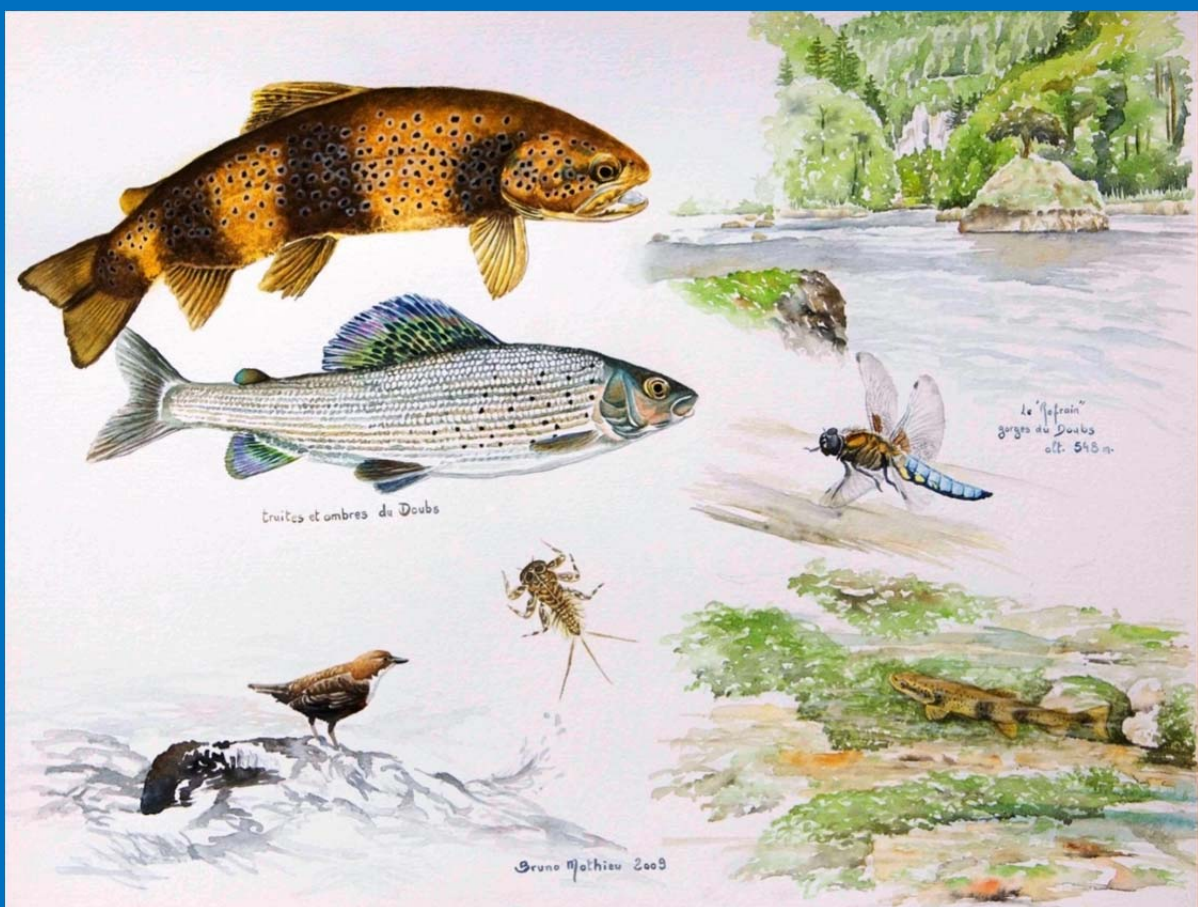


# Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises

Programme GENETRUTTA  
Octobre 2014 (GT2014)  
2/3



© Dessin de Bruno MATHIEU <bruno.troglo@orange.fr>

Analyses statistiques, interprétation, rédaction: **Patrick Berrebi\***  
Analyses moléculaires: **ZhaojunShao\*\*** & **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](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)

\*\* Institut des Sciences de l'Evolution, [zhjshao@gmail.com](mailto:zhjshao@gmail.com)

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

## 1. Introduction

Ce rapport nommé GT2014 est le second d'une série de trois ayant pour but d'établir la carte de France des lignées génétiques de truites sauvages: c'est le projet GENETRUTTA. Ce projet trisannuel est à l'initiative de la FNPF qui le cofinance avec les Fédérations Départementales (FD) impliquées et le laboratoire ISEM de Montpellier. L'ONEMA a participé de manière décisive à l'échantillonnage.

L'essentiel des objectifs et de la méthodologie moléculaire et statistique a été longuement décrit dans le rapport GT2013 et ne sera pas reprise ici.

L'apport de ce second tome se résume à:

(i) ajouter de nouvelles stations analysées au niveau de 12 marqueurs microsatellites (39 nouvelles stations précisées aux tableaux 1a, b et c). Les partenaires ayant fourni ces échantillons sont signalés et remerciés au **chapitre 2**;

(ii) décider d'une stratégie d'analyse statistique: il n'est pas possible d'ajouter indéfiniment des échantillons à la matrice de génotypes, son accroissement nuit à la qualité des résultats. La stratégie adoptée est expliquée au **chapitre 3**;

(iii) les résultats des nouvelles analyses sont traduits en graphiques compréhensibles par tous dans le **chapitre 4** et interprétés au **chapitre 5**.

## 2. Echantillonnage

Les analyses statistiques de 2014 s'appliquent à de **nouveaux échantillons** d'origine diverse, ayant pour but de parfaire le maillage géographique commencé en 2013.

Des **échantillons représentatifs des principales lignées** génétiques telles que décrites dans les rapports GENSALM et GT2013 sont rajoutées à ces nouveaux échantillons à titre de références connues (14 échantillons).

Des **échantillons domestiques** de deux types principaux, déjà analysés en 2013, sont maintenus et augmentés pour satisfaire à la stratégie d'analyse choisie. Ces types domestiques sont (i) la souche domestique atlantique la plus commercialisée en France et provenant de la domestication effectuée par l'INRA dans les années 80 et (ii) les souches locales créées dans les régions selon les besoins et dont le rayonnement peut aller bien au-delà du bassin pour lequel la souche a été créée, ce qui pose en soi un problème à débattre.

Parmi les 39 **nouveaux échantillons**, 17 ont été capturés spécialement pour le projet GENETRUTTA. Un grand merci pour les responsables et techniciens qui y ont participé.

A) Des échantillons (8 stations) ont été fournis par l'ONEMA en 2011 avec l'aide de Nicolas Poulet, et ont été utilisés seulement pour GT2014:

- DIR1, Nord-Ouest (corr. Christophe Blanchard et Sylvain Chauvigné),
- DIR2 Bretagne Pays de la Loire (corr. José Berdayès, Thibault Vigneron et Sylvie Tomanova),
- DIR7 Sud-Ouest (corr. Laurence Blanc),
- DIR8 Méditerranée (corr. Stéphane Lefebvre et Michael Cagnan).

B) D'autres échantillons (8 stations) proviennent de FD ayant participé au programme d'analyses organisé par la FNPF, des rapports dont les sigles sont donnés ci-dessous ont déjà été publiés:

- GT-LOZ3, Valérie Prouha (FD48)
- GT-YON1, Jean-Louis Clère (FD89)
- GT-SNM, Geoffroy Garot (association SEINORMIGR)
- GT-EetL, Grégoire Ricou (FD37)

C) Une pisciculture a spontanément proposé un échantillon en 2010, la souche élevée étant très proche de la forme sauvage dans une région peu échantillonnée (pisciculture de Bulles, sur la Brèche, dans l'Oise, corr. Christophe et Pascal Legay)

Pour compléter la distribution géographique, la collection de tissus de l'ISEM, laboratoire de génétique de l'Université Montpellier 2, a été mise à contribution, le plus souvent en complétant à 12 microsatellites des analyses disponibles à 6 marqueurs (22 échantillons).

D'autres données, déjà disponibles dans la base de données de l'ISEM (60 échantillons), ont été employées dans la **partie 4.3**.

### 3. Stratégie d'analyse

Il n'est pas envisageable de concentrer dans une même analyse statistique toutes les truites analysées dans le projet national GENETRUTTA DEPUIS 2013. Les truites analysées jusqu'à présent dans GENETRUTTA, additionnées des références issues du programme précédent GENESALM, aboutit à près de 2830 individus. Il a donc été nécessaire d'une part de tirer profit des analyses précédentes, et d'autre part de traiter dans le détail les nouvelles stations analysées pour le présent rapport GT2014.

Cette stratégie d'analyse peut être résumée en trois étapes :

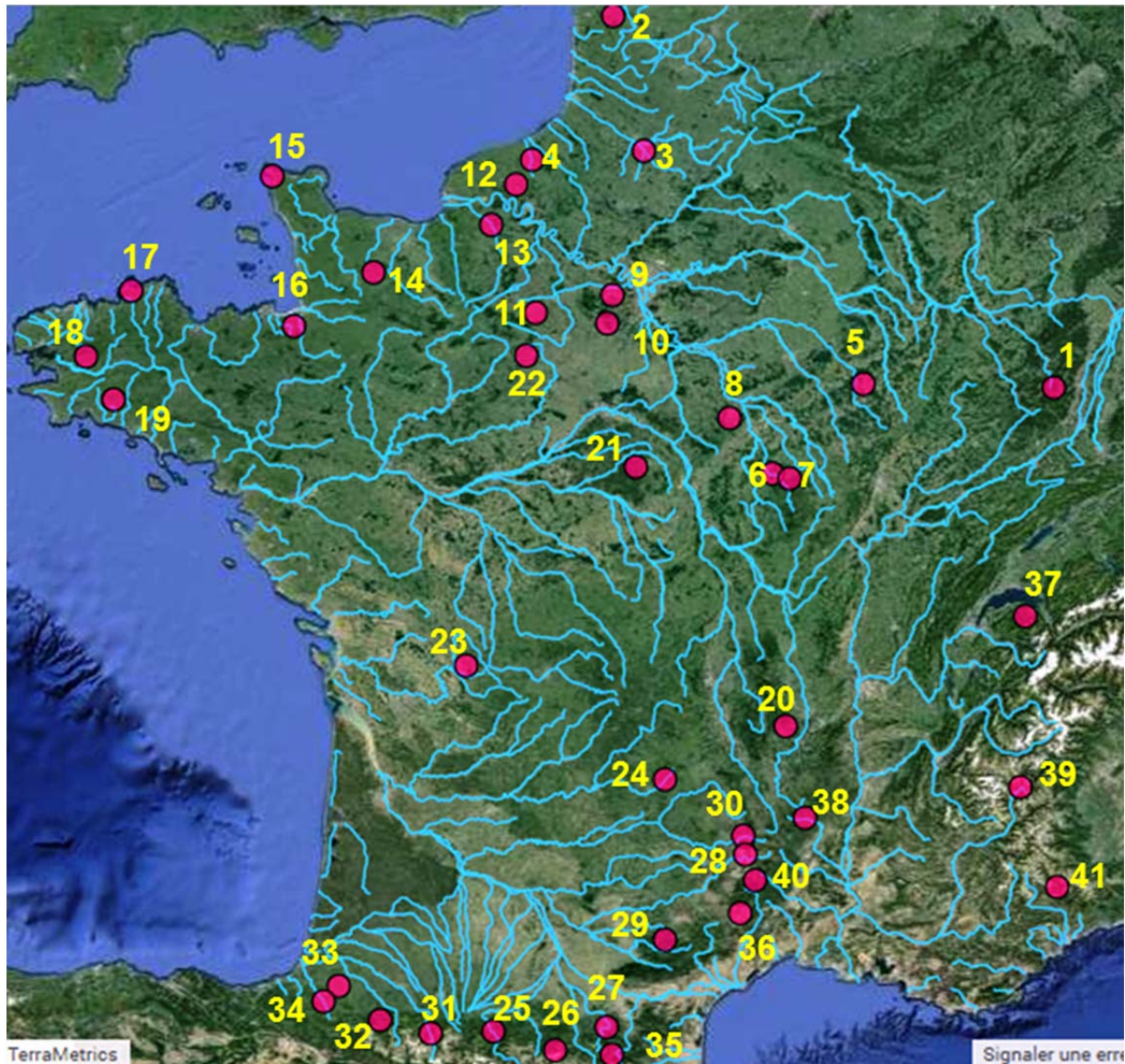
1 - Il faut d'abord **retirer de chaque échantillon de rivière, les truites majoritairement de type domestique** (sauf dans les échantillons de référence de piscicultures) car seules les lignées naturelles nous intéressent ici. Cet objectif n'est pas simple : à chaque région, outre la lignée atlantique commerciale, des souches locales ont pu être introduites. Par analyse multidimensionnelle, il est possible d'opposer chaque échantillon naturel à une ou plusieurs lignées domestiques. Les truites domestiques et les hybrides majoritairement domestiques sont retirés de la matrice de données.

