

Analyse génétique des truites de Corse sur 15 sites. Étape 2014 : Prunicia, Albarelli, Vivaggiu, Vitalbetu, Valdu alle grotte & Pratelle

Projet OEC2014

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI
Analyses moléculaires: Zhaojun SHAO
Institut des Sciences de l'Évolution, Université Montpellier 2
Tel: 04 67 14 37 32
Mél: patrick.berrebi@univ-montp2.fr



Canyon du Vivaggiu

© <http://corse-sauvage.fr>



1. Introduction

Le projet OEC2014 participe à la description génétique des truites de Corse. Cette connaissance scientifique de base est nécessaire à la gestion raisonnée des populations naturelles de nos rivières.

Dans le cadre d'une l'étude trisannuelle 2013-2015 financée par l'Office de l'Environnement de la Corse (OEC), la campagne 2014 a réuni 6 échantillons analysés ici.

2. Echantillonnage

Les 6 échantillons (125 nageoires) des truites de Corse sont parvenus à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université Montpellier 2 (UM2) le 8 septembre 2014. Corinne Piétri et Stéphane Muracciole sont les correspondants de l'OEC et du Comité Scientifique Truite de Corse auprès de l'ISEM.

La répartition géographique des localités d'échantillonnage est présentée dans la Figure 1 et les caractéristiques des échantillons dans le Tableau 1. Aux échantillons de 2014 ont été rajoutés des échantillons de référence, de types connus, déjà analysés dans le passé (Tableau 1). Ils serviront à interpréter les résultats obtenus.



Figure 1 : Répartition géographique des 6 stations d'échantillonnage.

N° d'ordre	station	bassin	date de capture	nbre	Sigle du lot	sigle du rapport	N° ISEM du lot	N° ISEM des truites	type génétique dominant
1	affluent Prunicia	Gravona	12/06/2014	21	OEC34	OEC2014	L593	T26605-T26625	recherché
2	Albarelli	Fium'Orbu	20/06/2014	20	OEC35	OEC2014	L594	T26626-T26645	recherché
3	Vivaggiu	Canella	09/07/2014	22	OEC36	OEC2014	L595	T26646-T26667	recherché
4	Vitalbetu	Stabiacciu	09/07/2014	19	OEC37	OEC2014	L596	T26668-T26686	recherché
5	Valdu alle grotte	Reginu	23/07/2014	22	OEC38	OEC2014	L597	T26687-T26708	recherché
6	Pratelle	Golu	30/07/2014	21	OEC39	OEC2014	L598	T26709-T26729	recherché
7	Lataga (OEC18)	Ortolu	2010	20	OEC18	OEC2010	L339	T18604-T18623	AD corse ancestral
8	Maghjine (OEC28)	Fangu	18/09/2012	21	OEC28	OEC2012	L514	T23330-T23350	AD corse ancestral
9	Tassineta (OEC27)	Golu	19/07/2012	19	OEC27	OEC2012	L513	T23311-T23329	ME méditerranéen
10	Aqua d'Acelli	Travu	17/07/2013	20	OEC32	OEC2013	L230	T25192-T25211	ME méditerranéen
11	Casilla (Salicetu)	Golu	25/06/2013	21	OEC29	OEC2013	L061	T25131-T25151	AT repeuplement
12	Ochju (Saliata)	Golu	25/06/2013	20	OEC30	OEC2013	L138	T25152-T25171	AT repeuplement
13	pisciculture Isère	38	2008	30	GS-37	GSALM2	L266	T16926-T16955	domestique AT

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

3. Analyses moléculaires

Les 125 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.

4. Analyses statistiques

Ces analyses consistent à permettre l'interprétation des résultats. Elles sont constituées de deux 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);

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.

Un classement peut déjà être fait avec les échantillons 1 et 5 les plus proches des truites atlantiques domestiques, les échantillons 2 et 6 exprimant l'immense diversité des truites sauvages isolées et les populations 3 et 4 en position intermédiaire.

La méthode complémentaire d'assignation a pour but de chiffrer la composition génétique de chaque échantillon et de classer les sauvages en corses ancestrales (lignée ADN mitochondrial AD) ou méditerranéennes (ME).

