

Caractéristiques génétiques des truites de la Saulx et de l'Ornain (bassin de la Marne) dans le cadre du projet national GENETRUTTA

Projet GT-MAR

Analyses statistiques, interprétation, rédaction: **Patrick Berrebi***
Analyses moléculaires: **David Schikorski****

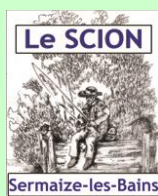
* Institut des Sciences de l'Evolution, UMR5554 UM2/CNRS/IRD,
Université Montpellier 2, CC065, place E. Bataillon,
34095 Montpellier cedex,
tel: 04 67 14 37 32, <patrick.berrebi@univ-montp2.fr>

** Genindexe, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle,
tel: 05 46 30 69 66, <d.schikorski@genindexe.com>



Site Ornain Alliancelles et truite ORN3-02

© FPPMA51



1. Introduction

Le projet GT-MAR participe à la description génétique des truites des affluents de la Marne dans le département de la Marne. Cette étude est incluse dans un projet national, GENETRUTTA, qui a pour objectif de fournir une carte de France des principales lignées génétiques naturelles du pays. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

2. Echantillonnage

Les 40 nageoires de truites de la Saulx et de l'Ornain sont parvenues à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 29 août 2014. Cynthia Leb est la correspondante de la Fédération de la Marne Pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (FPPMA51) auprès de l'ISEM.

La répartition géographique des localités d'échantillonnage est présentée à la Figure 1 et les caractéristiques des échantillons dans le Tableau 1. Les caractéristiques des stations et des truites prélevées sont présentées en annexe 2. Aux échantillons de la Saulx et de l'Ornain a été rajouté un échantillon représentant la principale souche domestique atlantique utilisée en France, provenant ici d'un grand établissement commercial de l'Isère (Tableau 1). Il servira à reconnaître l'éventuel apport domestique dans les rivières.

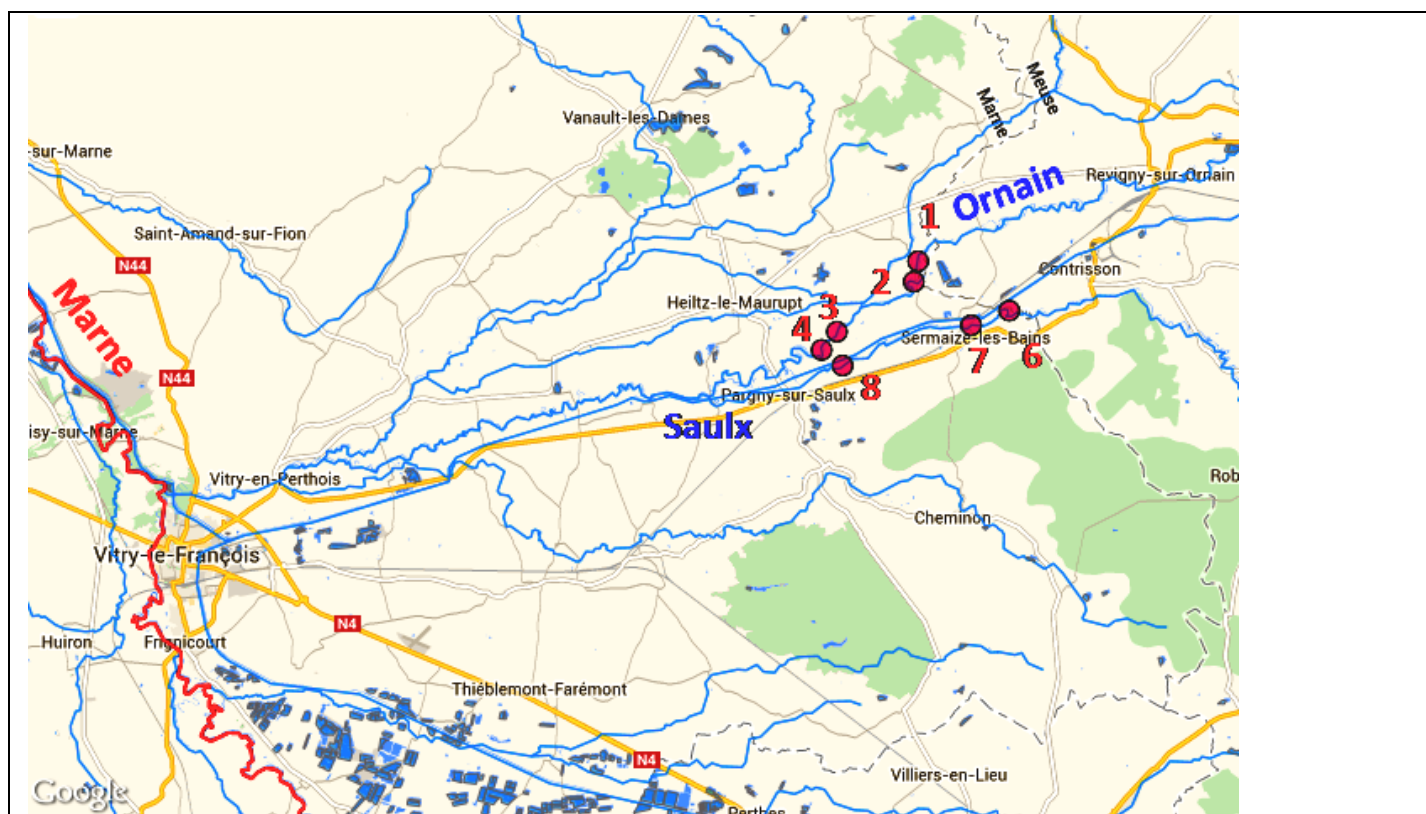


Figure 1 : Répartition géographique des prélèvements faits sur les deux rivières. Position des stations par rapport à la confluence de la Saulx avec la Marne (en rouge).

