

**Composition génétique des truites de l'Orb (34)
Campagne de pêche 2014
(Mare, Gravezon, souche Babeau)**

Rapport ORB6



Fécondation des ovocytes de la souche méditerranéenne de Babeau

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

Analyses moléculaires: David SCHIKORSKI
Laboratoire Genindexe, 6, Rue des Sports, 17000 La Rochelle
Tél: 05 46 30 69 66, Mél: d.schikorski@genindexe.com

1. Introduction

La gestion raisonnée des truites de nos rivières nécessite de pouvoir distinguer d'une part les truites sauvages des 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.

Les analyses effectuées sur les truites de l'Orb (échantillons de la Mare et du Gravezon) à la suite des pêches de 2014, fournissent ces données de base nécessaires à la gestion adaptée de ces populations. L'analyse des géniteurs de la pisciculture domaniale de Babeau a été proposée gracieusement par l'ISEM car utilisée en boîtes Vibert dans le département. 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 intéresser les gestionnaires.

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'Hérault (FD34) lors des pêches électriques de 2014. Un total de 38 échantillons de rivière (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) les 15 octobre 2014. D'autre part, 41 échantillons de nageoire des géniteurs de la pisciculture fédérale de Babeau ont été prélevés par Patrick Berrebi et Maëva Leitwein le 16 décembre 2014, à l'occasion d'une l'insémination artificielle (voir page de garde) comme référence génétique indispensable. Eric Ravel est le correspondant de la FD34 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 des mêmes rivières géographiquement déjà analysés dans le passé et un échantillon domestique (ici une pisciculture commerciale de l'Isère produisant la souche atlantique nationale). L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.

