

# Structure génétiques des truites du Haut Salat (Salat, Cougnet, Angouls, Rouze, Alet et Estours)

## Rapport ARI4



Le Salat à Salau

© FD09

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI\*

Analyses moléculaires: Zhaojun SHAO\*

Données écologiques: Laurent GARMENDIA\*\*

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

Tél: 04 67 14 37 32, Mél: [patrick.berrebi@univ-montp2.fr](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)

\*\* FDAPPMA de l'Ariège - 09001 Foix cedex

Tel: 05 34 09 31 09 Mél: [lgarmendia@peche-ariege.com](mailto:lgarmendia@peche-ariege.com)



AAPPMA de l'Hospitalet



AAPPMA de Couffens / Seix / Saint Giron



## 1. Introduction

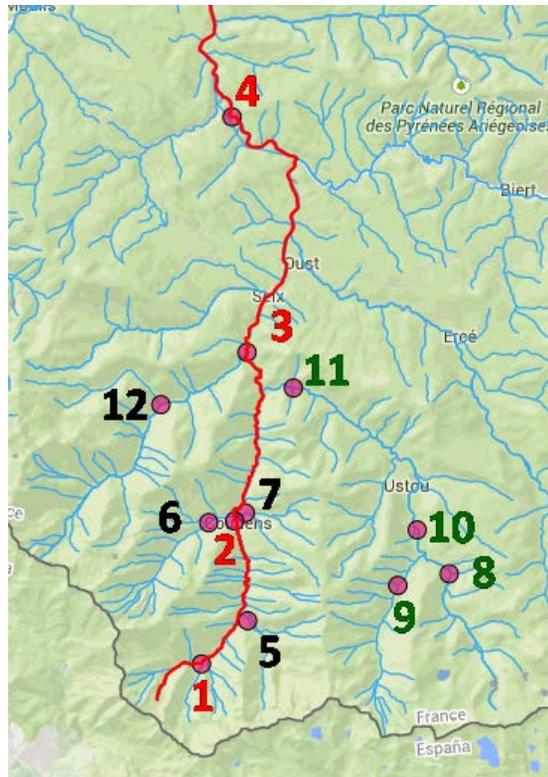
La gestion raisonnée des truites de nos rivières nécessite de pouvoir distinguer d'une part les truites sauvages des truites domestiques issues d'alevinages, et d'autre part les différentes lignées génétiques naturelles d'une région. Cette description de la structure génétique des truites est un outil nécessaire à l'application de gestions adaptées à chaque cas. Une zone à truites très majoritairement naturelles montre, si les populations sont en bonne santé démographique, que tout alevinage est inutile. Deux populations naturelles génétiquement distinctes, même voisines, même amont/aval d'une rivière, ne devraient pas subir de translocation de l'une vers l'autre (à l'occasion de pêche de sauvetage par exemple). Chaque population analysée doit être considérée différemment.

Les analyses effectuées sur les truites du Haut Salat (rivières Salat, Cougnet, Angouls, Rouze, Alet et Estours) à la suite des pêches de 2013 et 2014, fournissent ces données de base nécessaires à la gestion adaptée de ces populations. Les diverses analyses statistiques appliquées ici ont pour but de décrire la présence domestique dans la région, de rechercher les structures géographiques naturelles, d'alerter sur les populations apparemment trop peu diversifiées (mortalité récente...) et de décrire tout autre phénomène génétique ou démographique qui pourrait être utile à la gestion.

## 2. Echantillonnage

L'échantillonnage des truites analysées ici a été constitué par la Fédération Départementale pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique de l'Ariège (FD09) avec l'AAPPMA de Couflens / Seix et de Saint Girons, lors des pêches électriques de 2013 et 2014. Un total de 359 échantillons (morceaux de nageoires conservés dans des tubes d'alcool) a été remis à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 16 octobre 2014. Laurent Garmendia est le correspondant de la FD09 auprès de l'ISEM.

La distribution géographique des stations est précisée à la Figure 1. La composition et les caractéristiques des échantillons sont présentées au Tableau 1. Aux nouveaux échantillons ont été rajoutés pour comparaison des échantillons de truites de rivières géographiquement proches déjà analysés dans le passé et des échantillons domestiques. L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.