N° carte	Station	Commune	Nom de terrain	X	Y	N	Date	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Ormain (Alliancelles-Gué)	Alliancelles	ORN4	787568	2426034	1	25/08/2014	L585	T26565
2	Ormain (Alliancelles-Raidon)	Alliancelles	ORN1	787459	2425416	4	25/08/2014	L586	T26566-T26569
3	Ormain (Pargny-Gravier Richard)	Alliancelles	ORN6	785199	2423845	2	25/08/2014	L587	T26570-T26571
4	Ormain (Heiltz-gué du Gravier)	Heiltz le Maurupt	ORN3	784759	2423287	11	21/07/2014	L588	T26572-T26582
5	Ormain (pêcheur)	-	ORNx	-	-	2	2014	L589	T26583-T26584
6	Saulx (Sermaize-Marion)	Sermaize	SAU1	790350	2424645	4	24/07/2014	L590	T26585-T26588
7	Saulx (Sermaize-Rue du Port)	Sermaize	SAU2	789220	2424171	8	24/07/2014	L591	T26589-T26596
8	Saulx (Pargny-Ajot)	Pagny sur Saulx	SAU6	785402	2422838	8	21/07/2014	L592	T26597-T26604
9	pisciculture Isère		-	816742	2042079	30	2008	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons de la Marne et de pisciculture (en gris)

3. Analyses moléculaires

Les 40 truites ont été analysées au niveau de 12 marqueurs moléculaires : les microsatellites suivants Oneμ9, MST85, SSOSL 311, 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 génotypages. 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 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 au niveau des 12 marqueurs microsatellites analysés.

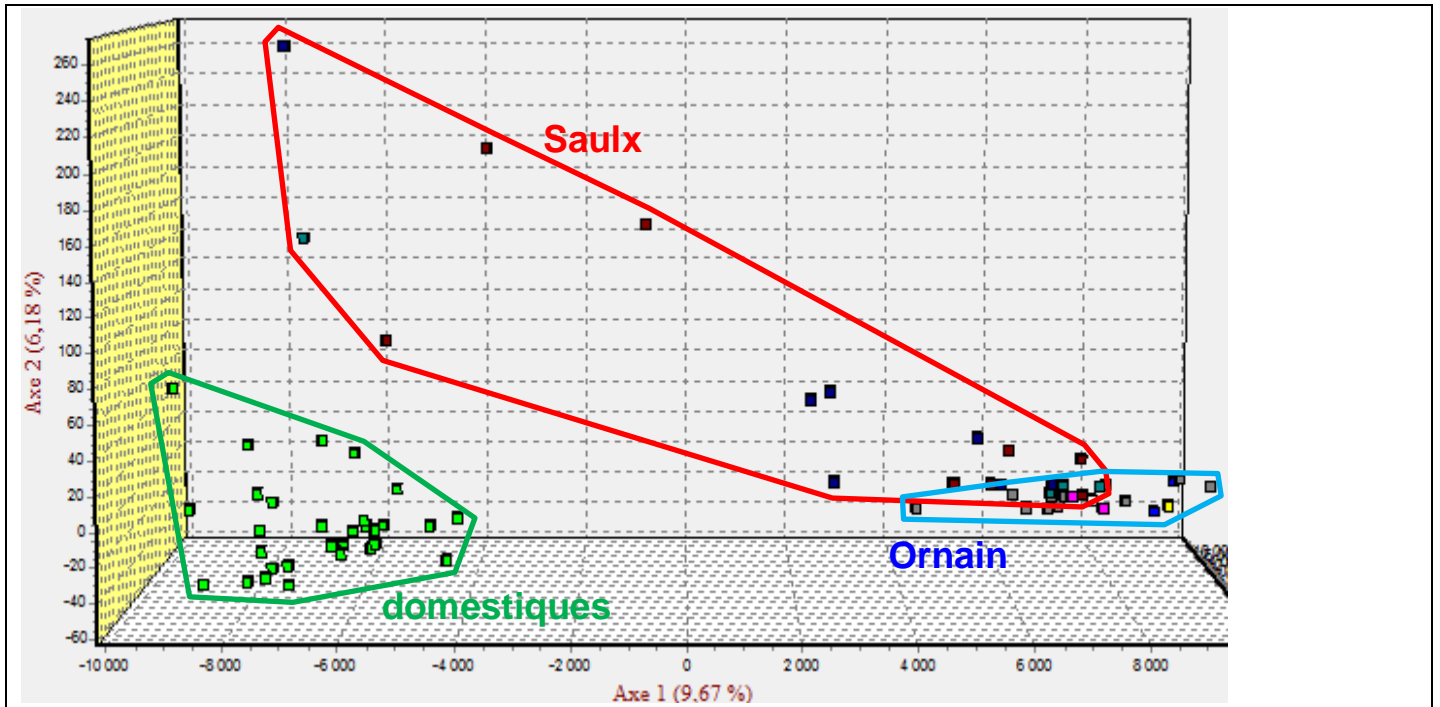


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme permet déjà de voir que les truites de rivière sont peu ou pas influencées par la souche domestique de référence. Il permet aussi de visualiser que les truites de la Saulx sont bien plus diverses que celles de l'Ornain (d'après la surface des enveloppes pour des effectifs identiques de 20 truites).