2 - Une **analyse globale** est le cœur du projet. Aux échantillons nouveaux sont ajoutés un minimum d'échantillons provenant des analyses de GT2013, chacun représentant une lignée distincte (Adour, Garonne, Charente, Bretagne, Seine, nord, Rhône, Roussillon... ainsi que les

lignées domestiques). Ainsi, chaque nouvel échantillon peut être rangé parmi les lignées déjà déterminées en 2013, voire constituer de nouvelles lignées génétiques.

Analyses multidimensionnelles et d'assignation sont les méthodes statistiques privilégiées.

3 –La troisième étape consiste à analyser, **région par région** (ou bassin par bassin), tous les échantillons disponibles depuis 2006 quand a commencé le projet GENESALM, et ayant été analysés avec au moins 12 microsattellites. Ici aussi, les truites domestiques ont été préalablement retirées.



*Figure 1a : Répartition géographique des 41 premières stations détaillées aux Tableaux 1a et 1b.*

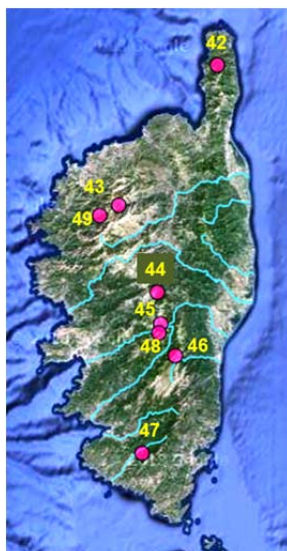


Figure 1b : Répartition géographique des stations de Corse (détaillées au Tableaux 1b).

N°	n° GS ou GT	RIVIERE	ss-bassin	FLEUVE	Dépt.	nbre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	Rapport
1	GT.042B	Petite Fecht	Ill	RHIN	68	19	L419	T20476-T20495	2008	ONEMA	GT2013
2	GS-25	Hem		AA	62	19	L254	T16671-T16689	2008	GS+FD62	GSALM2
3	GT.059	Noye	Avre	SOMME	80	20	L423	T20539-T20558	2008	ISEM+GS+FD80	GT2014
4	GT.033	Scie		SCIE	76	19	L478	T21770-T21788	2011	ONEMA	GT2013
5	GT.029A	Aujon	Aube	SEINE	52	19	L413	T20300-T20318	2011	ONEMA	GT2013
6	GT.080	Cure	Yonne	SEINE	89	20	L340	T25722-T25741	2013	FD89	GT-YON1
7	GT.081	Trinquelin	Yonne	SEINE	89	20	L344	T25742-T25761	2012	FD90	GT-YON1
8	GT.082	Tholon	Yonne	SEINE	89	20	L355	T25762-T25781	2013	FD91	GT-YON1
9	GT.074	Mérantaise	Yvette	SEINE	91	18	L065	T23154-T23173	2012	ISEM+IRSTEA	IRSTEA1
10	GT.075	Aulne	Orge	SEINE	78	16	L071	T23176-T23191	2012	ISEM+IRSTEA	IRSTEA1
11	GT.078	Saint Martin	Eure	SEINE	28	20	L196	T25069-T25088	2013	FD28	GT-EetL
12	GT.084	Saffimbec	Austreberthe	SEINE	76	20	L420	T25913-T25932	2013	SNM	GT-SNM
13	GT.083	Risle		SEINE	27	18	L403	T25893-T25912	2012	SNM	GT-SNM
14	GT.024	Druance	Noireau	ORNE	14	20	L475	T21709-T21728	2011	ONEMA	GT2014
15	GS-23	Grande Vallée		G. VALLEE	50	19	L219	T15816-T15834	2006	GS+FD50	GSALM2
16	GT.013	Chênélais		COUESNON	35	19	L430	T20690-T20708	2011	ONEMA	GT2013
17	GT.014	Gruguil		GRUGUIL	22	20	L431	T20717-T20736	2011	ONEMA	GT2014
18	GT.010	Kerambellec	Doufine	AULNE	29	19	L426	T20595-T20614	2011	ONEMA	GT2014
19	GT.012	Isole		ISOLE	29	14	L428	T20658-T20671	2011	ONEMA	GT2014
20	GS-16	Andrable		LOIRE	42	19	L224	T15948-T15967	2009	GS+FD42	GSALM2
21	GT.051	Petite Sauldre	Cher	LOIRE	18	19	L404	T20045-T20064	2011	ONEMA	GT2013
22	GT.077	Thironne	Loir	LOIRE	28	20	L187	T25043-T25062	2013	FD28	GT-EetL
23	GS-07	Le Son		CHARENTE	16	19	L263	T16865-T16883	2008	GS+FD16	GSALM2
24	GT.052	Cère		DORDOGNE	15	18	L341	T18624-T18644	2010	ISEM+FD15	CANT1
25	GT.093	Garonne		GARONNE	31	19	L363	T19113-T19132	2010	ISEM+ENSAT	ENSAT2
26	GT.096	Garbetou	Salat	GARONNE	09	19	L189	T15123-T15142	2008	ISEM+FD09	ARI1
27	GT.007	Hers Vif	Hers	GARONNE	11	16	L483	T21900-T21919	2011	ONEMA	GT2014
28	GT.099	Tarn	Aveyron	GARONNE	48	19	L452+L462+L518	T23436-T23460	2012	ISEM+FD48	LOZ2
29	GT.068	Montroucoux	Tarn	GARONNE	81	19	L551	T24237-T24256	2012	FD81	TARN2
30	GT.079	Lot		GARONNE	48	20	L330	T25700-T25719	2013	FD48	GT-LOZ3
31	GT.002B	Gave de Pau		ADOUR	65	16	L409	T20184-T20203	2011	ONEMA	GT2014
32	GT.004	Gave d'Aspe	Gave de Pau	ADOUR	64	20	L412	T20267-T20287	2011	ONEMA	GT2014
33	GT.073A+B	Hestapeko + Haranmbelzko e.	Bidouze	ADOUR	64	20	L105+140	T24771-T24790	2012	FD64	GT2013
34	GT.001	Nive d'Arnéguy	Nive	ADOUR	64	20	L411	T20237-T20258	2011	ONEMA	GT2014

Tableau 1a : liste des principaux échantillons de la zone atlantique utilisés pour l'étape 2 (analyse globale). La première colonne donne les numéros utilisés sur les cartes et les analyses d'assignation. Dans la dernière colonne, les rapports colorés en bleu indiquent que les données proviennent du projet GENESALM; en vert du rapport GT2013; en orange les échantillons ont fait l'objet de rapports départementaux subventionnés par GENETRUTTA; en jaune les échantillons spécialement constitués pour GENETRUTTA (généralement par l'ONEMA en 2011). GS = GENESALM; GT = GENETRUTTA.

N°	n° GS ou GT	RIVIERE	ss-bassin	FLEUVE	Dépt.	nbre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
35	GT.097	Paillères	Bruyante	AUDE	09	19	L352	T18929-T18947	2010	ISEM+FD09	ARI2
36	GT.049A	Vis		HERAULT	30+34	19	L480	T21829-T21848	2011	ONEMA	GT2013
37	GT.046	Dranse d'Abondance	Leman	RHONE	74	19	L441	T20899-T20917	2011	ONEMA	GT2013
38	GT.095	Ardèche		RHONE	07	20	L051	T09512-T09533	2006	ISEM+FD07	ARD1
39	GT.023	Durance		RHONE	5	14	L291	T17754-T17767	2010	ISEM+FD05	FR-IT1
40	GT.098	Gardon de St Jean	Gard	RHONE	30	20	L499	T22371-T22391	2012	ISEM+FD30	GAR3
41	GT.094	Tinée		VAR	06	19	L235	T16206-T16225	2009	ISEM+FD06	AM2
42	GT.088	U Furcone	(Corse)	FURCONE	20	20	L395	T19942-T19961	2011	ISEM+FD20	OEC2011
43	GT.089	Tassineta	(Corse)	GOLU	20	19	L513	T23311-T23329	2012	ISEM+FD20	OEC2012
44	GT.092	Puzzatelli	(Corse)	TAVIGNANU	20	19	L247	T23192-T23210	2013	ISEM+FD20	CORSPUZ
45	GT.086	Pozzi	(Corse)	FIUM'ORBU	20	20	F320	T08274-T08293	2004	ISEM+FD20	LIFE01
46	GT.091	Aqua d'Acelli	(Corse)	TRAVU	20	19	L230	T25192-T25211	2013	ISEM+FD20	OEC2013
47	GT.087	Lataga	(Corse)	ORTOLU	20	20	L339	T18604-T18623	2010	ISEM+FD20	OEC2010
48	GT.085	Val d'Ese	(Corse)	PRUNELLI	20	19	F309	T08054-T08072	2004	ISEM+FD20	LIFE01
49	GT.090	Maghjine	(Corse)	FANGU	20	19	L514	T23330-T23348	2012	ISEM+FD20	OEC2012

*Tableau 1b : liste des principaux échantillons de la zone méditerranéenne utilisés pour l'étape 2 (analyse globale). Voir légende du Tableau 1a.*

N°	n° GS ou GT	RIVIERE	souche	Dépt.	nbre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
50	GT.100	pisciculture 64	souche commerciale atlantique	64	20	L443	T26033-T26052	2014	ISEM+INRA	PA2
51	GT.069+070	pisciculture 81	souche commerciale atlantique	81	20	L552+L553	T24257-T24286	2012	ISEM+FD81	TARN2
52	GT.060	pisciculture 60	souche commerciale atlantique	60	17	L463	T21408-T21426	2010	pisciculture	GT2014
53	GS-37	pisciculture 38	souche commerciale atlantique	38	20	L266	T16926-T16945	2008	GS+pisciculture	GSALM2
54	GS-40	pisciculture 06	souche commerciale méditerranéenne	5	20	L156	T13061-T13090	2008	GS+pisciculture	GSALM2

*Tableau 1c : liste des échantillons domestiques utilisés comme référence pour l'étape 2 (analyse globale). Voir légende du tableau 1a.*

Un aspect complexe du projet nécessite quelques explications. Contrairement aux analyses locales (analyse des stations d'un département, généralement spontanément demandée par une FD), GENETRUTTA n'a pas pour but de mettre en évidence des différences **entre stations**. On peut même affirmer qu'à quelques exceptions près, chaque échantillon analysé ici est différent de tous les autres.

Le but est de déterminer une structure géographique, **entre sous-groupes géographiques**. Le cas le plus évident (voir rapport GT2013) est le découpage de la France en truites atlantiques et méditerranéennes. Ce sont deux sous-groupes parce que tous les échantillons atlantiques sont génétiquement plus proches entre eux que vis-à-vis de n'importe quel échantillon méditerranéen. La mise en évidence de ces sous-groupes autorise, par extrapolation (parfois abusive) à colorer des surfaces géographiques sur les cartes de synthèse.

## 4. Résultats et interprétation

### 4.1. Première étape: retrait des truites domestiques trouvées dans les rivières

Cette étape est nécessaire de manière à réduire le mélange artificiel (alevinages) des lignées génétiques, ce qui facilite l'interprétation, et de diminuer le nombre de truites traitées dans la même analyse. Le retrait de 19 truites fortement hybridées ou nées en pisciculture a permis de limiter leur nombre à 1024 (la colonne "nbre" des Tableaux 1 tient compte de ces retraits).