*Figure 1 : Position géographique des 12 stations faisant l'objet de la présente étude. Les numéros sont ceux de la première colonne du Tableau 1. Les chiffres en rouge désignent les stations du lit du Salat; en vert l'Alet; en noir les petits affluents. Ligne rouge, l'amont du Salat.*

N°	Station	Nbre	Altitude	Obstacles	Date	Rapport	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Salat (source)	30	1029	NN A	2013	ce rapport	L621	T27112-T27141
2	Salat (Coufflens)	30	717	A*	2013	ce rapport	L622	T27142-T27171
3	Salat (Seix)	30	545	A*	2014	ce rapport	L623	T27172-T27206
4	Salat (Qr Lacourt)	30	440	A*	2014	ce rapport	L624	T27207-T27239
5	Cougnat	30	910	AA	2013	ce rapport	L625	T27240-T27269
6	Angouls	30	800	NN A	2013	ce rapport	L626	T27270-T27299
7	Rouze	30	761	NN A	2013	ce rapport	L627	T27300-T27329
8	Escorce	30	879	0	2013	ce rapport	L628	T27330-T27364
9	Ossèse	29	916	NN A	2013	ce rapport	L629	T27365-T27394
10	Alet (Grazet)	30	764	A	2013	ce rapport	L630	T27395-T27426
11	Alet (pont Beret)	30	594	0	2013	ce rapport	L631	T27427-T27461
12	Estours	30	670	AA	2014	ce rapport	L632	T27462-T27491
13	Garbettou (amont - Aulus)	30	-	-	2008	ARI1	L189	T15123-T15152
14	Estagette	30	-	-	2008	ARI1	L190	T15153-T15182
15	Garbet (aval - Oust)	30	-	-	2008	ARI1	L192	T15213-T15242
16	pisciculture Fontanès	29	-	-	2011	ARI2	L397	T19962-T19991
17	pisciculture nationale	30	-	-	2008	GSALM2	L267	T16956-T16985

*Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés dans la présente étude (en jaune). Ont été rajoutés des échantillons de référence (bas du tableau) dont deux échantillons de piscicultures (en gris). N = isolé de l'aval par un obstacle naturel; NN = plusieurs obstacles naturels; A = un obstacle artificiel; AA = plusieurs obstacles artificiels; A\* = présence d'un obstacle artificiel éloigné de la station; 0 = sans obstacle important.*

## 3. Méthodes

### 3a. Méthodes moléculaires

Chaque truite a été génotypée (détermination des deux allèles provenant de ses deux parents) au niveau de 6 locus microsatellites (Oneμ9, Mst85, SSoSI-311, Omy21Dias, Mst543 et SSoSI-438).

Les génotypes obtenus ont permis de construire la matrice de données, à la base de tous les calculs qui suivent.

### 3b. Méthodes statistiques

Classiquement, trois types d'analyses statistiques permettent de comprendre la structure, la composition et parfois l'histoire des peuplements analysés.

- L'**analyse multidimensionnelle** (ici l'Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC traitée par le logiciel GENETIX) est considérée comme un débroussaillage rapide des données faisant apparaître les grandes lignées présentes dans les échantillons analysés et dans les échantillons de référence.

- L'**analyse d'assignation** (ici avec le logiciel STRUCTURE) recherche le meilleur découpage de l'ensemble des truites analysées de façon à regrouper celles qui se ressemblent le plus (sous-groupes à l'équilibre génétique). La partie la plus délicate est de déterminer le nombre de sous-groupes le plus pertinent (K). K est automatiquement déterminé par la méthode d'Evanno grâce au logiciel en ligne STRUCTURE HARVESTER, mais les autres valeurs de K doivent aussi être explorées.