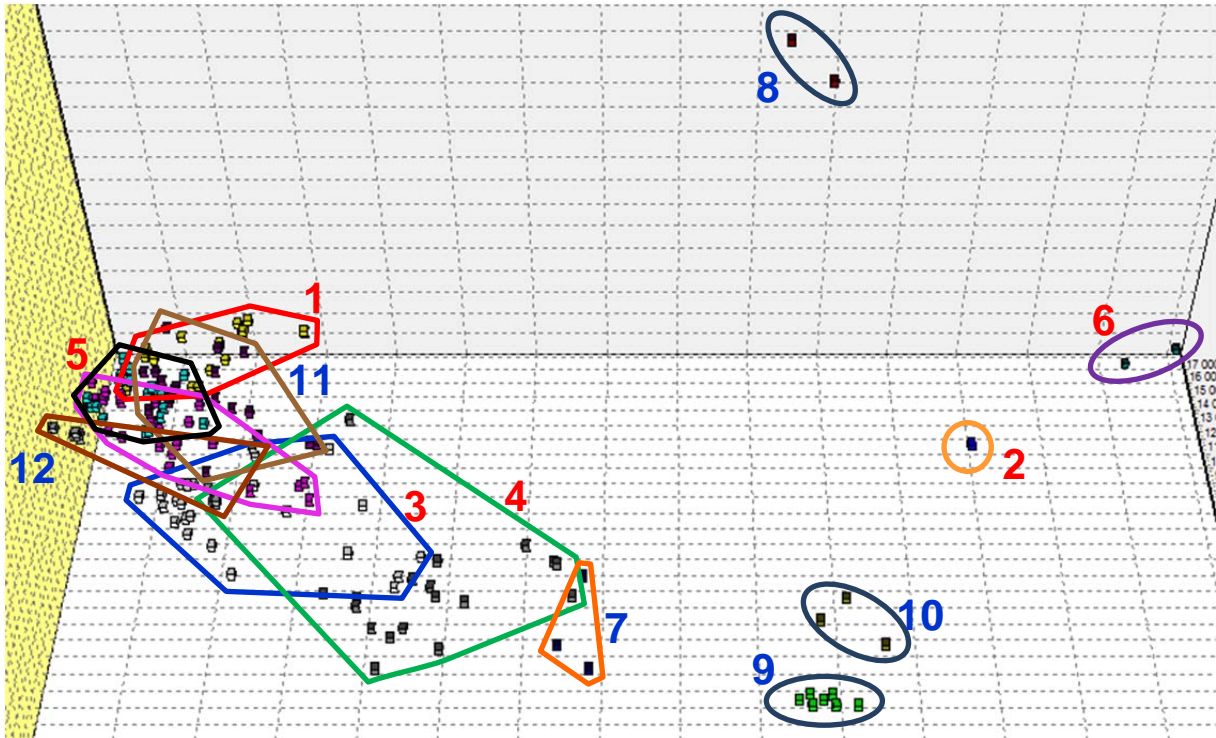


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant chaque truite en fonction de ses caractéristiques moléculaires. Ce diagramme permet déjà de voir un regroupement à gauche autour des truites atlantiques de pisciculture (polygone noir) ou atlantiques de rivières corses (en brun, n°11 et 12), à droite en bas les truites méditerranéennes (9 et 10) et au centre les truites ancestrales corses (7 et 8), génétiquement très variées. Les échantillons de 2014 portent les numéros rouges de 1 à 6.

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 10 avec 10 répétitions à chaque valeur de K. Le logiciel STRUCTURE HARVESTER a détecté des structures fiables pour K=5. La Figure 3 présente ces résultats sous forme d'un histogramme coloré et le Tableau 2 sous forme de pourcentages.

