197197	167169	124124	092092	116116	101101
T26549	Cincle-70	VEZ5-01	197213	169169	130130	094100	130130	105105
T26550	Cincle-71	VEZ5-02	185185	155163	136140	094096	162162	107107
T26551	Cincle-72	VEZ5-03	197197	155167	140140	094114	118118	105105
T26553	Cincle-74	VEZ5-04	197201	167167	130136	094094	118118	105105
T26554	Cincle-75	VEZ5-05	193197	167171	128128	094094	118118	099105
T26555	Cincle-76	VEZ5-06	193209	167167	126142	094094	118148	105105
T26556	Cincle-77	VEZ5-07	197197	169169	136140	094094	118148	105105
T26557	Cincle-78	VEZ5-08	197201	161169	128128	094096	148148	105107
T26558	Cincle-79	VEZ5-09	197213	169169	148148	094100	118126	105107
T26559	Cincle-80	VEZ5-10	193197	167167	128128	094094	000000	099105
T26560	Cincle-81	VEZ5-11	197201	169169	126126	094094	118142	105105
T26561	Cincle-82	VEZ5-12	197197	167167	128128	094094	148148	099105
T26562	Cincle-83	VEZ5-13	197205	161167	126146	094094	126148	105105
T26563	Cincle-84	VEZ5-14	193197	159167	130136	094094	118118	099099
T26563	Cincle-84	VEZ5-15	193197	159167	130136	094094	118118	099099

*Annexe 1 : Génotypes rares expliquant la détection de probables intrusés dans l'ensemble des truites de la Vézère. En jaune les génotypes expliquant l'éloignement des points le long des coordonnées négatives de l'axe 1 de la Figure 2, en vert de l'axe 2 et en bleu de l'axe 3.*

*Annexe 2 : Robes des truites "normales" (page 1) et spéciales (page 2) de la Vézère.*



Truite 08, robe "normale" de la station 1



Truite 29, robe "normale" de la station 2



Truite 42, robe "normale" de la station 3



Truite 67, robe "normale" de la station 4



Truite 75, robe "normale" de la station 5



Truite 13 (station 1) se distinguant sur l'axe 3 de la Figure 2



Truite 62 (station 4) se distinguant sur l'axe 1 de la Figure 2



Truite 64 (station 4) se distinguant sur l'axe 1 de la Figure 2



Truite 68 (station 4) se distinguant sur l'axe 1 de la Figure 2