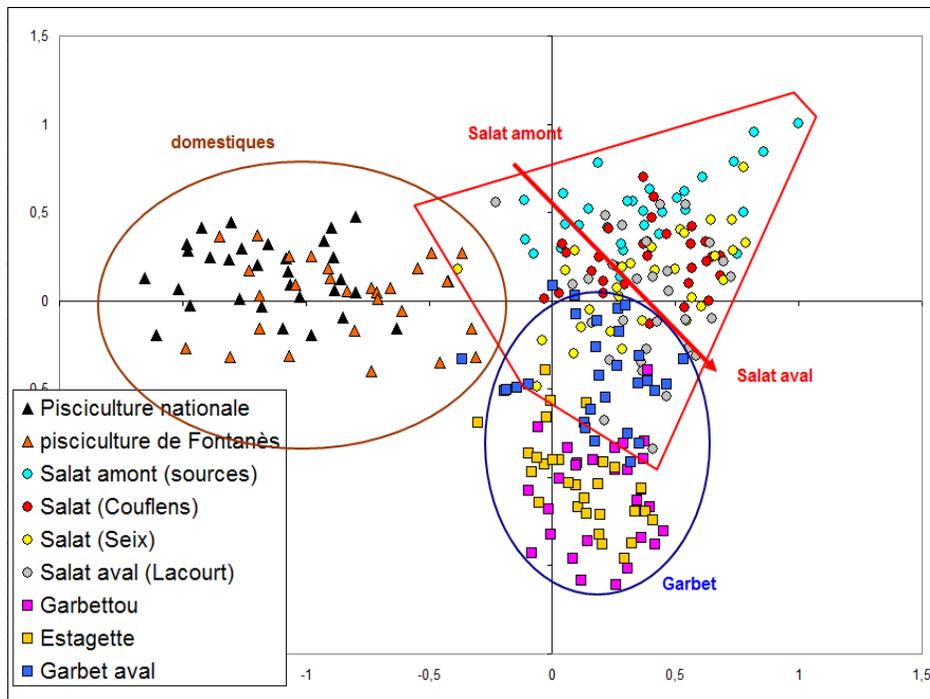
- Les **paramètres populationnels** sont de divers types. Certains décrivent la diversité génétique de chaque population (Hnb, Ho et A); le Fis décrit l'équilibre panmictique (reproduction au hasard de toutes les truites de la population); un autre paramètre détermine la quantité de différence génétique entre populations prises 2 à 2 (le Fst).

Ces paramètres permettent d'interpréter les résultats génétiques.