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 constituent la première étape de dégrossissement suivis par 100000 itérations, testant K entre 1 et 6 avec 5 répétitions à chaque valeur de K.

La valeur K a été estimée à 2 grâce au logiciel STRUCTURE HARVESTER. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et le Tableau 2 sous forme de pourcentages.

La Figure 3 et la Tableau 2 nous indiquent que l'extension de l'enveloppe (rouge) de la Saulx dans la figure 2 est la marque de la présence de gènes domestiques dans les truites de rivière. Les truites de l'Ornain en sont totalement indemnes. La composition génétique au niveau de chaque individu est donnée en Annexe 1.

Le cumul des estimations dans les deux rivières (sur 20 truites chacune) nous indique que l'Ornain est peuplé de truites sauvages à 100% (1% peut être considéré comme du bruit de fond dû à la méthode employée), tandis que la Saulx est introgressée (expression signifiant qu'il y a eu hybridation entre sauvages et domestiques) de 30%.

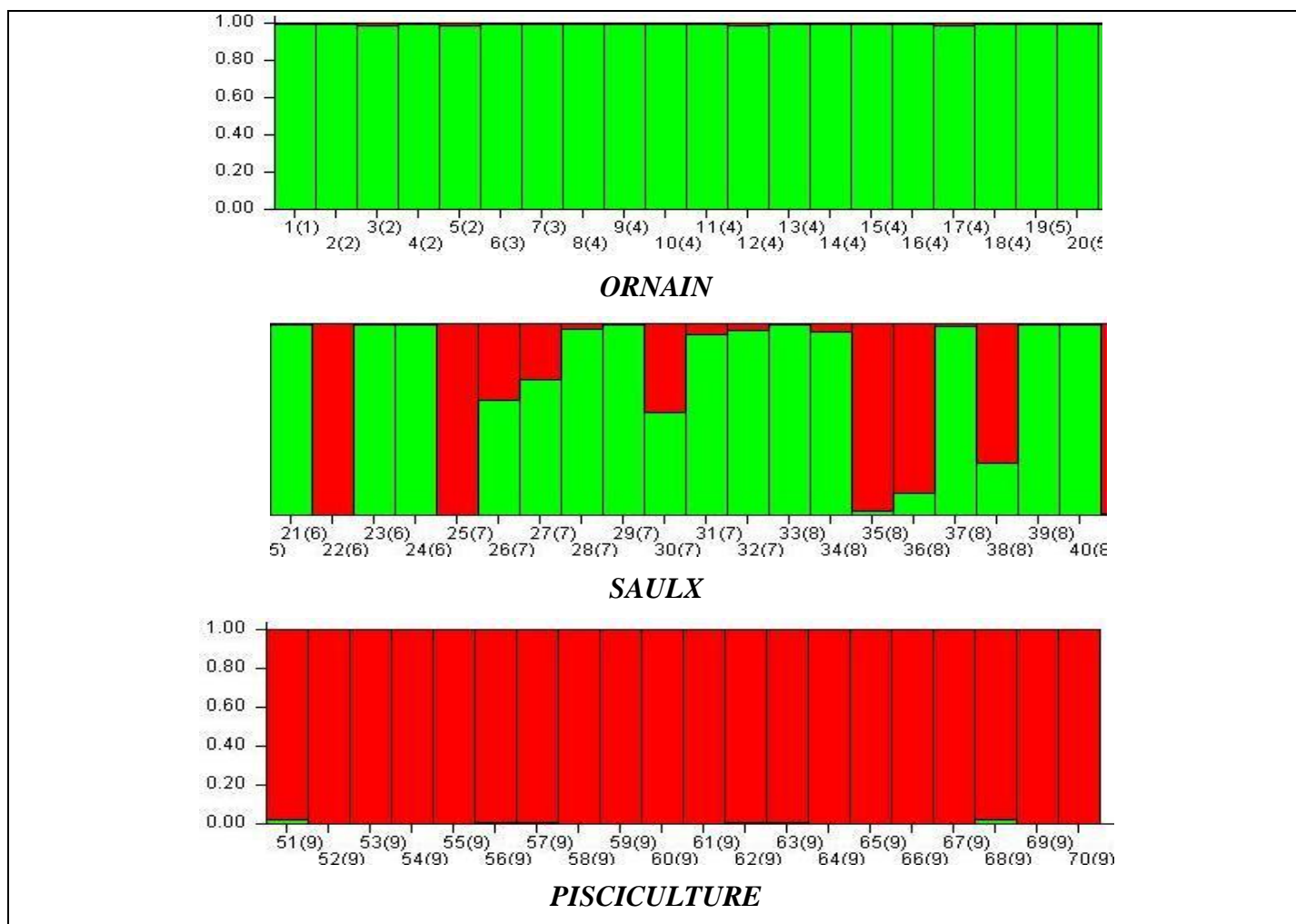


Figure 3 : Analyse d'assignation pour $K=2$ présentée sous forme d'histogramme découpé en trois: l'Ornain en haut, la Saulx au milieu et la souche de pisciculture en bas (réduite à 20 truites par soucis d'homogénéité). Chaque truite est représentée par un rectangle vertical, le numéro de chaque échantillon (première colonne du Tableau 1) est entre parenthèses.