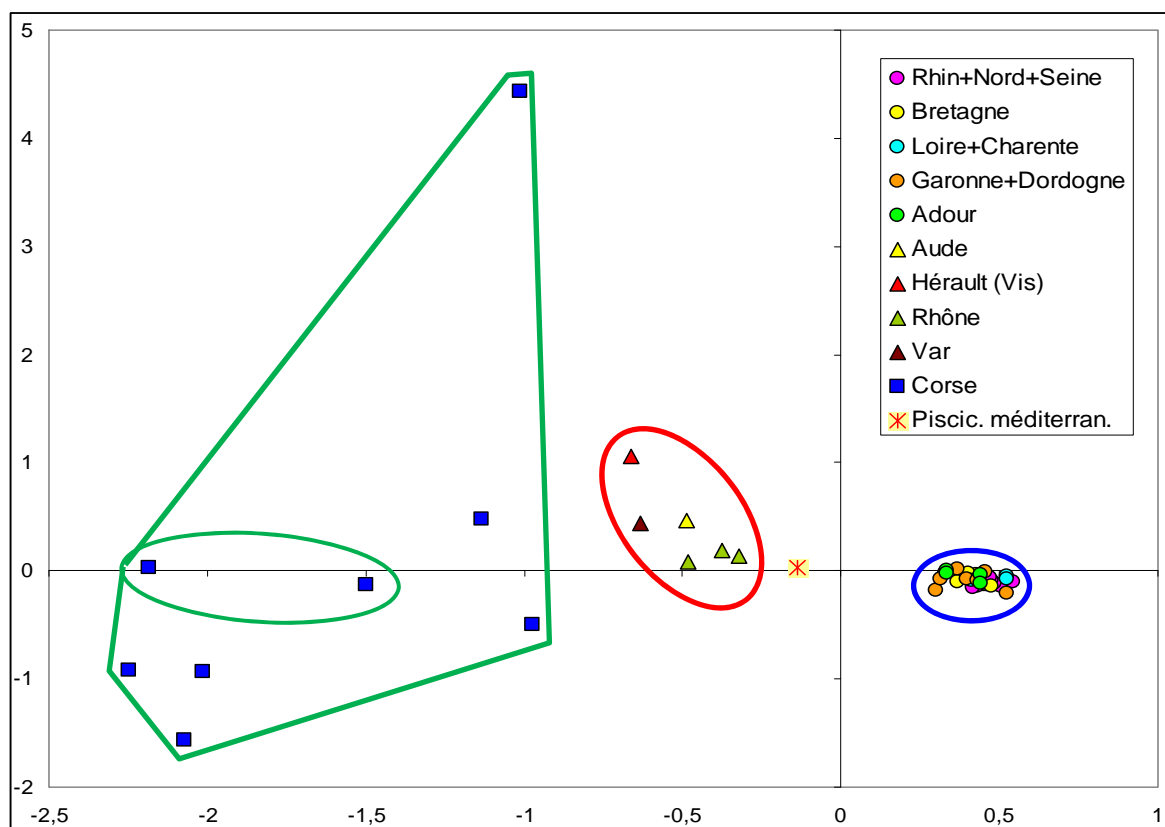
Les trois figures présentées en Annexe 1 (a, b et c) sont trois cas contrastés donnés à titre d'exemples.

## 4.2. Deuxième étape: structure génétique nationale

C'est l'étape principale de cette étude. Les analyses de l'année 2014 devraient compléter une partie des lacunes du rapport GT2013. D'autre part les résultats de 2013 ne sont pas remis en question et réapparaissent dans la carte finale (Figure 11).

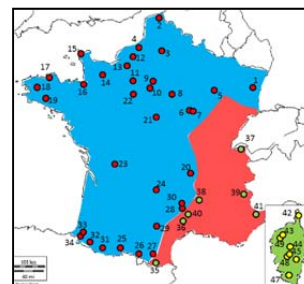
Les Tableaux 1 montrent (en vert dans la dernière colonne) les 7 échantillons de références provenant de l'étude Genetrutta de 2013, permettant de relier les résultats de 2013 à ceux de 2014. Les régions françaises déjà prises en compte en 2013 ont été étoffées avec de nouveaux échantillons. Une région non encore abordée, la Corse, a été fortement échantillonnée cette année (en réalité, ce sont des échantillons déjà constitués qui ont été complétés à 12 marqueurs). D'autres régions ont été juste abordées et seront complétées pour le rapport final de 2015: les Alpes et l'Ardèche, la Loire, l'Oise ou la Bretagne...

### 4.2.1. Structuration révélée par analyse multidimensionnelles



**Figure 2 :** Cette analyse multidimensionnelle concentre toutes les données des 54 échantillons pris en compte pour l'analyse globale nationale dans GT2014. Les truites elles-mêmes ne sont pas représentées, seul un point par échantillon est positionné.

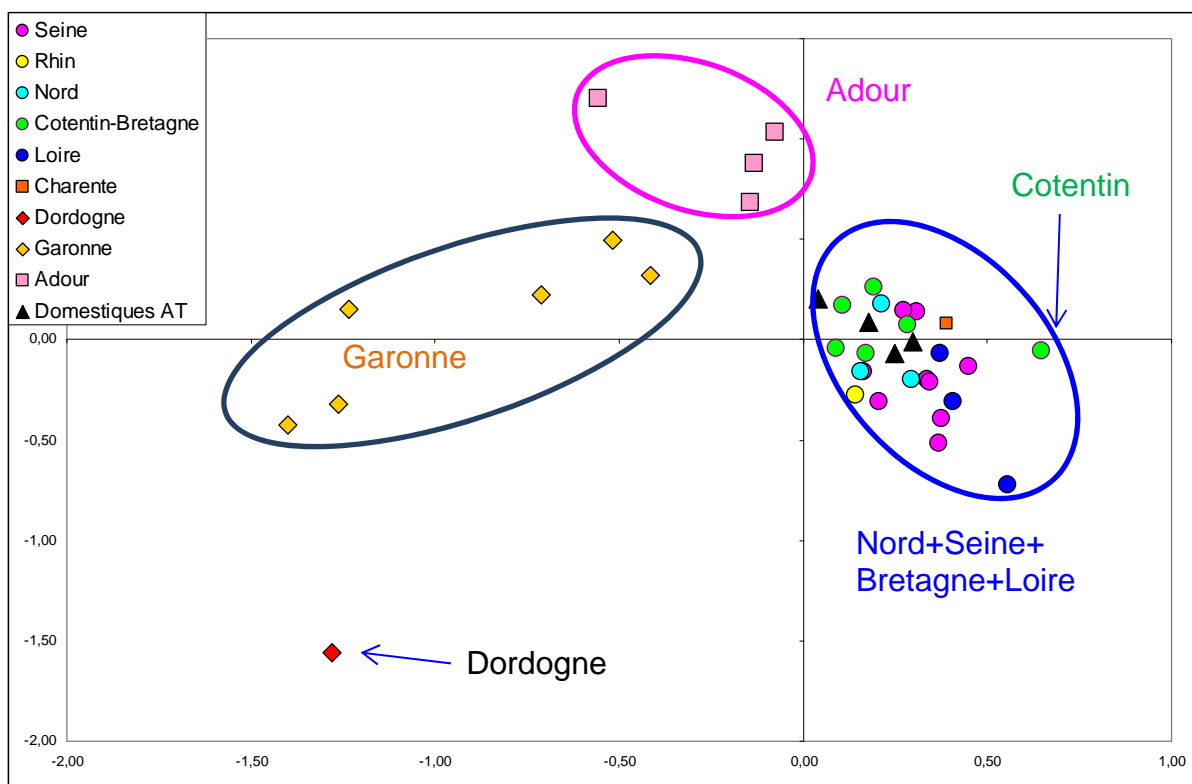
**Polygone vert** = truites méditerranéennes et adriatiques de Corse (**ellipse verte** = lignée méditerranéenne), **ellipse rouge** = truites méditerranéennes continentales, **ellipse bleue** = truites sauvages et domestiques atlantiques.



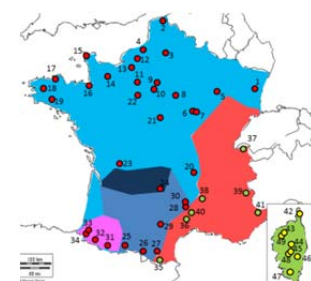
Dans l'analyse multidimensionnelle (Figure 2), toutes les stations atlantiques sont concentrées à droite (valeurs positives de l'axe 1 horizontal) au point de ne pas pouvoir être distinguées (les truites domestiques atlantiques y sont aussi superposées).

En partant de la droite, après les stations atlantiques, on rencontre une souche domestique méditerranéenne (pisciculture 06), puis les échantillons du Rhône, du Var et de l'Hérault. Enfin, les carrés bleus représentent les truites de Corse. Nous voyons donc très clairement que la diversité inter-rivières atlantiques (ellipse bleue) est infiniment moindre que la diversité des truites méditerranéennes continentales entre elles (ellipse rouge), elle-même très inférieure à la diversité des truites entre bassins corses (polygone vert), alors que les surfaces géographiques respectivement occupées sont inversement proportionnelles.

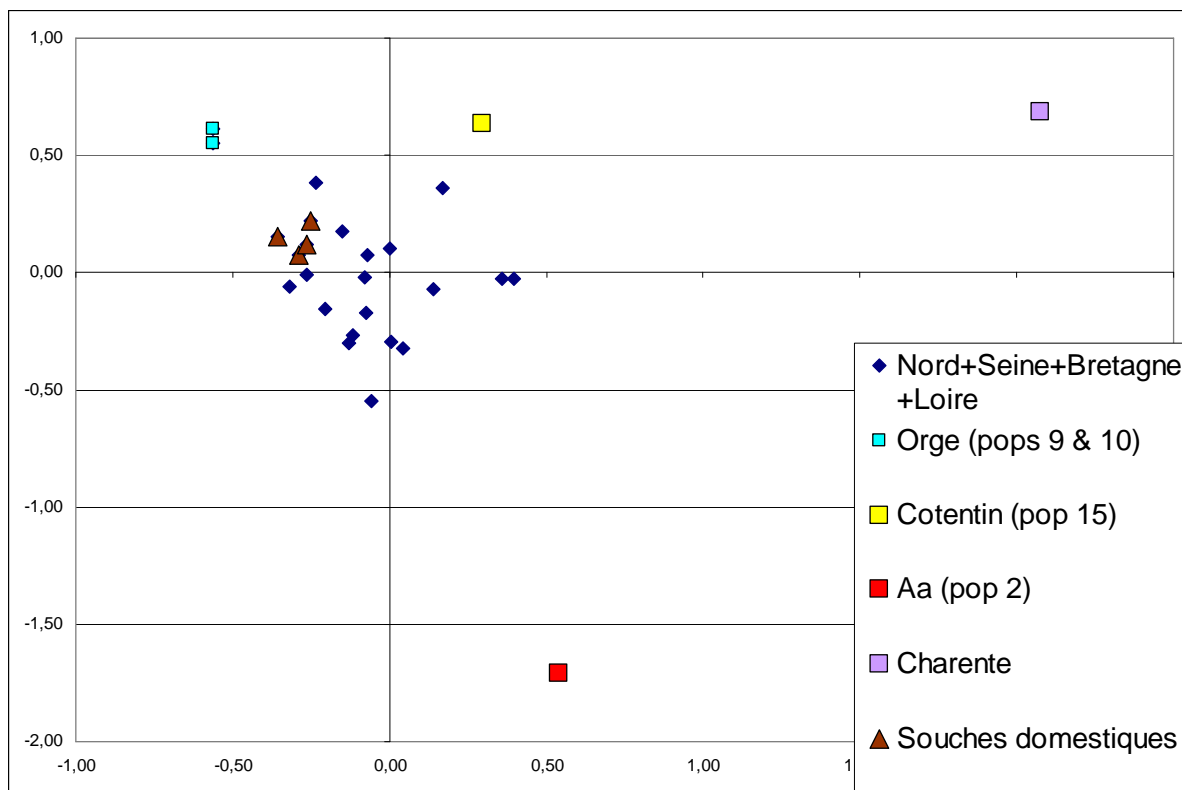
Ce phénomène, déjà observé, est interprété comme la conséquence de la reconquête rapide des truites atlantiques vers le nord lors de la retraite des glaciers il y a 15000 ans, soit il y a peu de temps. Les truites du sud ne se sont pas mélangées lors des glaciations, conservant l'essentiel de leur diversité (surtout en Corse).