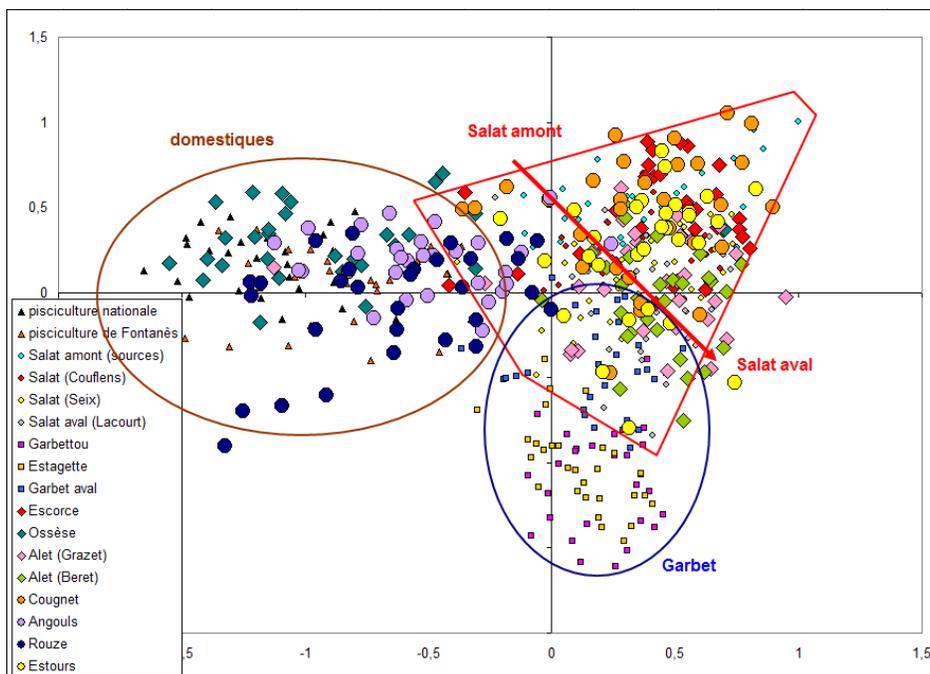
## 4. Résultats

### 4a. Analyse multidimensionnelle

Les Figures 2a et 2b positionnent chaque truite (= un point) dans un hyperespace mathématique. Ces diagrammes permettent de voir les regroupements (= nuages) caractéristiques des types génétiques en présence dans l'échantillonnage total (échantillons de la présente étude et échantillons de référence).



**Figure 2a :** Première étape: établissement du "fond de carte" de la diversité génétique attendue dans le sous bassin: les domestiques, le Garbet, affluent voisin et le lit principal du Salat avec un glissement progressif de l'amont vers l'aval forment les trois angles d'un triangle.



**Figure 2b :** Sur le "fond de carte" (points réduits, enveloppe et ellipses maintenues) sont placés les échantillons de l'Alet (losanges) et des autres affluents mineurs (ronds).

Alors que les échantillons Escorces, Alet-Grazet, Alet-Beret, Cougnet et Estours se placent dans la lignée Salat, les échantillons Ossèse, Angouls et Rouze sont fortement ou totalement déportés vers les lignées domestiques, à gauche.

Ainsi l'essentiel de l'échantillonnage est purement sauvage et fortement homogène (en haut et à droite des Figures 2a et 2b) à l'exception de la population 9 (Ossèse) entièrement remplacée par la forme domestique, et dans une moindre mesure les populations 6 (Angouls) et 7 (Rouze) très fortement introgressées par les gènes domestiques.

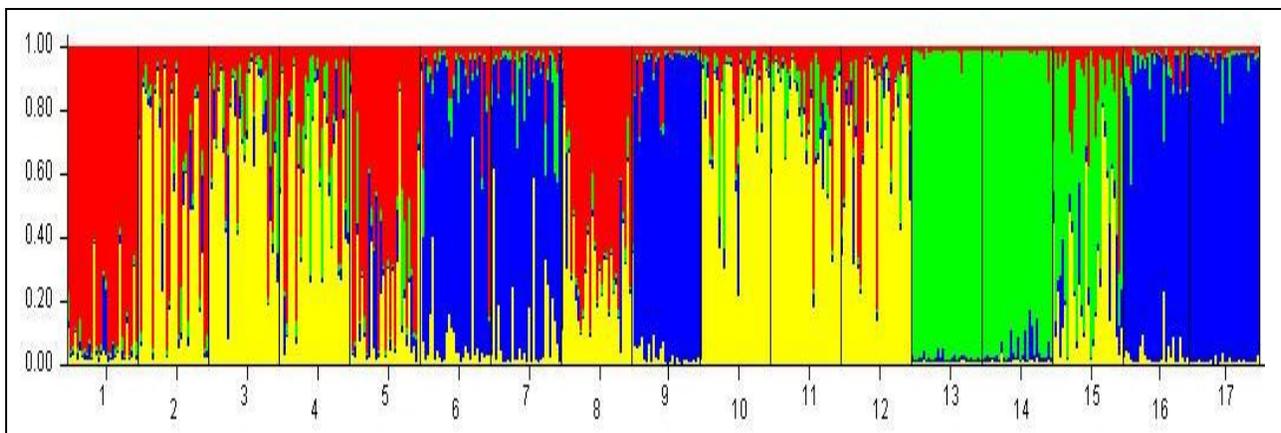
Ces observations doivent être confirmées et chiffrées par la méthode d'assignation qui suit.

#### 4b. Analyse d'assignation

L'analyse d'assignation permet de découper l'échantillonnage total (truites de la présente étude et des échantillons de référence) en  $K$  sous-unités en équilibre populationnel, sans tenir compte de l'appartenance de chaque truite à un échantillon géographique. Le logiciel d'aide à la décision, STRUCTURE HARVESTER, suggère que  $K=2$ , mais les autres valeurs de  $K$  doivent aussi être explorées.