N° carte	Station	N	% Saulx	% domestique
1	Ornain (Alliancelles-Gué)	1	100	0
2	Ornain (Alliancelles-Raidon)	4	99	1
3	Ornain (Pargny-Gravier Richard)	2	100	0
4	Ornain (Heiltz-gué du Gravier)	11	100	1
5	Ornain (pêcheur)	2	100	1
	tout Ornain	20	99	1
6	Saulx (Sermaize-Marion)	4	75	25
7	Saulx (Sermaize-Rue du Port)	8	72	28
8	Saulx (Pargny-Ajot)	8	67	33
	tout Saulx	20	70	30
9	pisciculture Isère	30	1	99

Tableau 2 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme de pourcentage d'assignation de chaque échantillon analysé aux K (2) sous-unités détectées. La composition génétique de chaque truite est donnée en Annexe 1.

5.3. Paramètres populationnels

Le Tableau 3 expose les valeurs des paramètres populationnels des échantillons nouveaux et de l'échantillon de pisciculture, à des fins de comparaison.

Les valeurs de polymorphisme (entêtes orange) nous indiquent que les truites de l'Ornain sont moins diversifiées génétiquement ($H_{nb} = 0,47$) que les autres truites ($H_{nb} = 0,68$) sans que ce niveau soit préjudiciable à la population de l'Ornain. Le fort polymorphisme des truites de la Saulx (plus que les domestiques, réputées très polymorphes) est probablement une conséquence de l'hybridation (voir Tableau 2).

Les Fis significatifs nous montrent que toutes les truites des échantillons naturels ne sont pas en panmixie (elles ne se reproduisent pas au hasard entre elles): là aussi c'est probablement un effet de l'introgression domestique pour la Saulx (**). Le faible déséquilibre de l'Ornain (*) ne trouve pas d'explication puisque toutes ses truites sont sauvages (voir Tableau 2).

Station	N	Hnb	Ho	A	Fis	signif.
Ornain	20	0,47	0,44	4,17	0,08	*
Saulx	20	0,68	0,61	7,50	0,10	**
pisciculture Isère	30	0,67	0,67	6,00	0,00	ns

Tableau 3 : Paramètres populationnels des échantillons des deux rivières et de l'échantillon de pisciculture. Les entêtes orange correspondent au paramètres de polymorphisme; les entêtes roses aux paramètres d'équilibre panmixique : si significatif (*), le Fis indique un déséquilibre (par exemple, plus d'une lignée est présente dans l'échantillon).

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. La significativité des estimations est fortement influencée par l'effectif. Le fait que l'échantillon 4 (Ornain) de 11 truites se montre différent des échantillons 6, 7 et 8 (Saulx) de 4, 8 et 8 truites respectivement, nous indique que globalement les deux rivières sont peuplées par des truites différentes.

Evidemment, la souche domestique est différente de chaque échantillon de rivière (sauf le n°1 composé d'une seule truite).

N° carte	Station	N	Ornain 1	Ornain 2	Ornain 3	Ornain 4	Ornain 5	Saulx 6	Saulx 7	Saulx 8	P (9)
1	Ornain (Alliancelles-Gué)	1	0	0,00	0,19	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,15
2	Ornain (Alliancelles-Raidon)	4		0	0,00	0,01	0,00	0,09	0,06	0,07	0,20
3	Ornain (Pargny-Gravier Richard)	2			0	0,02	0,00	0,07	0,02	0,02	0,21
4	Ornain (Heiltz-gué du Gravier)	11				0	0,01	0,14	0,12	0,09	0,21
5	Ornain (pêcheur)	2					0	0,06	0,01	0,04	0,17
6	Saulx (Sermaize-Marion)	4						0	0,00	0,00	0,13
7	Saulx (Sermaize-Rue du Port)	8							0	0,00	0,10
8	Saulx (Pargny-Ajot)	8								0	0,12
9	pisciculture Isère	30									0

Tableau 4 : Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. Le niveau de significativité des valeurs est donné par les couleurs: blanc = non significatif; jaune = significatif ($p < 0,05$), orange = hautement significatif ($p < 0,01$) et rouge = très hautement significatif ($p < 0,002$). Lire l'interprétation dans le texte.

6. Interprétation des résultats

Les analyses génétiques des 40 truites des affluents de la Marne concluent de façon évidente à la présence de truites ancestrales dans ces rivières. Visuellement, cette lignée naturelle (sauvage) est représentée par la couleur verte de la Figure 3.

Dans cette même figure la couleur rouge figure la présence de gènes domestiques, absents de l'Ornain mais présents à 30% dans la Saulx.

Il est probable que les truites 22, 25, 35 et 36 soient des truites survivantes des derniers repeuplements ou lâchers (voir Annexe 1).

Cette détection dépend de l'échantillon de référence utilisé, ici 30 truites d'une grande pisciculture commerciale de l'Isère élevant la principale souche domestique française, dite « INRA-CEMII ». Il faut prévenir que si une autre souche très différente a été utilisée, même dans un passé lointain, dans cette zone, sa détection n'est pas garantie par manque d'échantillon de référence. Toutefois, il est probable que l'analyse d'assignation aurait signalé une troisième lignée mystérieuse.

Les résultats sont donc relativement sûrs :

- seule la Saulx est introgressée à 30% par la lignée domestique commerciale française ;
- la lignée naturelle locale est la même entre les deux rivières

Cet état assez proche du peuplement ancestral sauvage suffit à justifier une gestion patrimoniale puisque les repeuplements du passé n'ont pas impacté fortement ces populations et se sont donc avérés partiellement inutiles, du moins dans l'Ornain.