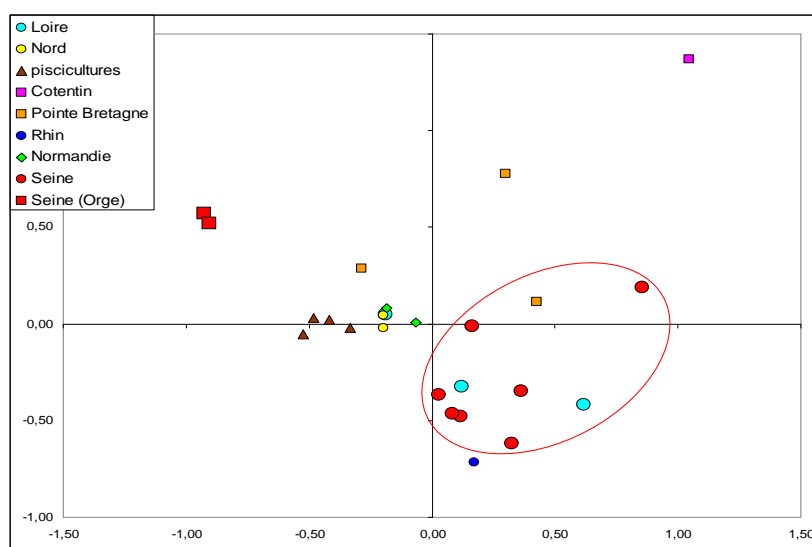
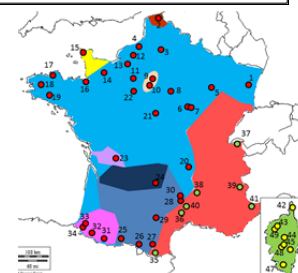
**Figure 3 :** Analyse multidimensionnelle (AFC) reprenant uniquement les échantillons atlantiques (dont les souches domestiques). On observe un amas indifférencié (ellipse *bleue*) concentrant les échantillons du nord du pays, de la Seine, de Bretagne et de Loire, mais les groupes Garonne et Adour se détachent nettement des truites du nord. La petite carte à droite résume ces résultats par des surfaces de la couleur de l'ellipse correspondante (quand c'est possible). L'enclave Dordogne (une seule station) sera vérifiée à l'étape 3 (par région).







**Figure 4 :** Etape suivante permettant de sortir le bassin de l'Aa, le Cotentin et la Charente du groupe atlantique. A cette étape de l'analyse, ces trois derniers échantillons ne sont que des enclaves génétiques\*.



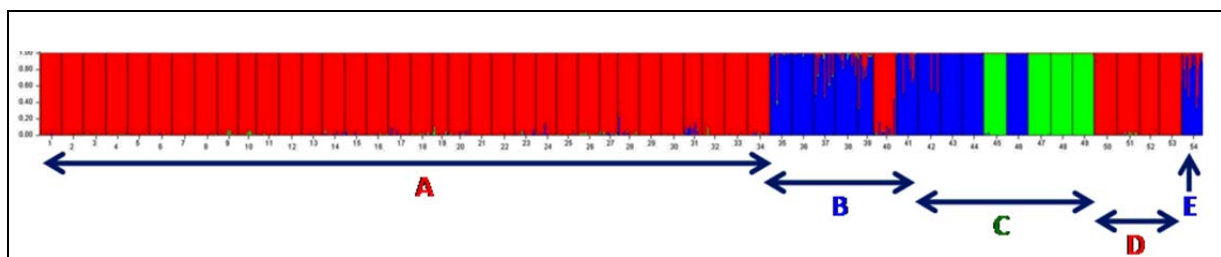
**Figure 5 :** Même analyse sans la Charente. Ici, l'analyse nationale globale atteint ses limites. Les bassins majeurs comme la Seine ou la Loire ne forment pas vraiment de groupes indépendants (cependant toute la Seine se retrouve dans l'ellipse rouge), s'entrecroisant avec la Bretagne et la Loire.

#### 4.2.2. Structuration révélée par analyses d'assignation

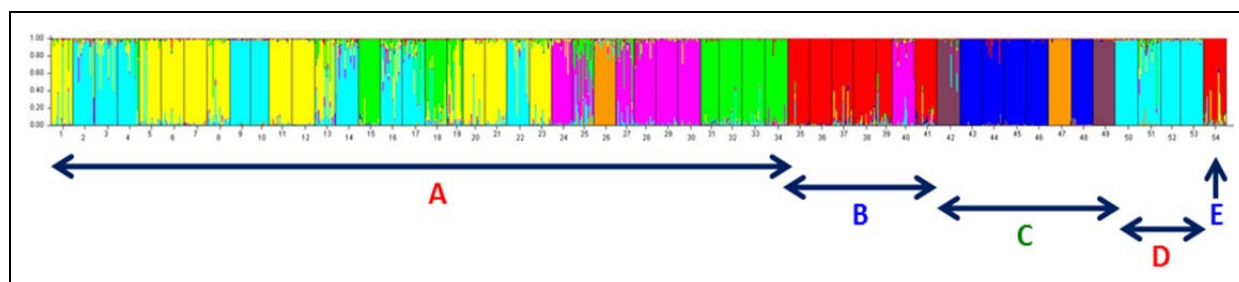
La méthode d'assignation, généralement plus performante que la méthode multidimensionnelle, nécessite cependant beaucoup de précautions, spécialement dans la présente étude où une multitude de lignées génétiquement divergentes existent en France.

En employant la méthode d'Evanno de détermination du nombre de sous unités présentes dans la totalité des données, les valeurs de  $K=8$  (et dans une moindre mesure de  $K=3$ ) ont été obtenues.

Les Figures 6 et 7 donnent une image des résultats pour  $K=3$  et  $K=8$ . La détermination de sous-groupes pour  $K=8$  ne représente pas un progrès par rapport aux structures déjà détectées. L'analyse région par région (étape 3, chapitre 4.3.) apportera le maximum de précision.



**Figure 6 :** Assignation pour  $K=3$ . Les 34 premières stations sont atlantiques sans ambiguïté (A, voir Tableau 1a) de même que les souches domestiques atlantiques (D, voir Tableau 1c). Les 7 stations suivantes sont méditerranéennes (B en bleu, voir Tableau 1b) avec la notoire exception du Gardon de St Jean qui se classe inexplicablement parmi les atlantiques (voir interprétation). La pisciculture 06 est aussi majoritairement de type méditerranéen (E). Enfin, les truites de Corse (C, voir Tableau 1b) se partagent entre lignée méditerranéenne (en bleu) et lignée autochtone, de type adriatique (en vert).



**Figure 7 :** Assignation des 54 échantillons analysés aux 8 lignées détectées par STRUCTURE et STRUCTURE-HARVESTER. Le découpage présenté ici est une des solutions. Notons que les découpages, parfois divergents, données par les 10 tests d'assignation parallèles avec  $K=8$ , peuvent donc différer des valeurs de l'Annexe 4 qui représente la moyenne des résultats.

D'après le marqueur mitochondrial (qui conserve très longtemps les traces des migrations et colonisations), les truites atlantiques sont du type AT, les truites méditerranéennes continentales sont de type ME et les truites corses sont majoritairement de type AD et dans une moindre mesure de type MA et ME (Tougaard 2013).

### 4.3. Troisième étape: structure détaillée région par région

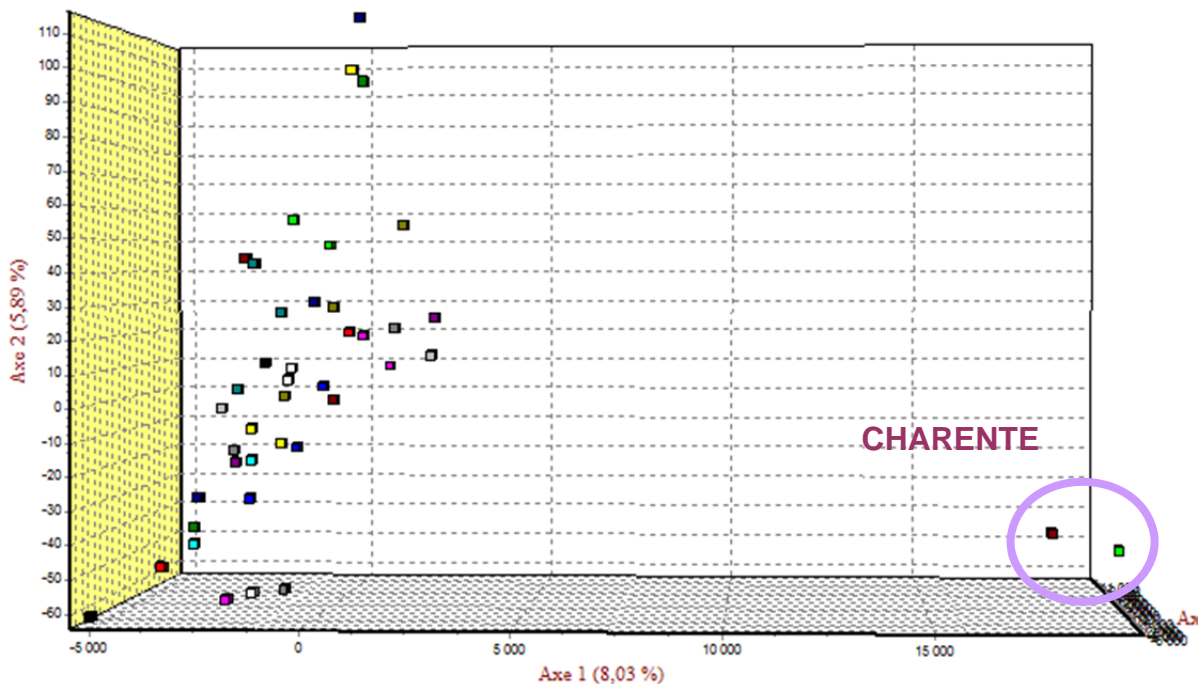
Cette troisième étape prévoit d'impliquer dans les analyses tous les échantillons de la région concernée analysés à Montpellier (ISEM) au niveau des 12 mêmes marqueurs (60 stations supplémentaires, Tableau 3). Il s'agit surtout d'analyses faites à l'occasion des projets GENESALM de 2009 (GS) et GENETRUTTA de 2013, mais aussi d'analyses commandées de façon spontanée par des FD.

#### 4.3.1. Au nord de la Dordogne

C'est la vaste zone qu'on pourrait appeler atlantique-nord et qui pour la partie française comprend des affluents de grands fleuves se jetant dans la mer du Nord (Rhin, Meuse, Escaut), la Manche (Seine) et l'océan Atlantique (Loire, Charente) ainsi que les nombreux fleuves côtiers, de taille moyenne à très petite.

Pris globalement, l'analyse multidimensionnelle a du mal à détecter des sous-ensembles (Figures 4 et 5) et l'analyse d'assignation reconnaît une certaine homogénéité (Figure 6, les 23 premières stations, présentant les couleurs jaune, bleu et vert apparemment au hasard dans l'ensemble A). Cette Figure 6 montre cependant les capacités de l'analyse à distinguer les autres grandes régions atlantiques: la Garonne (stations 24 à 30 à dominance rose) et l'Adour (31 à 34 en vert).

Il est connu que lorsque ces méthodes perdent leur efficacité, il faut réduire la diversité des entités analysées, c'est ce qui est tenté ici en ne traitant que les stations situées au nord de la Dordogne.