La Figure 3 donne l'histogramme obtenu pour  $K=4$ . Il permet de déterminer la composition de chaque échantillon en pourcentages des  $K$  sous-unités détectées.

Le Tableau 2 transpose l'histogramme coloré en pourcentages.



**Figure 3 :** Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'histogramme coloré. Les couleurs sont distribuées au hasard aux  $K$  sous unités détectées. Chaque truite est représentée par une fine ligne verticale. Les numéros des échantillons sont ceux du Tableau 1. L'histogramme le plus informatif structure l'ensemble des truites analysées en 4 sous-groupes ( $K=4$ ). La lignée naturelle du Salat montre une petite variation en altitude (ici distribution des couleurs rouge en amont et jaune en aval).

					1+5
			1+5+8	1+5+8	
		1+2+3+4+5+8+10+11+12			8
	1+2+3+4+5+8+10+11+12+13+14+15		2+3+4+10+11+12	2+3+4+10+11+12	2+3+4+10+11+12
		13+14+15	13+14+15	13+14+15	13+14+15
				6	6
	6+7+9+16+17	6+7+9+16+17	6+7+9+16+17		
				7+9+16+17	7+9+16+17
K=1	K=2	K=3	K=4	K=5	K=6

**Figure 4** : Détails du découpage progressif des 17 échantillons (à gauche) en 2 à 6 sous-groupes par l'analyse d'assignation. Cette présentation de l'assignation en arbre des échantillons est présentée sous forme d'historgramme (pour K=4) à la Figure 3 et en pourcentages au Tableau 2.

		Sam	Sav	Garb.	dom
1	Salat (source)	88	6	2	3
2	Salat (Couflens)	42	50	4	5
3	Salat (Seix)	19	67	7	6
4	Salat (Qr Lacourt)	27	57	13	4
5	Cougnet	64	21	6	9
6	Angouls	10	12	4	75
7	Rouze	5	11	7	78
8	Escorce	64	27	3	7
9	Ossese	8	4	1	87
10	Alet (Grazet)	10	76	7	7
11	Alet (pont Beret)	13	74	9	3
12	Estour	21	70	5	5
13	Garbettou (amont - Aulus)	2	1	96	1
14	Estagette	2	2	93	3
15	Garbet (aval - Oust)	12	27	52	8
16	pisciculture Fontanès	4	4	5	87
17	pisciculture nationale	2	1	2	95

**Tableau 2** : Composition de chaque échantillon analysé et des échantillons de référence en pourcentages des K sous-unités génétiques détectées. Les valeurs égales ou inférieures à 5 sont à la limite de sensibilité de la méthode (= bruit de fond), elles sont indiquées en gris. Les couleurs des cellules rendent compte de l'importance des pourcentages obtenus. Les couleurs des entêtes sont celles de la Figure 3. **Sam** = lignée Salat amont, **Sav** = Salat aval; **Garb.** = Garbet, **dom** = lignée domestique.

L'utilisation de l'analyse d'assignation est complexe. Si on pousse le découpage au niveau  $K=4$ , les échantillons 1, 5 et 8 se différencient un peu des autres, formant ce qu'on pourrait appeler le type "Salat amont", ce qui est cohérent puisque ce sont les stations les plus amont de tout l'échantillonnage. Il y a donc un gradient génétique au sein de la lignée locale "Salat", la lignée Salat-amont (en rouge dans la Figure 3) et Salat-aval (en jaune). Le Salat apparaît bien distinct du Garbet (en vert) pourtant très voisin et lui-même homogène, avec peut-être un apport de 39% (Tableau 2) du Salat dans la station aval du Garbet (à 3 km de la confluence Garbet-Salat, au niveau du hameau de Maysouasse, en amont d'Oust).

#### 4c. Paramètres populationnels

Les analyses de composition ou de structure (multidimensionnelle et d'assignation) ne sont pas les seules à apporter des informations. Les paramètres populationnels sont particulièrement importants pour obtenir des informations biologiques sur les populations analysées.