Fait à Montpellier le 14 octobre 2014

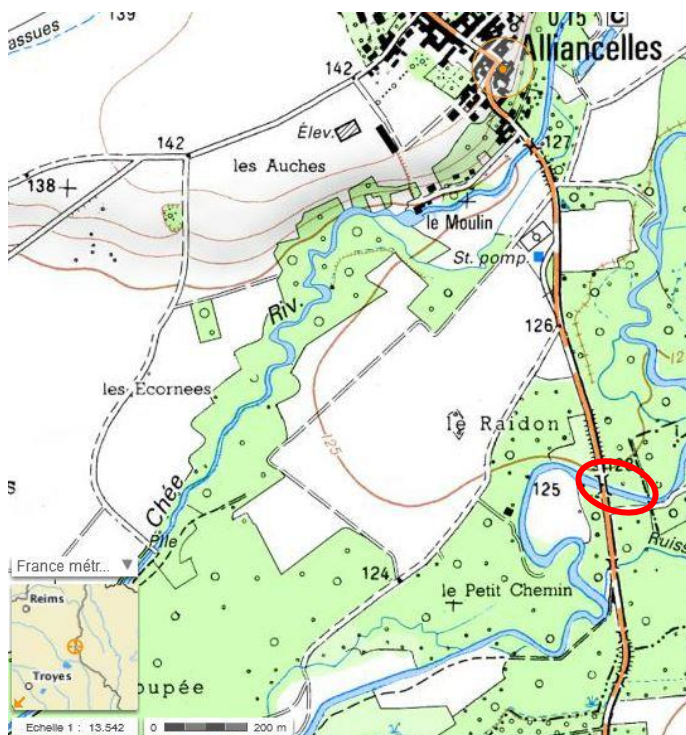
7. Annexes

Numéro d'ordre dans l'analyse	Numéro de terrain (étiquette)	Numéro FD51	Numéro sur la carte	% du type sauvage	% du type domestique
1	GT-MAR-12	O1-01	1	99,6	0,4
2	GT-MAR-15	O2-01	2	99,4	0,6
3	GT-MAR-16	O2-02	2	99,1	0,9
4	GT-MAR-17	O2-03	2	99,6	0,4
5	GT-MAR-18	O2-04	2	99	1
6	GT-MAR-13	O3-01	3	99,6	0,4
7	GT-MAR-14	O3-02	3	99,6	0,4
8	GT-MAR-01	O4-01	4	99,4	0,6
9	GT-MAR-02	O4-02	4	99,6	0,4
10	GT-MAR-03	O4-03	4	99,6	0,4
11	GT-MAR-04	O4-04	4	99,4	0,6
12	GT-MAR-05	O4-05	4	99,2	0,8
13	GT-MAR-06	O4-06	4	99,6	0,4
14	GT-MAR-07	O4-07	4	99,6	0,4
15	GT-MAR-08	O4-08	4	99,5	0,5
16	GT-MAR-09	O4-09	4	99,6	0,4
17	GT-MAR-10	O4-10	4	98,8	1,2
18	GT-MAR-11	O4-11	4	99,6	0,4
19	GT-MAR-19	O5-01	5	99,3	0,7
20	GT-MAR-20	O5-02	5	99,6	0,4
21	GT-MAR-37	S1-01	6	99,5	0,5
22	GT-MAR-38	S1-02	6	0,5	99,5
23	GT-MAR-39	S1-03	6	99,5	0,5
24	GT-MAR-40	S1-04	6	99,4	0,6
25	GT-MAR-29	S2-01	7	0,7	99,3
26	GT-MAR-30	S2-02	7	60,6	39,4
27	GT-MAR-31	S2-03	7	71	29
28	GT-MAR-32	S2-04	7	97,7	2,3
29	GT-MAR-33	S2-05	7	99,6	0,4
30	GT-MAR-34	S2-06	7	53,8	46,2
31	GT-MAR-35	S2-07	7	94,9	5,1
32	GT-MAR-36	S2-08	7	96,9	3,1
33	GT-MAR-21	S3-01	8	99,4	0,6
34	GT-MAR-22	S3-02	8	96,1	3,9
35	GT-MAR-23	S3-03	8	2,5	97,5
36	GT-MAR-24	S3-04	8	12,1	87,9
37	GT-MAR-25	S3-05	8	98,8	1,2
38	GT-MAR-26	S3-06	8	27,4	72,6
39	GT-MAR-27	S3-07	8	99,5	0,5
40	GT-MAR-28	S3-08	8	99,6	0,4

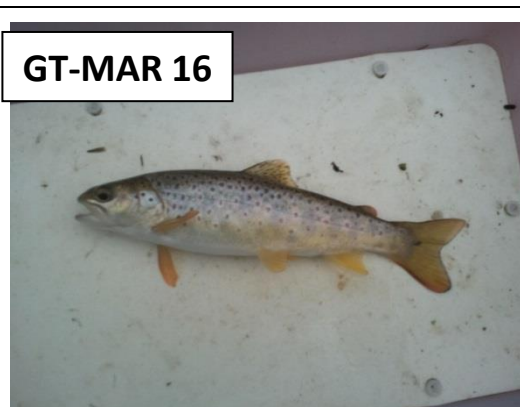
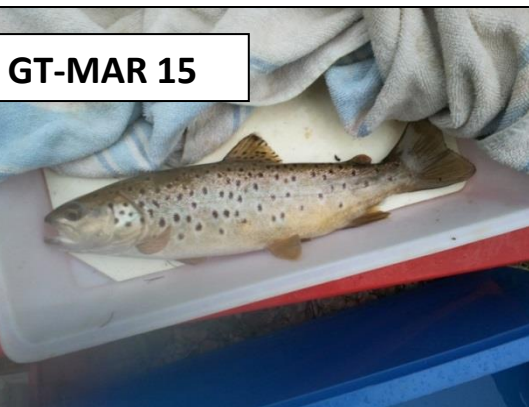
Annexe 1 : Composition génétique de chaque truite analysée. Les couleurs rendent compte de la proportion de gènes domestiques détectés dans chaque truite de rivière.