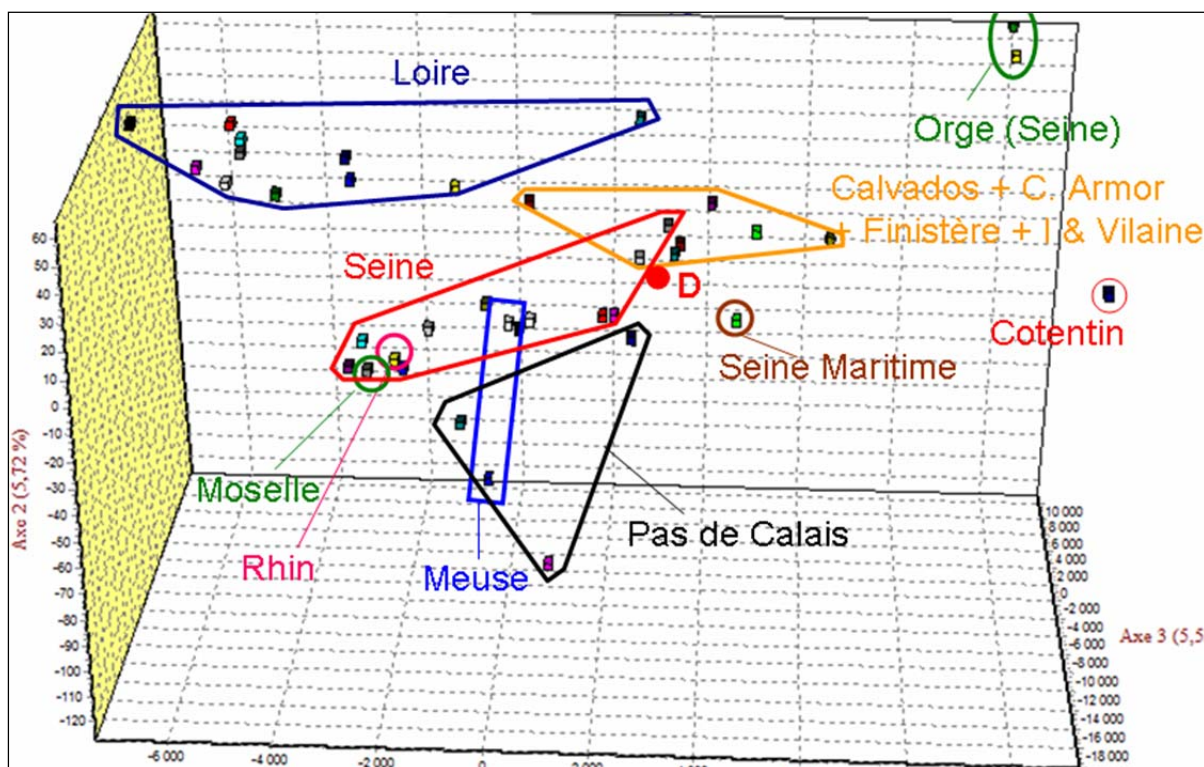
**Figure 8 :** Cette première analyse de populations (chaque point est un échantillon) nous montre que la Charente (2 échantillons) est nettement distincte des échantillons plus au nord (confirmant l'interprétation de la Figure 4).

n° GS ou GT	RIVIERE	ss-bassin	FLEUVE	Dépt.	nbre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
GT.038C	Méholle	-	MEUSE	55	20	L416	T20394-T20413	2011	ONEMA	GT2013
GT.037B	Marche	Chiers	MEUSE	8	20	L415	T20367-T20393	2011	ONEMA	GT2013
GS-27	Rhin	-	RHIN	68	20	L271	T17046-T17191	2008	GS	GSALM2
GS-24	Créquoise	Canche	NORD	62	29	L214	T15668-T15696	2008	GS	GSALM2
GS-26	Lombarderie	Liane	NORD	62	10	L253	T16661-T16670	2008	GS	GSALM2
GT.028	Yonne	-	SEINE	58	22	L467	T21500-T21531	2011	ONEMA	GT2013
GT.064	Cléry	Loing	SEINE	45	20	L543	T24101-T24120	2012	FD45	GT-LOIRET
GT.032	Gland	Oise	SEINE	25	19	L470	T21585-T21604	2011	ONEMA	GT2013
GT.011	Goyen	-	BRETAGNE	29	22	L427	T20620-T20657	2011	ONEMA	GT2013
GS-08	Touvre	-	CHARENTE	16	30	L264	T16895-T16924	2008	GS	GSALM2
GS-17	Lignon	-	LOIRE	42	30	L226	T16008-T16037	2009	GS	GSALM2
GS-20	Desges	Allier	LOIRE	43	30	L220	T15836-T15865	2009	GS	GSALM2
GS-19	Cronce	Allier	LOIRE	43	27	L221	T15866-T15892	2009	GS	GSALM2
GS-22	Chantelouve	Allier	LOIRE	48	26	L223	T15922-T15947	2008	GS	GSALM2
GT.017	Sioule	Allier	LOIRE	63	20	L433	T20779-T20798	2011	ONEMA	GT2013
GT.016A	Egrenne	Mayenne	LOIRE	61	20	L472	T21629-T21657	2011	ONEMA	GT2013
GS-32	Maulde	Vienne	LOIRE	87	30	L212	T15618-T15647	2008	GS	GSALM2
GS-31	Combade	Vienne	LOIRE	87	20	L213	T15648-T15667	2008	GS	GSALM2
GS-33	Vienne	Vienne	LOIRE	87	30	L227	T16038-T16067	2008	GS	GSALM2
GS-06	Maronne	-	DORDOGNE	15	26	L328	T18383-T18412	2009	GS	GSALM2
GT.053	Cère (pont Salvanhac)	-	DORDOGNE	15	30	L342	T18654-T18683	2010	FD15	CANT1
GT.062	Lasmolinerie	Cère	DORDOGNE	15	29	L343	T18684-T18713	2010	FD15	CANT1
GS-39	Dronne	Isle	DORDOGNE	24	44	L152	T12921-T12964	2008	GS	GSALM2
GT.005B	Ariège	-	GARONNE	9	21	L405	T20065-T20094	2011	ONEMA	GT2013
GS-04	Maresque de Moyrazes	Aveyron	GARONNE	12	27	L217	T15756-T15785	2008	GS	GSALM2
GS-05	Epie	Lot	GARONNE	15	30	L329	T18413-T18442	2009	GS	GSALM2
GT.006A	Boralde de Flaujac	Lot	GARONNE	12	22	L407	T20125-T20154	2011	ONEMA	GT2013
GT.061	Bervezou	Lot	GARONNE	46	30	L489	T22071-T22100	2011	FD46	LOT2
GS-03	Foulette	Tarn	GARONNE	12	30	L218	T15786-T15815	2008	GS	GSALM2
GS-21	Béthuzon	Tarn	GARONNE	48	29	L222	T15893-T15921	2008	GS	GSALM2
GS-13	Lingas	Tarn	GARONNE	30	21	L228	T16068-T16096	2008	GS	GSALM2
GS-30	Oulas	Tarn	GARONNE	81	30	L262	T16835-T16864	2008	GS	GSALM2
GT.041	Arn	Tarn	GARONNE	81	20	L323	T18303-T18322	2010	FD81	TARN1
GT.045	Verdier	Tarn	GARONNE	81	20	L324	T18323-T18342	2010	FD81	TARN1
GT.047	Thoré	Tarn	GARONNE	81	20	L325	T18343-T18362	2010	FD81	TARN1
GT.050	Ayguebelle	Tarn	GARONNE	81	20	L326	T18363-T18382	2010	FD81	TARN1
GT.066	Rec Escur	Tarn	GARONNE	81	20	L549	T24197-T24216	2012	FD81	TARN2
GT.067	Verdet	Tarn	GARONNE	81	20	L550	T24217-T24236	2012	FD81	TARN2
GT.071	Saison	G. Oloron	ADOUR	64	19	L092	T24731-T24750	2012	FD64	GT-PA1
GT.072	Souye	Luy	ADOUR	64	19	L101	T24751-T24770	2012	FD64	GT-PA1
GT.003	Adour	-	ADOUR	65	22	L410	T20212-T20236	2011	ONEMA	GT2013
GS-02	Valserine	-	RHONE	1	20	L257	T16744-T16753	2008	GS	GSALM2
GS-11	Véore	-	RHONE	26	40	L259	T16765-T16794	2008	GS	GSALM2
GS-09	Drôme	-	RHONE	26	40	L260	T16795-T16824	2008	GS	GSALM2
GS-10	Ouvèze	-	RHONE	26	18	L261	T16825-T16834	2008	GS	GSALM2
GT.023	Durance (Champ du Pin)	-	RHONE	5	40	L288+291	T17686-T17719	2010	FD05	DUR6
GT.030	Durance (Les Mensolles)	-	RHONE	5	49	L289+292	T17720-T17783	2010	FD05	DUR6
GT.034	Isère	-	RHONE	73	40	L297	T17844-T17876	2010	FD73	FR-IT1
GS-15	Saine	Ain	RHONE	39	40	L215	T15697-T15725	2008	GS	GSALM2
GS-14	Merlue	Ain	RHONE	39	40	L216	T15726-T15755	2008	GS	GSALM2
GS-01	Albarine	Ain	RHONE	1	20	L258	T16754-T16764	2008	GS	GSALM2
GS-18	Riotet	Ardèche	RHONE	42	40	L225	T15978-T16007	2009	GS	GSALM2
GT.036	Ubayette	Durance	RHONE	4	40	L298	T17877-T17917	2010	FD04	FR-IT1
GT.063	Drac	Isère	RHONE	5	34	L526	T23671-T23700	2012	FD05	DRC1
GS-29	Mouge	Saône	RHONE	71	40	L255	T16691-T16720	2008	GS	GSALM2
GS-28	Bessay	Saône	RHONE	71	40	L256	T16721-T16743	2008	GS	GSALM2
GT.044	Rhien	Saône	RHONE	70	40	L468	T21532-T21558	2011	ONEMA	GT2013
GS-12	Vidourle	-	Lang. Rouss.	30	29	L229	T16097-T16125	2009	GS	GSALM2
GT.065	Boulzane	Agly	Lang. Rouss.	66	40	L547	T24167-T24186	2012	FD66	PO7
GT.076	Grafouil	Tech	Lang. Rouss.	66	16	L544	T24121-T24136	2012	FD66	PO7

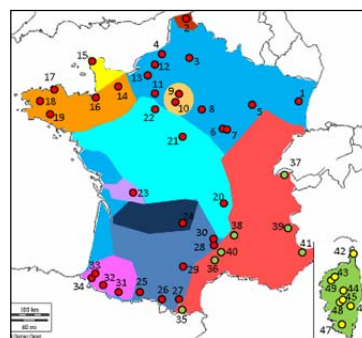
Tableau 3 : Echantillons supplémentaires (60) utilisés dans les analyses par région (partie 4.3.). GS = GENESALM.

La Figure 8 ne sert qu'à montrer (ce qui n'est pas nouveau) l'originalité génétique des truites de la Charente.

La Figure 9, débarrassée de la Charente, est bien plus informative et fait progresser la description de la structure génétique nationale des truites. S'y distinguent le Pas de Calais, la Loire, les cours d'eau bretons (au sens large) et de nombreuses enclaves génétiques\* : l'Orge (qui forme un peu plus qu'une enclave), le Cotentin, la Scie (Seine Maritime), la Méholle (Meuse). Ces enclaves (et les autres), quand elles ne représentent qu'un échantillon, ne sont plus représentées dans la carte nationale (Figure 11).



**Figure 9** : Cette figure complexe indique que peu de structure géographique sépare les échantillons des fleuves Rhin, Meuse, Moselle et Seine (chaque point représente un échantillon). Le **D** positionne les truites domestiques. Une légère différenciation distingue les échantillons de Bretagne. Enfin, la Loire se distingue nettement des autres bassins. Tout comme l'Hem (bassin de l'Aa), le Cotentin doit être considéré comme une "enclave\*" différenciée (voir Interprétation).



#### 4.3.1.1. Dans les bassins de la Manche et de la Mer du Nord

Cette analyse limitée au nord du pays, traitée par la méthode multidimensionnelle (non présentée ici) ne permet pas de distinguer entre les grands bassins du nord (Rhin, Meuse, Moselle, Seine) et les petits fleuves côtiers du nord du pays. Tout au plus d'autres enclaves\*, très localisées, ont été détectées: la Lombarderie (fleuve côtier du Pas de Calais) ou le Saffimbec (Seine).

#### 4.3.1.2. En Bretagne

Les 7 stations de la pointe ouest du pays ne présentent pas de structure forte. Chaque échantillon est différent des autres à l'exception des deux échantillons du Finistère (Goyen et Isole) qui sont remarquablement similaires.