Ainsi les paramètres  $H$  et  $A$  renseignent sur le polymorphisme de chaque population.  $H_o$  est la diversité génétique observée et  $H_{nb}$  est cette même diversité telle qu'elle serait si la population était panmixique (reproduction au hasard entre tous ses membres, fréquente quand il n'y a qu'une seule lignée). L'écart entre  $H_o$  et  $H_{nb}$  permet de calculer le  $F_{is}$  qui renseigne sur cette panmixie. Le Tableau 3 donne les résultats obtenus ainsi que leur niveau de significativité.

		dom	Hnb	Ho	A	Fis	sign.
1	Salat (source)	3	0,67	0,63	6,67	0,07	ns
2	Salat (Couflens)	5	0,69	0,65	9,17	0,07	*
3	Salat (Seix)	6	0,72	0,65	10,83	0,09	**
4	Salat (Qr Lacourt)	4	0,70	0,64	9,33	0,09	**
5	Cougnat	9	0,71	0,65	9,00	0,09	**
6	Angouls	75	0,72	0,55	8,17	0,24	***
7	Rouze	78	0,76	0,62	8,00	0,19	***
8	Escorce	7	0,61	0,51	6,33	0,17	***
9	Ossese	87	0,78	0,66	8,33	0,15	**
10	Alet (Grazet)	7	0,73	0,64	8,83	0,12	**
11	Alet (pont Beret)	3	0,72	0,61	9,67	0,16	***
12	Estours	5	0,72	0,64	8,67	0,12	**
13	Garbettou (amont - Aulus)	1	0,55	0,58	4,00	-0,06	ns
14	Estagette	3	0,61	0,63	4,67	-0,04	ns
15	Garbet (aval - Oust)	8	0,72	0,59	8,83	0,18	***
16	pisciculture Fontanès	87	0,74	0,74	7,80	-0,01	ns
17	pisciculture nationale	95	0,76	0,69	6,50	0,09	*

**Tableau 3** : Paramètres populationnels donnant des informations sur le polymorphisme (entêtes orange), et la panmixie (entêtes bleues). ns = non significatif (=population en panmixie), \*, \*\* et \*\*\* = écart à la panmixie significatif à très hautement significatif. dom = pourcentage estimé d'introgression domestique. Les échantillons du Salat majoritairement domestiques sont indiqués en gris.

Les  $F_{st}$  mesurent la différenciation génétique entre populations prises deux par deux (Tableau 4). Il faut prendre en compte leur valeur (elle varie de 0 à 1; une valeur de 0,1 est considérée comme importante, au-delà de 0,3 elle marque un fort isolement) et leur significativité, car quand les effectifs des échantillons comparés sont faibles, même une valeur de 0,2 peut être non significative et donc assimilée à 0.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17		
S. source	1	0	0,04	0,07	0,06	0,07	0,21	0,18	0,10	0,16	0,09	0,08	0,08	0,26	0,25	0,15	0,19	0,21	
S. Coufflens	2		0	0,01	0,01	0,04	0,19	0,16	0,08	0,15	0,03	0,02	0,04	0,25	0,21	0,11	0,19	0,21	
S. Seix	3			0	0,01	0,05	0,19	0,15	0,09	0,14	0,01	0,00	0,04	0,24	0,18	0,11	0,17	0,20	
S. Lacourt	4				0	0,05	0,18	0,14	0,07	0,14	0,01	-0,01	0,03	0,20	0,18	0,09	0,17	0,21	
Cougnat	5					0	0,18	0,15	0,11	0,15	0,06	0,05	0,06	0,25	0,21	0,12	0,18	0,20	
Angouls	6						0	0,13	0,25	0,10	0,19	0,18	0,17	0,29	0,23	0,19	0,15	0,16	
Rouze	7							0	0,20	0,06	0,13	0,13	0,14	0,25	0,19	0,11	0,05	0,08	
Escorce	8								0	0,18	0,08	0,08	0,08	0,29	0,30	0,18	0,22	0,25	
Ossese	9									0	0,13	0,14	0,14	0,28	0,24	0,17	0,05	0,07	
A. Grazet	10										0	0,00	0,05	0,21	0,19	0,10	0,17	0,19	
A. Beret	11											0	0,03	0,21	0,16	0,08	0,17	0,20	
Estours	12												0	0,25	0,22	0,12	0,18	0,20	
Garbettou	13													0	0,22	0,16	0,26	0,27	
Estagette	14														0	0,08	0,20	0,23	
Garbet	15															0	0,14	0,16	
p. Fontanès	16																0	0,05	
p. nationale	17																		0