Ornain Alliances : ORN1

25 août 2014



Cours d'eau	Ornain
Commune	Alliances
Lieu-dit	Le Raidon
N° station	ORN1
Longueur pêchée	100 m environ
Largeur moyenne	12 m

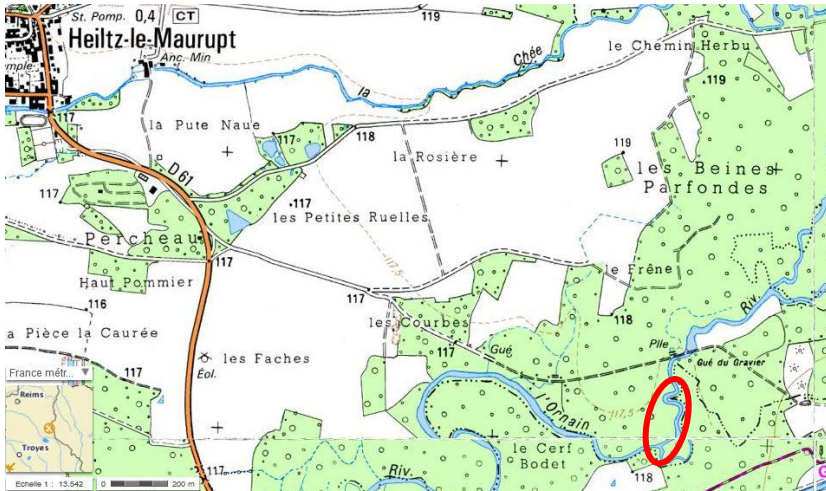


GT-MAR 19 : truite de l'Ornain congelée 351 mm et 420g
Pêchée à la ligne fin juin-début juillet 2014

GT-MAR 20 : truite de l'Ornain congelée 398 mm et 630g
Pêchée à la ligne fin juin-début juillet 2014

Ornain Heiltz-le-Maurupt/Pargny-sur-Saulx : ORN3

21 juillet 2014



Cours d'eau	Ornain
Commune	Heiltz-le-Maurupt / Pargny-sur-Saulx
Lieu-dit	Gué du Gravier
N° station	ORN3
Longueur pêchée	170 m environ
Largeur moyenne	13.5 m