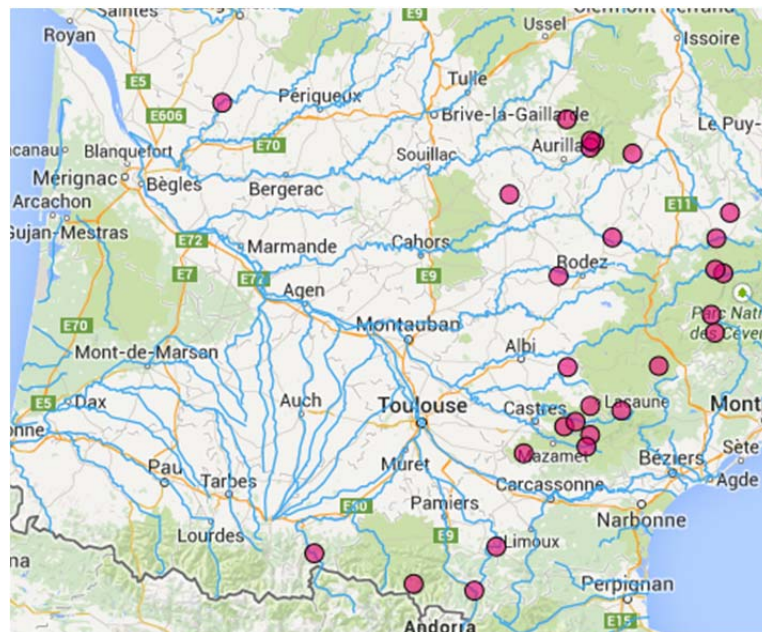
#### 4.3.1.3. Dans le bassin de la Loire

Ici encore, l'analyse multidimensionnelle n'apporte pas de structure nette: la Thironne (Eure et Loir) se distingue génétiquement des autres stations (mais pas l'Egrenne), les trois stations de la haute Vienne (Vienne, Maulde et Combade) sont remarquablement homogènes, mais elles sont géographiquement très proches et ne représentent peut-être pas le sous bassin de la Vienne.

#### 4.3.2. Dans le bassin de la Garonne

En Garonne et Dordogne, 26 échantillons (Tableaux 1a & 3, Figure 10) ont été traités ensemble afin de rechercher des sous-groupes géographiques.

Comme suggéré dans le rapport GT2013, aucun sous-groupe géographique n'est apparu. Cependant, près de 10 enclaves\* se sont distinguées (échantillon unique, différent génétiquement des échantillons les plus voisins) mais ne constituent pas l'objectif du projet GENETRUTTA: dans ce type d'analyse géographique, sauf exception, chaque échantillon est génétiquement différent de tous les autres (absence de migration directe entre stations). Les "enclaves" ne sont que des populations plus fortement différenciées. Pour définir des "entités géographiques", il faudrait par exemple que tous les échantillons d'un sous bassin soient plus proches entre eux et différents des autres sous bassin voisins.



**Figure 10** : Distribution des nombreux échantillons anciens (surtout GENESALM et GT2013) et nouveaux (GT2014) analysés afin de détecter des sous-groupes géographiques.

### ***4.3.3. Dans le bassin de l'Adour***

Le bassin de l'Adour confirme son homogénéité globale. Seule la Souye (Luy de France) se distingue des autres types génétiques, méritant le terme d'enclave génétique\*.

### ***4.3.4. Dans le bassin méditerranéen continental***

D'abord, quelques anomalies. Comme observé dans les études GENSALM et GT2013, les deux rivières de la Saône se distinguent fortement des autres stations méditerranéennes du Rhône, montrant une ressemblance génétique fortuite avec les truites atlantiques. Cependant, un contrôle par l'ADN mitochondrial avait confirmé leur appartenance à la lignée méditerranéenne (haplotypes méditerranéen Mecs1 selon Reynaud et al. 2011). De même, la population de truites du Gardon de Saint Jean, bien que démontrée comme purement méditerranéenne (rapport GAR3), ressemble à la lignée atlantique. Ce genre d'anomalie est attendu quand on augmente le nombre d'échantillon distribués sur une grande surface (c'est l'homoplasie\* des microsatellites).

Ensuite, les analyses multidimensionnelles distinguent du type "méditerranéen central" les échantillons suivants, du plus différent au moins distinct :

- l'échantillon de l'Aude (Paillères se jetant dans la Bruyante)
- la Tinée (affluent du Var)
- la Vis (affluent de l'Hérault)
- le Vidourle (fleuve côtier héraultais)
- le Rhien (Saône)
- le Grafouil (Tech, Pyrénées Orientales)

Toutes ces enclaves\*, à l'exception peut-être des échantillons de la Saône, ne permettent pas de décrire une structure géographique parmi les échantillons méditerranéens.

### ***4.3.5. En Corse***

Le cas corse se distingue de tous les autres, conséquence classique de l'insularité. Les nombreuses études génétiques pratiquées en Corse depuis 1993 (près de 175 stations analysées) ont clairement montré que les peuplements naturels sont composés en proportion variable de la lignée corse ancestrale (lignée mitochondriale AD, rarement MA) et de la lignée méditerranéenne (ME). De plus, on y trouve la lignée atlantique (AT) considérée comme issue des repeuplements.

Ce rapport est la première occasion de confronter le type "méditerranéen corse" avec le type "méditerranéen continental". Représentée dans le présent rapport par les échantillons Golu et Travu, la lignée méditerranéenne de Corse (ellipse verte, Figure 2) n'a pas grand-chose à voir avec sa cousine continentale.

Une explication probable de ce phénomène est donnée dans la discussion ci-dessous. Les truites corses naturelles sont donc bien distinctes des truites continentales, même si elles ont en partie des origines méditerranéennes continentales.

## **5. Interprétation et discussion**

La seconde année du projet Genetrutta a permis de consolider les observations faites dans le rapport GT2013, mais surtout de modifier la façon de considérer les enclaves génétiques\*. Ces enclaves sont des populations isolées, fortement différenciées par rapport aux populations voisines « banales ». Ce phénomène, probablement dû à des conditions de vie et/ou à une

histoire complexes, couplées à un fort isolement, ne permet pas de les considérer comme des lignées génétiques géographiques, mais comme des exceptions locales. Contrairement au rapport GT2013, ces enclaves ne figurent plus dans la carte colorée finale (Figure 11) ; c'est le cas par exemple du Cotentin, de la Mayenne ou de l'Adour amont... et bien d'autres. La cartographie de la France doit distinguer des régions (sous-bassins) distinctes, pas des stations. Pour le rapport final GT2015, nous essaierons de prélever des truites à proximité des enclaves. Si elles sont génétiquement semblables aux enclaves, ce ne seront plus des enclaves mais des types géographiques et elles apparaîtront dans la carte.

Les truites de France se subdivisent fortement en trois lignées : en truites atlantiques, méditerranéennes et corses. Méditerranéennes et corses ne présentent quasiment pas de subdivisions fortes (voir détails ci-dessous), par contre les truites atlantiques sont géographiquement structurées.

On y trouve les truites du **Nord** (incluant la Seine), de **Bretagne** (au sens large : Calvados, Manche, Ile & Vilaine Côtes d'Armor et Finistère), de **Loire**, de **Charente**, de **Garonne-Dordogne** et de l'**Adour**.

Paradoxalement, les truites atlantiques, géographiquement structurées (quasiment un type par bassin) ne présentent pas quantitativement une forte différence génétique entre bassin (Figure 2, ellipse bleue à droite). A l'inverse, les truites méditerranéenne et surtout corses sont génétiquement très différentes entre elles, mais sans former de sous-groupe géographique.

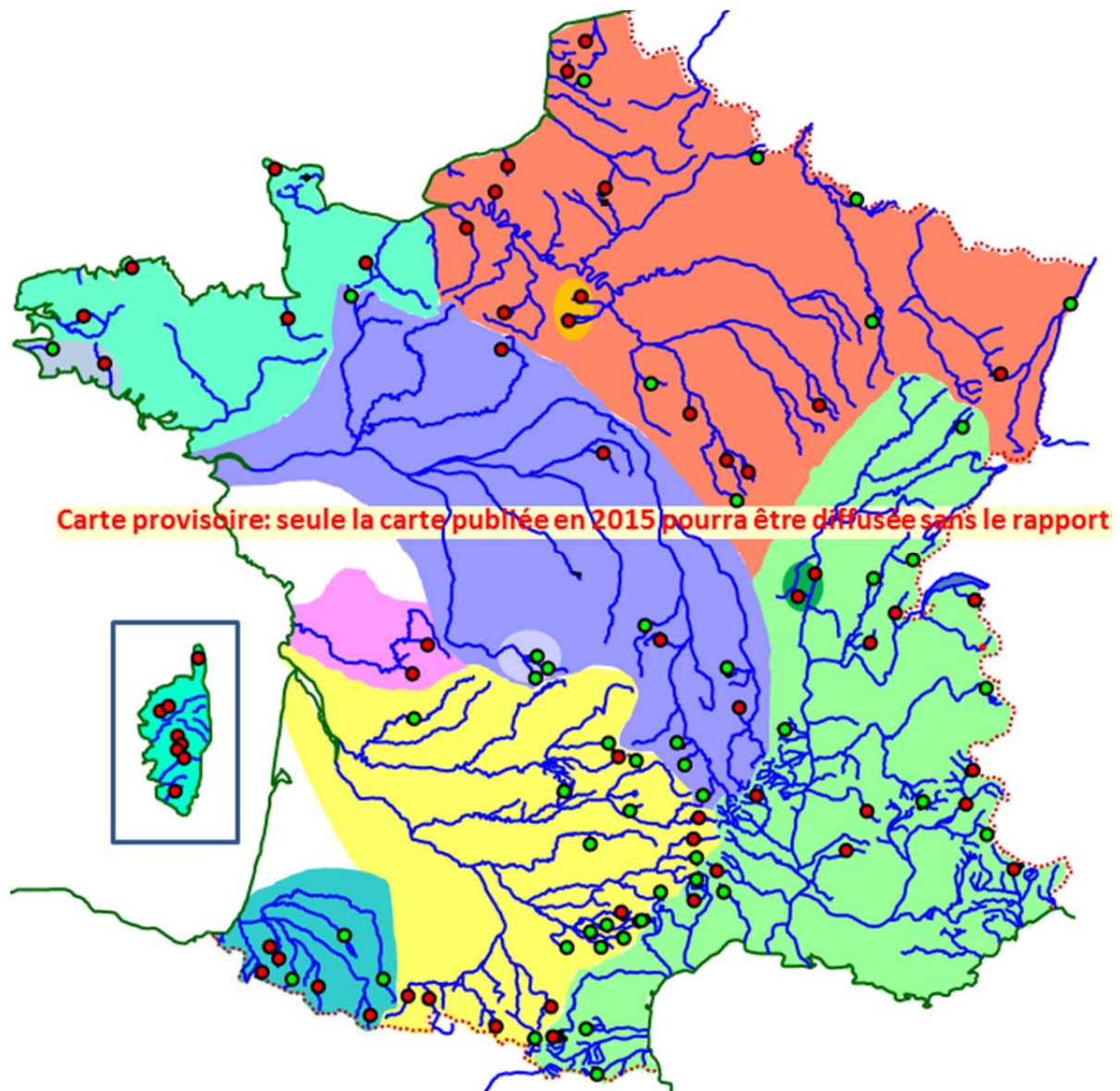
**Les truites méditerranéennes continentales :** Ces truites sont très sédentaires et n'ont pas migré depuis leur installation, il y a environ 15000 ans. Leur long isolement réciproque explique leur forte différenciation. L'absence de régionalisation (il n'est pas possible de dire que les truites du Rhône par exemple forment un ensemble géographique homogène et distinct des truites du Roussillon) suggère qu'elles se sont installées et sédentarisées simultanément, juste après les dernières glaciations (-10 à -15000 ans).

Toutefois, compte tenu des nombreuses analyses locales commandées par les FD ces dix dernières années (généralement traitées avec seulement 6 marqueurs), il est probable qu'avec un plus grand nombre d'échantillons, les truites méditerranéennes apparaîtront comme un patchwork contrasté. En effet, certains travaux ont montré l'homogénéité des truites de l'Ardèche, de la Durance, des Alpes Maritimes ou de la Têt et du Tech. Ces entités géographiques ont une étendue géographique limitée et ne pourront figurer dans un rapport national que si plusieurs échantillons par fleuve ou affluent sont pris en compte dans la même analyse. C'est une des lacunes qui seront comblées par le rapport prochain en 2015.