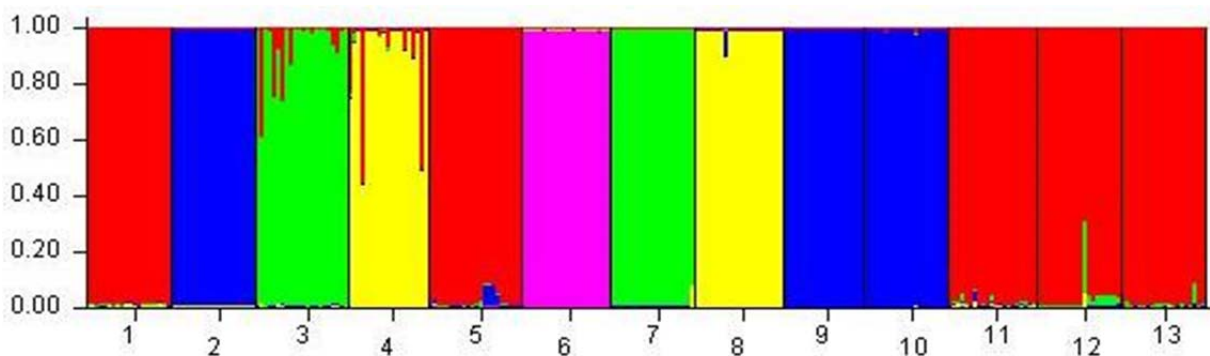


Figure 3 : Analyse d'assignation présentée sous forme d'histogramme. A cause de l'isolement très poussé des populations, le logiciel a du mal à proposer une classification stable. Celle ci (run 66) est la plus fréquente mais d'autres ont été proposées.

N° d'ordre	station	Sigle du lot	NEW	C1	C2	M	P
1	affluent Prunicia	OEC34	0	0	1	0	98
2	Albarelli	OEC35	0	0	0	99	0
3	Vivaggiu	OEC36	0	93	1	0	6
4	Vitalbetu	OEC37	0	1	90	0	9
5	Valdu alle grotte	OEC38	0	1	0	1	97
6	Pratelle	OEC39	99	0	0	0	0
7	Lataga	OEC18	0	98	1	0	0
8	Maghjine	OEC28	0	0	98	1	0
9	Tassineta	OEC27	0	0	0	99	0
10	Aqua d'Acelli	OEC32	0	0	0	99	0
11	Casilla	OEC29	0	1	1	1	98
12	Ochju	OEC30	0	3	1	0	96
13	pisciculture Isère	GS-37	0	1	0	0	98

Tableau 2 : Transposition de l'histogramme de la Figure 2 sous forme de pourcentage d'assignation de chaque échantillon analysé aux K sous-unités détectées.

6. Interprétation des résultats

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

Ainsi la Figure 2 nous montre les échantillons 1 et 5 (**Prunicia** et **Valdu alle grotte**) superposés à gauche aux truites domestiques. On remarque qu'il n'y a pas de différence détectée entre une souche provenant d'une grande pisciculture commerciale de l'Isère et les stations déjà montrées comme entièrement domestiques Casilla et Ochju lors de l'étude OEC2013. La Figure 3 confirme parfaitement ces résultats en rouge. Les pourcentages domestiques atlantiques (Tableau 2) sont tous très proche des 100%.

Le type méditerranéen est plus difficile à démontrer sur la Figure 2 mais se retrouve en bleu marine à la Figure 3. Là encore, les pourcentages sont proches de 100% (Tableau 2) à la station **Albarelli** du Fium'Orbu.

On a vu que la diversité génétique entre population purement corses ancestrales, du fait de l'isolement très long en amont des rivières, était extrêmement importante. Visuellement, cela correspond à l'éclatement, Figure 2, des stations 3, 4, 7 et 8. Deux lignées majoritairement corses ancestrales sont présente dans cet échantillonnage aux stations **Vivaggiu** et **Vitalbetu**, avec tout de même respectivement 6 et 9% de gènes domestiques atlantiques.

Enfin, la station **Pratelle** est purement sauvage, mais il n'y a pas d'échantillon de référence similaire permettant de la rattacher à un type connu. Sa position dans le bassin du Golu et la robe de ses truites tendrait à la considérer comme méditerranéenne, mais l'analyse multidimensionnelle (Figure 2) ne le confirme pas.

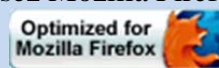
Fait à Montpellier le 24 octobre 2014

7. Littérature citée

- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. ([GSALM2](#))
- Berrebi P., 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, 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](#))
- 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. ([OEC2013](#))

La plupart de ces publications peuvent être trouvées sur le site (utilisez Mozilla Firefox):

http://data.oreme.org/trout/trout/visualisation_pub



(Observatoire des Sciences de l'Univers (OSU) OREME de l'Université Montpellier 2, Tâche d'Observation "génétique de la truite").