GT-MAR 01 270 mm/231 g



GT-MAR 02 460 mm/1272 g

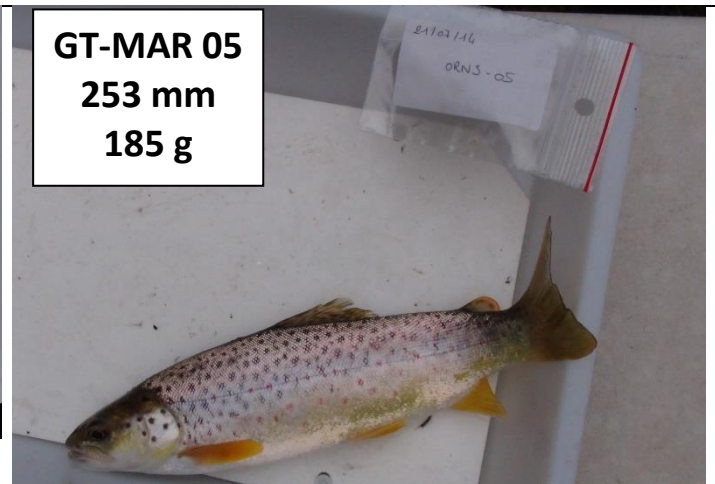


Manque la photo de la truite GT-MAR 03 : 339 mm et 456 g

**GT-MAR 04
280 mm
262 g**



**GT-MAR 05
253 mm
185 g**



GT-MAR 06 323 mm/404 g



**GT-MAR 07
252 mm
171 g**



**GT-MAR 08
227 mm
119 g**



**GT-MAR 09
243 mm
172 g**



**GT-MAR 10
253 mm
174 g**

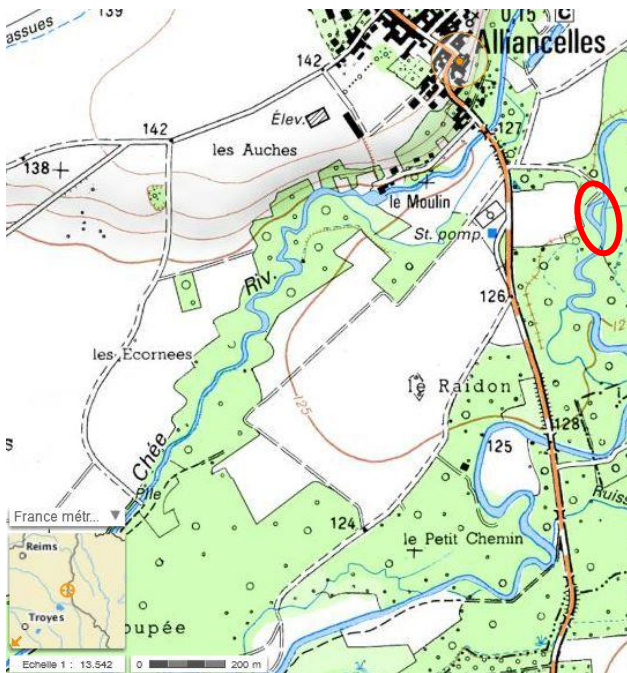


**GT-MAR 11
205 mm
100 g**



Ornain Alliancelles : ORN4

25 août 2014

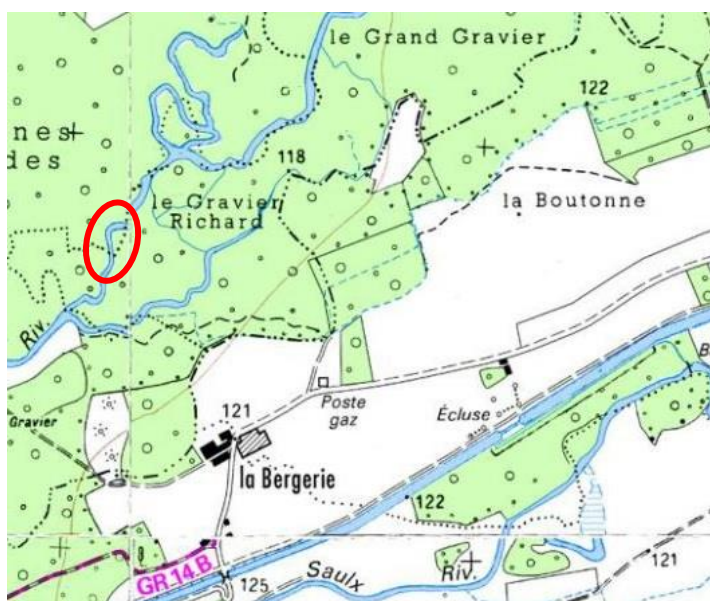


Cours d'eau	Ornain
Commune	Alliancelles
Lieu-dit	Gué
N° station	ORN4
Longueur pêchée	120 m environ
Largeur moyenne	12 m



Ornain Heiltz-le-Maurupt/Pargny-sur-Saulx : ORN6

25 août 2014

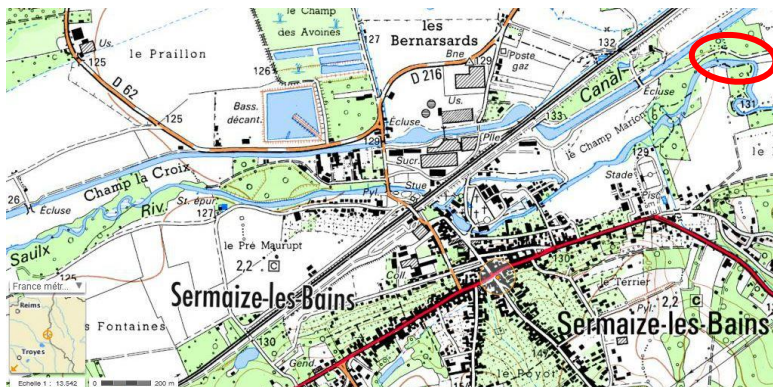


Cours d'eau	Ornain
Commune	Heiltz-le-Maurupt / Pargny-sur-Saulx
Lieu-dit	Gravier Richard
N° station	ORN6
Longueur pêchée	120 m environ
Largeur moyenne	12.5 m



Saulx Sermaize-les-Bains : SAU1

24 juillet 2014



Cours d'eau	Saulx
Commune	Sermaize-les-Bains
Lieu-dit	Champ Marion
N° station	SAU1
Longueur pêchée	260 m environ
Largeur moyenne	12.50 m

GT-MAR 37 347 mm/430 g



GT-MAR 38 180 mm/62 g



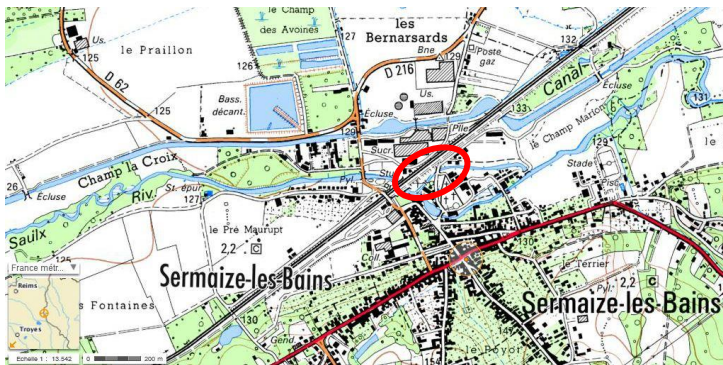
**GT-MAR 39
303 mm
259 g**



GT-MAR 40 : pas de photo 545 mm 1293 g

Saulx Sermaize-les-Bains : SAU2

24 juillet 2014



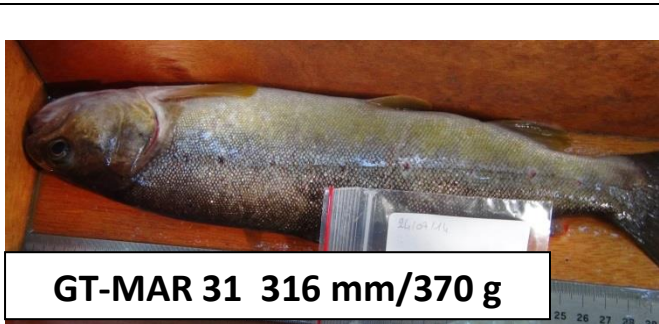
Cours d'eau	Saulx
Commune	Sermaize-les-Bains
Lieu-dit	Rue du Port
N° station	SAU2
Longueur pêchée	210 m environ
Largeur moyenne	11 m