**Les truites de Corse:** Cette île proche du continent a été l'objet d'analyses génétiques de ses truites depuis plus de 20 ans, grâce à la volonté de personnalités de la DIREN et de la FD20. Un des résultats de ces travaux, obtenus lors du LIFE Macrostigma (2004-2007), a été de proposer une première hypothèse sur l'origine des truites habitant la Corse. Selon cette hypothèse, l'île a été envahie par la lignée méditerranéenne (lignée ME) il y a 15000 ans (Gauthier et Berrebi, 2007). Cela a provoqué une intense hybridation avec les truites résidentes corses ancestrales (lignée AD), sauf dans les populations d'altitude, restées protégées de l'hybridation par des cascades infranchissables à la remontée. Les populations analysées ont été caractérisées par allozymes, puis microsatellites puis par séquençage de l'ADN mitochondrial (ADNmt). Les analyses par microsatellites n'ont jamais été pratiquées en comparaison avec les truites du continent, ce rapport est donc une première. L'information importante qu'on en retire est que certes la truite corse ancestrale (lignée AD) est bien distincte des truites méditerranéennes continentales, mais surtout que les liens génétiques entre méditerranéennes de Corse et continentales ne sont quasiment plus visibles.



Probablement par hybridation, les truites méditerranéennes (selon les marqueurs allozymes et ADNmt) sont plus proches des ancestrales corses que des méditerranéennes continentales.



**Figure 11 :** Carte de la distribution des lignées génétiques de truites en France

**Prochaine étape:** La carte proposée ci-dessus est certes provisoire mais nous n'attendons pas de chamboulement à l'occasion de la troisième année du projet GENETRUTTA. Elle montre que les truites de France forment des blocs géographiques homogènes pour presque chaque fleuve important.

La prochaine année d'analyses se concentrera, entre autres,

- au sud sur les zones méditerranéennes et corses sous échantillonnées ici et
- au nord sur la Bretagne, Loire et Oise.

Les caractéristiques de la structuration génétique géographique des truites françaises est surprenante et sera de nouveau testée dans le prochain rapport:

- les truites atlantiques sont structurées par grands bassins, mais la quantité de différence génétique entre eux est très faible;

- les truites méditerranéennes continentales et les truites corses sont très diversifiées entre rivières mais ne forment pas de sous-groupes géographiques.

*Fait à Montpellier le 16 octobre 2014*

## 6. Références bibliographiques

**2004**

**Berrebi P. 2004.** Rapport intermédiaire n°1. LIFE macrostigma. ([LIFE01](#))

**2006**

**Berrebi P., Dubois S. 2006.** Etude génétique des truites fario sur quinze stations du département de l'Ardèche - Rapport final - Novembre 2006. Rapport d'étude pour la Fédération de Pêche de l'Ardèche, p. 13 p. ([ARD1](#))

**2007**

**Gauthier A., Berrebi P. 2007.** La colonisation de l'île par différentes souches de truite. In : *Guide de gestion de la truite macrostigma*, 4-10.

**2009**

**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., Genindex, Garmendia L. 2009.** Etude génétique des truites du Garbet (Ariège) : Rapport de contrat pour la Fédération de Pêche de l'Ariège. Université Montpellier 2. 13p. ([ARI1](#))

**2010**

**Berrebi P., Cherbonnel C., Tronche A. 2010.** Analyse génétique de trois populations de truites de la Haute Cère (Cantal) - octobre 2010. Rapport de contrat pour la Fédération de Pêche du Cantal, Université Montpellier 2, 10p. ([CANT1](#))

**Berrebi P., Shao Z., Reynaud N, Barla C. 2010.** Composition génétique des truites du Haut Var et du Loup (Alpes Maritimes) - microsatellites et ADNmt. Rapport de décembre 2010: 10p. Université Montpellier 2. ([AM2](#))

**2011**

**Berrebi P. 2011.** Report on the analyses of the nuclear data (microsatellites) obtain on the French-Italian sampling of the Alpine border populations of trout - Internal report, p. 19. Rapport interne pour préparer le rapport d'Alvise Lucarda. ([FR-IT1](#))

**Berrebi P., Cherbonnel C. 2011.** Etude génétique de 18 échantillons de truites de Corse sur 4 marqueurs microsatellites. Rapport final. Mars 2011, p. 16p. Université Montpellier 2. ([OEC2010](#))

- Berrebi P., Cherbonnel C. 2011.** Estimation de l'impact des repeuplements dans les populations de truites de la zone salmonicole de la Garonne. Rapport d'avril 2011: 6p. Rapport d'analyse pour l'ENSAT. Université Montpellier 2. ([ENSAT2](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2011.** Composition génétique des truites de l'Agout -Agout, Thoré, Arn et Sor - Génotypage de 16 microsattellites. Rapport d'analyse, Université Montpellier 2. 10p. ([TARN1](#))
- Berrebi P., Reynaud N., Cherbonnel C. 2011.** Analyse génétique des truites fario de la Durance en amont de Serre-Ponçon. Rapport de septembre 2011, contrat avec la Fédération de Pêche des Hautes-Alpes, 29p. Université Montpellier 2. ([DUR6](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2011.** Description génétique de cinq populations de truites corses basée sur six locus microsattellites - décembre 2011, p. 10. Marché OEC2011, Université Montpellier 2. ([OEC2011](#))
- Reynaud N., Tougard C., Berrebi P. 2011.** Structuration géographique de la truite commune (*Salmo trutta* L.) en France basée sur le séquençage de la région de contrôle mitochondriale: 45p. Rapport d'étude pour l'OSU OREME, Université Montpellier 2. ([OSU1](#))

## 2012

- Berrebi P. 2012.** Etude génétique de truites communes sur le territoire du PNR Chevreuse (78 et 91) - Résultats interprétés (mais à discuter) sur l'analyse génétique de 16 microsattellites. Rapport IRSTEA1 de collaboration avec Aurélia MATHIEU, Equipe Hydro-écologie, HBAN, 4p. Rapport d'analyse pour IRSTEA Antony, Université Montpellier 2. ([IRSTEA1](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C., and Garmendia L. 2012.** Etude génétique des truites communes de 10 stations du sous-bassin de la Bruyante et de ses affluents (rus de Pailère, du Laurenti et de Quérigut). Département de l'Ariège. rapport de juillet 2012: Rapport d'étude pour la Fédération de Pêche de l'Ariège. Université Montpellier 2. 10p. ([ARI2](#))
- 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., Genindexe. 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. 2012.** Analyse génétique des 5 échantillons de truites de Corse - Ultimi, Asinao, Castagnu, Tassineta et Maghjine - Projet OEC2012 - Rapport de décembre 2012, p. 7p. Rapport d'analyse pour l'OEC. Université Montpellier 2. ([OEC2012](#))

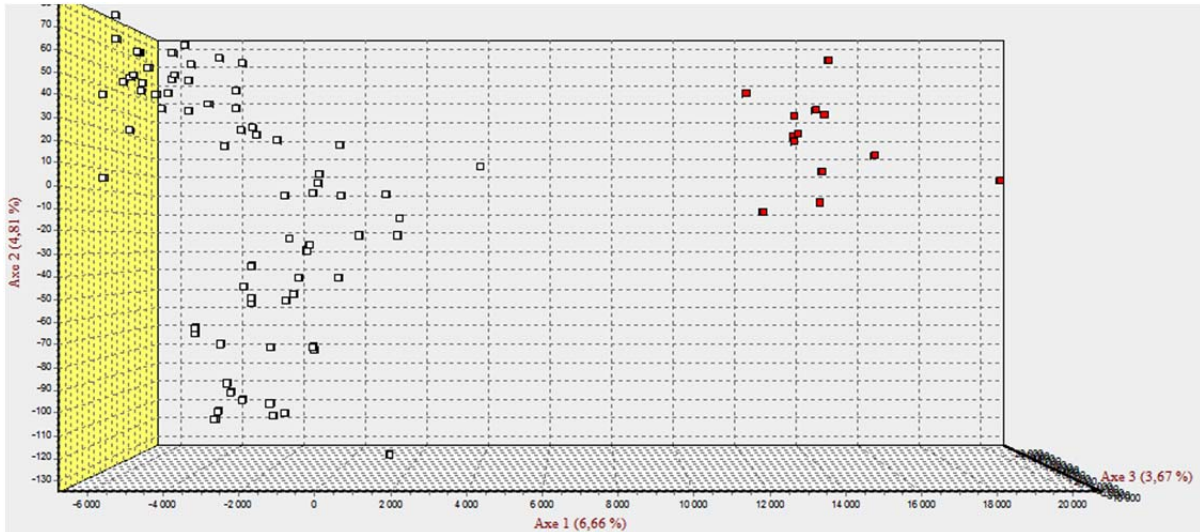
## 2013

- Berrebi P. 2013.** Cartographie génétique (microsattellites) 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., Genindexe. 2013.** Analyse génétiques des truites de deux rivières d'Eure-et-Loir dans le cadre du programme national Genetrutta (12 microsattellites) - Programme GT-E&L - Rapport d'août 2013: Rapport pour la FD28, Université Montpellier 2. 7p. ([GT-EetL](#))
- Berrebi P., Genindexe. 2013.** Analyse génétique des truites du bassin du Drac - Projet (DRC1) - Rapport de décembre 2012: Rapport d'étude pour la FD05, Université Montpellier 2. 16p. ([DRC1](#))

- Berrebi P., Genindexe. 2013.** Analyse génétique de truites du département des Pyrénées Atlantiques (Luy de France, Saison et Bidouze) dans le cadre du programme national Genetrutta (12 microsatellites) - Projet GT-PA1 - Rapport de mai 2013: Etude pour la FD 64, Université Montpellier 2. 10p. ([GT-PA1](#))
- Berrebi P., Schikorski D. 2013.** Analyse génétique des truites de Corse sur 15 sites - Etape 2013 : Casilla, Ochju, I Pincioni, Aqua d'Acelli & Agnone - Projet OEC2013: Université Montpellier 2. 6p. ([OEC2013](#))
- Berrebi P., Schikorski D. 2013.** Analyse génétique de 4 échantillons de truites de Corse (Puzzatelli, Fulminatu, I Meli et Tavignanu) - Projet CORSPUZ - Rapport de décembre 2013: Université Montpellier 2. 5p. ([CORSPUZ](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2013.** Analyse génétique de 3 échantillons de truites de Lozère (Tarn et Jonte) - Projet LOZ2 - Rapport de janvier 2013: Rapport d'analyse pour la FD48, Université Montpellier 2. 12p. ([LOZ2](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2013.** Analyse génétique des truites de la Cléry, affluent rive gauche de l'Axe Loing, bassin de la Seine (Loiret), dans le cadre du programme national Genetrutta - Projet GT-LOIRET - Rapport de janvier 2013: Rapport pour la FD45, Université Montpellier 2. 10p. ([GT-LOIRET](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2013.** Analyse génétique des 4 échantillons de truites des Pyrénées Orientales (Tech et Agly) - Projet PO7 - Rapport de février 2013: Université Montpellier 2, 13p. ([PO7](#))
- Berrebi P., Shao Z. 2013.** Analyse génétique des truites du département du Tarn (Gijou, Vèbre, Durenque et souches de la pisciculture de Pujol) au niveau de 12 marqueurs microsatellites (participant au projet GENETRUTTA 2012-2015) - Projet TARN2 - Rapport de février 2013: Université Montpellier 2, 8p. ([TARN2](#))
- Tougaard C. 2013.** Détermination de l'origine des lignées de truites de Corse par le biais de l'analyse phylogénétique d'un marqueur mitochondrial (région de contrôle) - Novembre 2013: Université Montpellier 2. 25p. ([CORSM2](#))
- 2014**
- Berrebi P, Schikorski D. 2014.** Analyse génétique des truites de la Risle (27) et du Saffimbec (76) dans le cadre du programme national GENETRUTTA - Projet GT-SNM: Rapport d'étude pour SEINORMIGR, Université Montpellier 2. 10p. ([GT-SNM](#))
- Berrebi P., 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](#))
- Berrebi P, Shao Z, Clère J-L. 2014.** Analyse génétique de truites du département de l'Yonne: rivières Cure, Trinquelin et Tholon, dans le cadre du programme national GENETRUTTA - Projet GT-YON1: Rapport d'étude pour la FD89, Université Montpellier 2. 12p. ([GT-YON1](#))
- Berrebi P. (en préparation).** Composition génétique des truites de la Bidouze. ([PA2](#))