**Tableau 4** : Matrice triangulaire des  $F_{st}$  par paire d'échantillon. Les stations du Salat en gris à gauche sont très fortement impactées par la souche domestique. Seules les comparaisons en vert ne sont pas significatives (=les deux échantillons comparés sont identiques). Toutes les autres comparaisons sans couleur concluent à des différences génétiques réelles entre échantillons testés (probabilité au-dessus de 99%). Les valeurs en jaune désignent des paires moins fortement différentes ( $F_{st}$  significatifs à 95% seulement).

## 5. Interprétation - discussion

Deux questions récurrentes méritent des commentaires.

### 5a. Impact des alevinages en truites domestiques atlantiques.

Les analyses génétiques ne sont possibles que par comparaison des truites de nature inconnue (celles qui font l'objet de cette étude) avec les truites de référence connue. En ce qui concerne les truites domestiques, une étude récente (Bohling et al. en cours de publication) a montré que ce qui peut être appelé "souche domestique atlantique nationale", issue de travaux de sélection de l'INRA dans les années 90, représentait la grande majorité des alevinages. C'est cette souche que nous avons appelée ici "pisciculture nationale". La souche domestique développée localement (pisciculture de Fontanes) a également été prise en compte. Toutefois, si une autre souche inconnue a été utilisée dans la zone étudiée, les estimations seront faussées sans que nous le sachions.

D'après le Tableau 2, la zone étudiée présente une majorité de populations presque purement sauvages, et trois stations très fortement introgressées par la forme domestique nationale:

l'Angouls (75%), la Rouze (78%) et l'Ossèse, affluent de l'Alet (87%). Il n'y a pas de cas intermédiaires, il ne s'agit donc pas d'un phénomène généralisé à l'amont du Salat mais de cas locaux particuliers, sans doute favorisés par la faiblesse des populations sauvages locales et un arrêtoir à l'aval provoquant leur isolement.

### **5b. Structure des peuplements naturels**

En faisant abstraction de l'impact des repeuplements en truites domestiques, on observe deux lignées naturelles proches (Salat-amont et Salat-aval) dans la partie étudiée du Salat et de ses affluents: 9 stations sur 12, avec entre 84 à 95% de pureté si on cumule les deux lignées (Tableau 2). Les stations Salat-source, Cougnet et Escorce (affluent de l'Alet) sont les stations les plus à l'amont et les plus riches en lignée amont.

Une telle structure génétique homogène (à l'exception des zones de remplacement par la lignée domestique) est le signe d'une fondation unique des truites du Salat, il y a fort longtemps (en général, ce type d'installation date de plus de 10000 ans, mais il n'y a pas d'information pour cette zone précise) et d'une absence de barrages naturels (à l'exception peut-être de l'amont des affluents Angouls, Rouze et Ossèse puisque leur peuplement domestique semble y être cantonné).

### **5c. Autres questions**

D'autres questions intéressantes peuvent être abordées grâce aux données obtenues.

- Ainsi le calcul des Fis fait apparaître des **écarts presque généralisés à l'équilibre panmictique** (toutes les truites de ces populations ne se croisent donc pas au hasard, Tableau 3). Dans la mesure où 9 stations sur 12 sont peuplées de truites sauvages (Tableau 2), il faut bien admettre que ce phénomène est naturel. Cela a déjà été observé chez les truites pyrénéennes (Aurette et al. 2000), interprété comme dû à un cycle de vie où les juvéniles ne vivraient pas avec les adultes pendant la première année. Il est surprenant de constater que ce phénomène n'existe pas (ou est fortement atténué) dans le sous bassin de référence du Garbet.