GT-MAR 29 235 mm/148 g



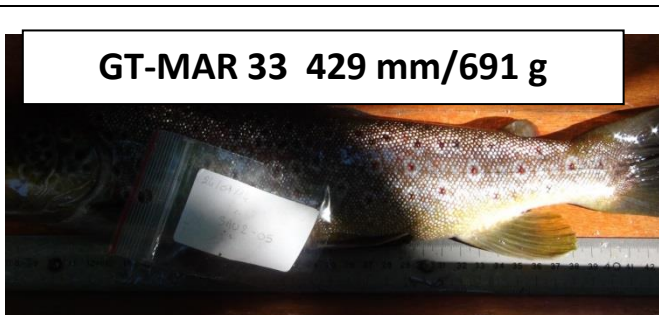
GT-MAR 30 297 mm/295 g



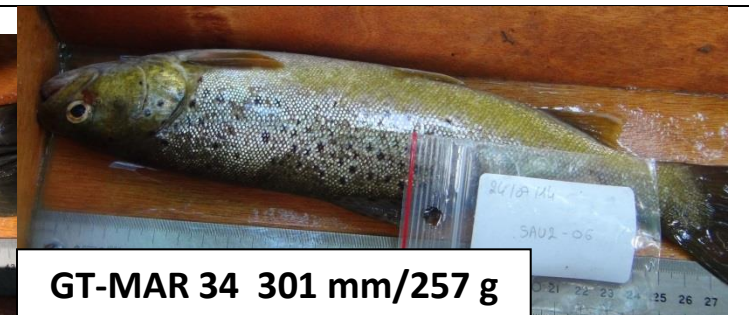
GT-MAR 31 316 mm/370 g



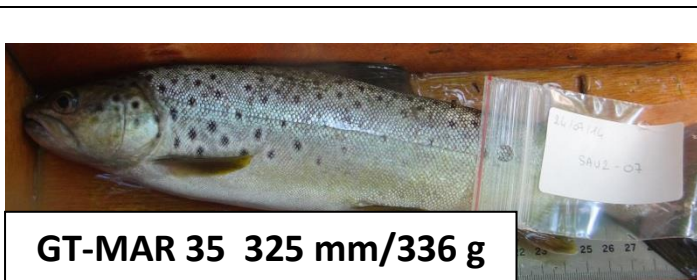
GT-MAR 32 243 mm/157 g



GT-MAR 33 429 mm/691 g



GT-MAR 34 301 mm/257 g



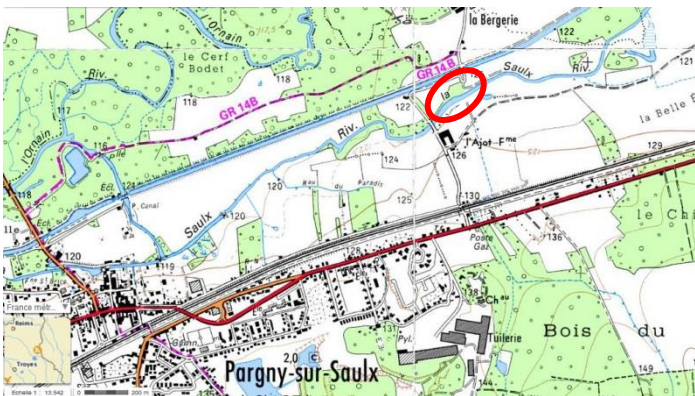
GT-MAR 35 325 mm/336 g



GT-MAR 36 357 mm/421 g

Saulx Pargny-sur-Saulx : SAU6

21 juillet 2014



Cours d'eau	Saulx
Commune	Pargny-sur-Saulx
Lieu-dit	Ferme de l'Ajot
N° station	SAU6
Longueur pêchée	210 m environ
Largeur moyenne	13 m

GT-MAR 21 260 mm/194 g



GT-MAR 22 231 mm/125 g



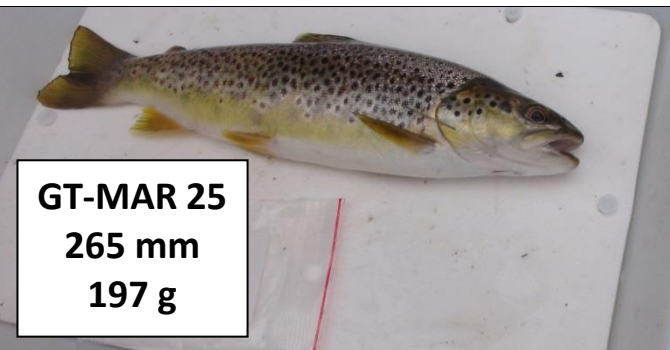
GT-MAR 23 245 mm/155 g



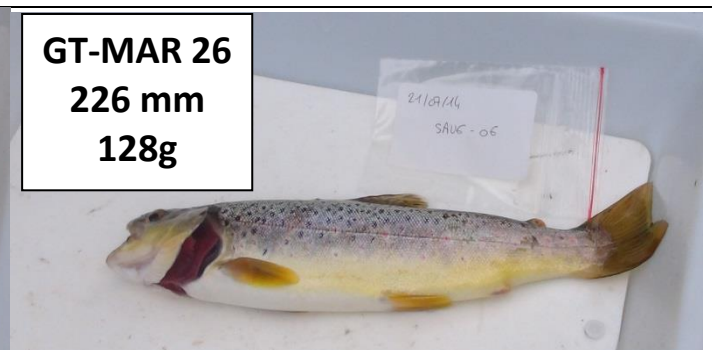
GT-MAR 24 217 mm/119 g



**GT-MAR 25
265 mm
197 g**



**GT-MAR 26
226 mm
128g**



GT-MAR 27 500 mm/1096 g



**GT-MAR 28
253 mm
174 g**