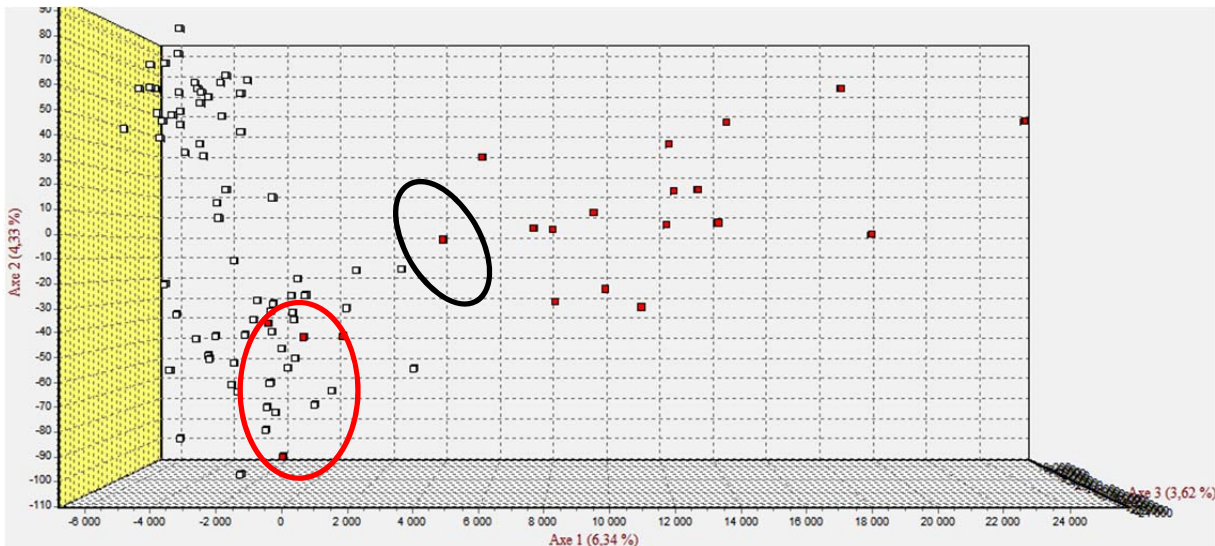
## 7. Annexes

### 7.1. Recherche des truites domestiques (ou fortement hybridées dans les échantillons de rivière. Trois cas très contrastés.

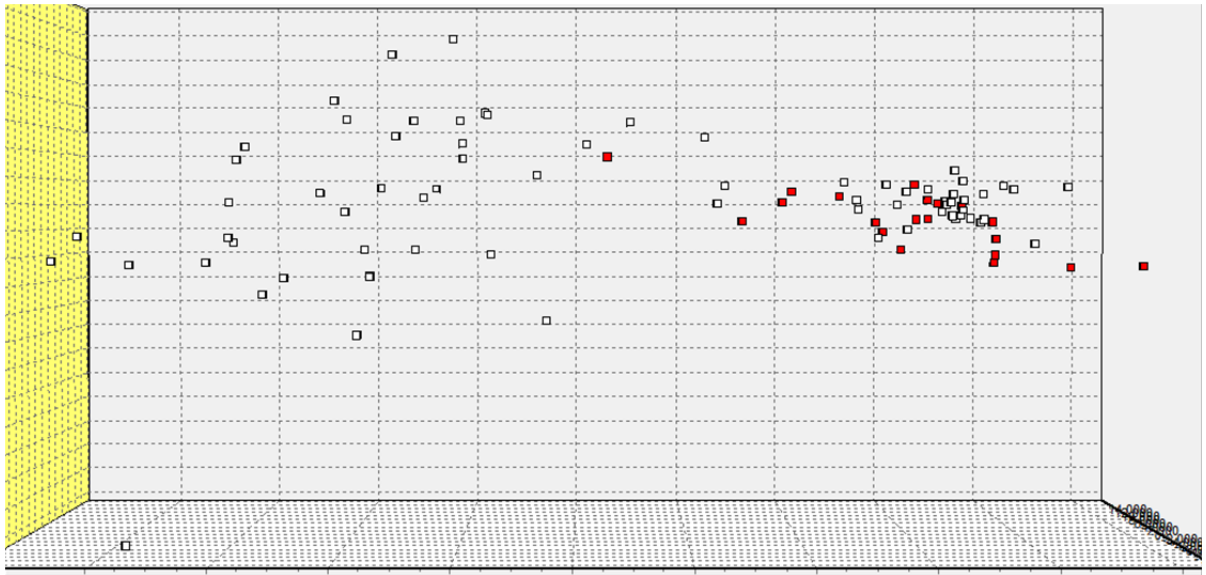


*Annexe 1 : Analyse multidimensionnelle (ici AFC) positionnant chaque truite (petit carré) en fonction de ses caractéristiques génétiques. Plus deux points sont proches et plus les truites qu'ils représentent sont génétiquement semblables.*

*Les truites domestiques sont en blanc (ici les piscicultures 38 et 81 qui sont de même type mais pas identiques), les truites de rivière (ici l'Isole) en rouge. Cette analyse démontre que les truites de rivières ne sont pas hybridées avec les truites domestiques.*



*Annexe 2 : Dans cet autre exemple, les truites de rivière (ici le Gave de Pau en rouge) sont essentiellement sauvages (à droite) mais une au moins est probablement hybridée (ellipse noire) et d'autres sont nées en pisciculture (ellipse rouge): ce sont ces dernières qu'il faut retirer de l'analyse.*



*Annexe 3 : Dans ce contre-exemple, la pisciculture 64 est en rouge et opposée aux piscicultures 38 et 81 (en blanc). Nous avons là une image de la grande diversité des truites domestiques mais en même temps la preuve que la pisciculture 64 élève bien des truites domestiques atlantiques.*

### 7.3. Assignment des truites de l'analyse globale (étape 2) du rapport GT2014.

	Rivière	Bassin	SEI	ATP	GAR	AD	MEP	C1	C2	C3
1	Petit Fecht	RHIN	77	16	1	4	0	0	0	1
2	Hem	AA	36	10	1	19	1	0	0	36
3	Noye	SOMME	28	62	1	1	1	0	1	6
4	Scie	SCIE	13	59	1	14	1	0	0	11
5	Aujon	SEINE	75	20	1	2	1	0	0	1
6	Cure	SEINE	84	12	0	1	1	0	0	1
7	Trinquelin	SEINE	88	10	1	1	0	0	0	0
8	Tholon	SEINE	75	17	2	4	0	0	1	1
9	Mérantaise	SEINE	1	96	0	1	0	0	0	1
10	Aulne	SEINE	0	97	0	0	0	0	0	1
11	Saint Martin	SEINE	86	10	1	1	0	0	1	1
12	Saffimbec	SEINE	78	1	0	11	0	0	0	10
13	Risle	SEINE	40	24	3	15	1	0	0	13
14	Druance	ORNE	18	64	4	4	1	0	1	8
15	Grande Vallée	G. VALLEE	13	38	0	20	1	0	1	28
16	Chênélais	COUESNON	11	72	3	10	0	1	1	2
17	Gruguil	GRUGUIL	4	74	2	15	2	0	1	3
18	Kerambellec	AULNE	8	30	1	42	1	1	0	17
19	Isole	ISOLE	39	9	2	34	1	1	0	14
20	Andrable	LOIRE	72	23	1	1	1	0	1	1
21	Petite Sauldre	LOIRE	76	21	0	1	0	0	0	0
22	Thironne	LOIRE	13	84	1	2	0	0	0	1
23	Le Son	CHARENTE	11	2	0	67	0	0	0	19
24	Cère	DORDOGNE	5	2	71	20	1	0	0	1
25	Garonne	GARONNE	1	11	37	47	1	0	2	1
26	Garbetou	GARONNE	0	10	49	30	0	0	10	0
27	Hers Vif	GARONNE	2	6	35	48	1	1	5	3
28	Tarn	GARONNE	2	5	61	20	2	0	1	8
29	Montroucoux	GARONNE	1	2	48	39	0	0	10	0
30	Lot	GARONNE	2	1	74	21	0	0	1	0
31	Gave de Pau	ADOUR	2	3	1	91	2	0	1	1
32	Gave d'Aspe	ADOUR	1	7	1	88	0	0	0	2
33	Hestapeko + Haranmbelzko e.	ADOUR	2	6	1	90	0	0	0	0
34	Nive d'Arnéguy	ADOUR	1	1	3	94	1	0	1	0
35	Paillères	AUDE	1	1	1	1	74	3	19	0
36	Vis	HERAULT	0	0	0	0	49	10	30	10
37	Dranse d'Abondance	RHONE	4	3	1	1	89	1	1	1
38	Ardèche	RHONE	1	1	1	1	94	1	1	1
39	Durance	RHONE	1	4	1	3	87	1	2	1
40	Gardon de St Jean	RHONE	2	3	61	20	4	0	1	8
41	Tinée	VAR	2	2	2	1	61	1	30	1
42	U Furcone	FURCONE	10	3	11	1	10	19	37	10
43	Tassineta	GOLU	0	0	10	0	20	20	50	0
44	Puzzatelli	TAVIGNANU	0	0	0	0	21	29	40	10
45	Pozzi	FIUM'ORBU	0	0	0	0	0	99	0	0
46	Aqua d'Acelli	TRAVU	0	0	0	0	10	30	50	10
47	Lataga	ORTOLU	0	0	20	0	0	69	10	0
48	Val d'Ese	PRUNELLI	0	0	0	0	0	99	0	0
49	Maghjine	FANGU	0	0	10	0	0	20	0	69
50	pisciculture 64	pisciculture 64	1	97	0	1	0	0	0	0
51	pisciculture 81	pisciculture 81	5	76	3	11	1	1	1	1
52	pisciculture 60	pisciculture 60	1	96	1	1	0	0	0	0
53	pisciculture 38	pisciculture 38	1	96	1	1	0	0	0	0
54	pisciculture 06	pisciculture 06	6	3	1	1	87	0	1	1

*Annexe 4 : Assignment des 54 échantillons analysés aux 8 lignées détectées par STRUCTURE et STRUCTURE-HARVESTER. SEI=Seine, ATP=atlantique d'où a été créée la souche domestique commerciale, GAR=Garonne, AD=Adour, MEP=lignée méditerranéenne d'où a été tirée la souche domestique "pisciculture 06", C1 à C3=trois types corses). Il s'agit des pourcentages consensus (produits par le logiciel CLUMPP), moyenne des valeurs parfois divergentes données par les 10 tests d'assignation parallèles avec K=8 (un exemple est donné en Figure 7).*

### **7.3. Les mots difficiles (\*).**

**Enclave génétique :** à quelques rares exceptions près, chaque échantillon est génétiquement différent de tous les autres. Sans migration régulière, il n'est pas possible que deux populations séparées aient la même composition génétique. Dans certains cas (écologie très particulière, réduction très forte de la densité (même dans un passé lointain = *goulot d'étranglement*)), une population, en une seule station analysée, est fortement différente de ses voisines : c'est une enclave génétique.

**Homoplasie :** quand un marqueur a un nombre limité de formes possibles, deux formes (ou mutations) peuvent être identiques mais être issues de mutations différentes. Le marqueur induit donc les calculs en erreur, faisant ressembler fortuitement deux lignées distinctes.

### **7.4. Rédaction du rapport**

La première version du rapport a été terminée le 9 septembre 2014

Merci à Fabrice Masseboeuf (FD64), Olivier Baudier (FD66), Bénédicte Prouff (FD81), Valérie Prouha (FD48), Agnès Tronche (FD15) et Jérôme Guillouet (FNPF) pour avoir lu et amélioré cette première version.