- Une autre constatation remarquable est le **polymorphisme génétique élevé** de la plupart des stations étudiées. Le paramètre Hnb (= hétérozygotie non biaisée) qui décrit le mieux le polymorphisme intra-populationnel est presque partout autour de 0,7 (Tableau 3), ce qui est une valeur élevée correspondant généralement à des populations de grande taille. A titre comparatif, les truites du sous-bassins du Garbet et de la Haute Ariège présentent plusieurs populations appauvries, sans doute à cause de leur petite taille (Garbettou Hnb à 0.55 et Najar à 0.38, Tableau 3 et rapport ARI3). Bien qu'un tel polymorphisme soit difficile à expliquer pour des populations sauvages de montagne, il est la marque de populations en bonne santé.

- **9 des 12 stations analysées sont quasiment sauvages** (mélange variable des lignées Salat-amont et Salat-aval), cela ne veut pas dire que la composition génétique y soit identique (on fait abstraction ici de l'apport domestique). Les valeurs de Fst (Tableau 4) nous indiquent que quasiment aucune des stations comparées n'est identique: seules les cellules vertes indiquent cette identité: elles concernent la zone Alet-Salat aux niveaux Seix et Lacourt, c'est à dire l'aval de la zone étudiée (voir Figure 1). Partout ailleurs, les peuplements sont de la même origine mais n'entretiennent pas d'échanges réguliers de reproducteurs. Ici encore, la truite montre une forte sédentarité.

- Angouls, Rouze et surtout Ossèse sont des stations d'altitude moyenne (761 à 916 m) dont **les populations naturelles ont quasiment disparu**. Si les truites domestiques ont pu s'installer c'est très vraisemblablement dû à l'absence de compétition avec des truites sauvages qui d'ordinaire prennent le dessus sur les truites déversées. Cette observation de ruisseaux d'altitude peuplés de truites domestiques a déjà été faite un peu partout en France. Ce phénomène

s'explique généralement par l'absence de truites naturelles dans ces zones pourtant salmonicole. La survenue d'évènements naturels très négatifs comme le gel ou l'assèchement total de ces cours d'eau, même tous les siècles ou tous les millénaires, couplée avec la présence d'un obstacle infranchissable à la remontée à l'aval, rend de nombreux ruisseaux et torrents d'altitude stériles en truites. Le braconnage à l'eau de Javel peut avoir le même effet dans ce type de ruisseau. L'introduction du moindre couple de truites domestiques dans ces zones permet le développement d'une population artificielle. Il est intéressant de noter que dans certains cas (comme l'Ossèse par exemple, à plus de 900 mètres d'altitude), cette lignée domestique réputée pour être peu robuste, peut fonder des populations pérennes (jusqu'au prochain gel ou assèchement total) y compris dans des conditions extrêmes. Le polymorphisme élevé des truites domestiques doit permettre à ces souches peu robustes de maintenir quelques individus rustiques ayant conservé cette capacité d'adaptation. Ces rares individus peuvent donc devenir dominants dans ces circonstances extrêmes. Il n'est pas exclu qu'avec le temps (à l'échelle de plusieurs siècles ou millénaires), la souche domestique s'adapte à son nouveau milieu.

Fait à Montpellier le 30 janvier 2015

## 6. Références bibliographiques

- Aurelle, D., Berrebi, P. 2002. Natural and artificial secondary contact in brown trout (*Salmo trutta*, L.) in the French western Pyrenees assessed by allozymes and microsatellites. *Heredity*, 89, 171-183.
- 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., Genindexe, 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](#))
- Berrebi, P. Shao Z, Garmendia L. 2014. Analyse génétique des truites du haut bassin de l'Ariège, affluents Siscar, Bésines, Nabre, Mourguillou et Najar - Projet ARI3A. Rapport d'analyse pour la FD09, Université Montpellier 2, pp. 9p. ([ARI3](#))
- Berrebi P, Schikorski D. 2014. Structuration génétique des truites pyrénéennes - Ariège, Haute Garonne et Pyrénées Atlantiques - Projet TFP1: Rapport d'étude pour l'association TFP, Université Montpellier 2. 6p. ([TFP1](#))
- Bohling, J., Shao, Z., Haffray, P., Berrebi, P. (soumis 2014). Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France.