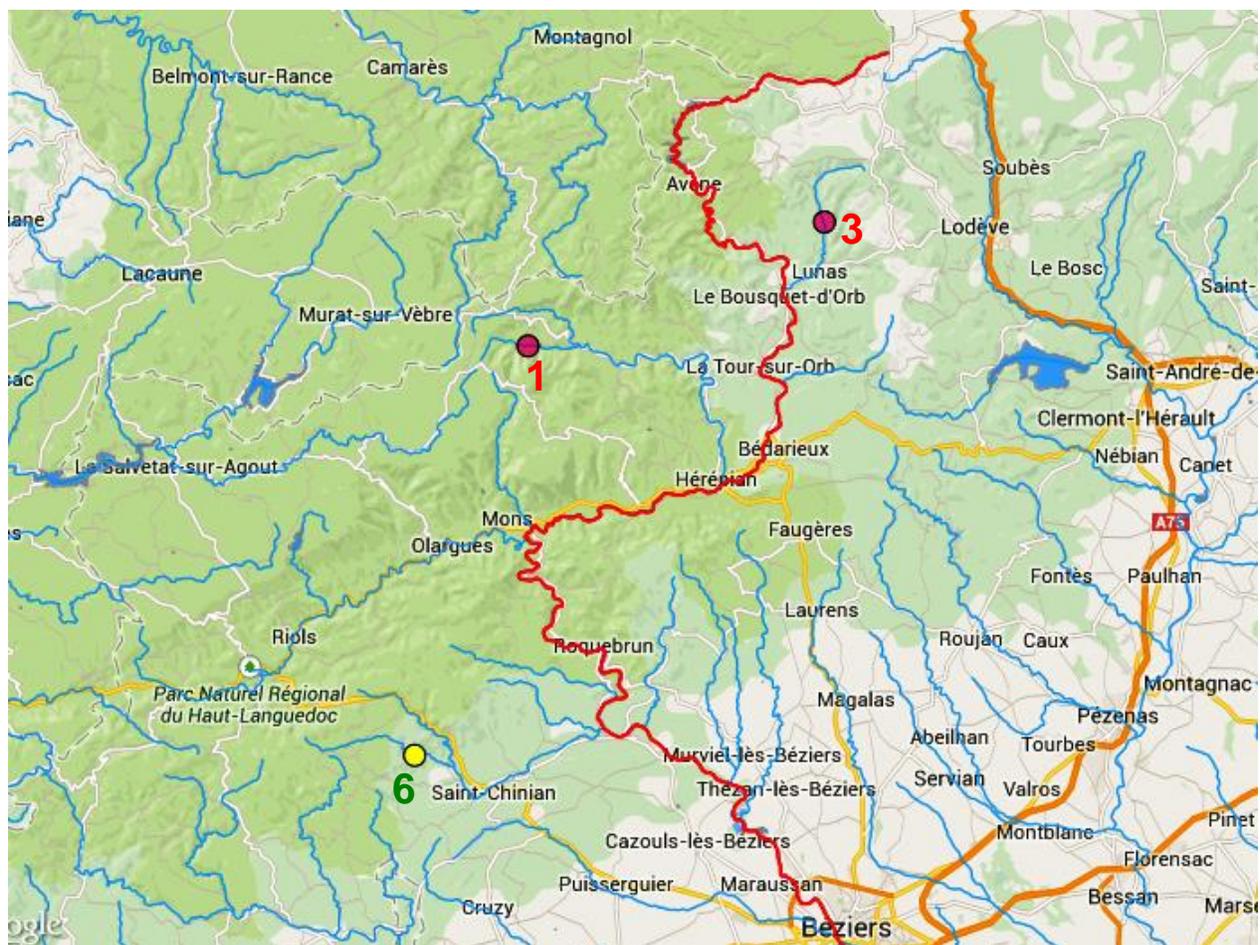


Figure 1 : Répartition géographique des 3 échantillons analysés dans le présent rapport. En jaune = la pisciculture de Babeau; ligne rouge = l'Orb. Les numéros de stations et les détails techniques sont donnés au Tableau 1.

N° carte	STATION	Nombre	Date	Rapport	N° ISEM échantillon	N° ISEM individus
1	Mare (Castanet le Haut)	18	09/10/2014	ce rapport	L617	T27024-T27041
2	Mare (Castanet le Haut)	15	2012	ORB4	L084	T24686-T24700
3	Gravezon (Joncel)	20	14/10/2014	ce rapport	L618	T27042-T27061
4	Gravezon (Joncel)	20	19/09/2012	ORB4	L078	T24661-T24680
5	Gravezon (Joncel)	10	28/10/2010	ORB2	L356	T19018-T19027
6	Pisciculture de Babeau (souche Gravezon)	41	16/12/2014	ce rapport	L619	T27643-T27683
7	pisciculture Isère	30	2008	GSALM2	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : caractéristiques des échantillons analysés lors de la présente étude (numéros en rouge et vert dans la première colonne). Ont été rajoutés des échantillons de référence dont un échantillon d'une pisciculture nationale (en gris).

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 et pourraient appartenir à la même population (sous-groupes à l'équilibre génétique). La partie la plus délicate est de déterminer le nombre de sous-groupes le plus pertinent (K).

- Les **paramètres populationnels** sont de divers types. Certains décrivent la diversité génétique de chaque population (Hnb, Ho et A); un autre décrit l'équilibre panmictique (reproduction au hasard de toutes les truites de la population) avec le Fis; un autre 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

La Figure 2 positionne chaque truite (= un point) dans un hyperespace mathématique. Ce diagramme permet de voir les regroupements (= nuages) caractéristiques des types génétiques en présence dans l'échantillonnage total (échantillons de la présente étude et échantillons de référence).

La composition génétique des truites de l'Orb apparaît clairement triple: outre la forme domestique atlantique (issue par exemple des repeuplements en truitelles de Cauteret), deux formes naturelles, déjà mise en évidence dans plusieurs rapports précédents, sont confirmées: le type Mare et le type Gravezon.

Les géniteurs méditerranéens entretenus à la pisciculture de Babeau sont très nettement de type Gravezon (en haut à gauche de la Figure 2).

Le type mare apparaît plus diffus dans le diagramme. La tendance du nuage de truites de la Mare (2012 et 2014) à s'étirer vers le pôle Gravezon peut s'expliquer par les boîtes Vibert de Babeau (voir discussion).

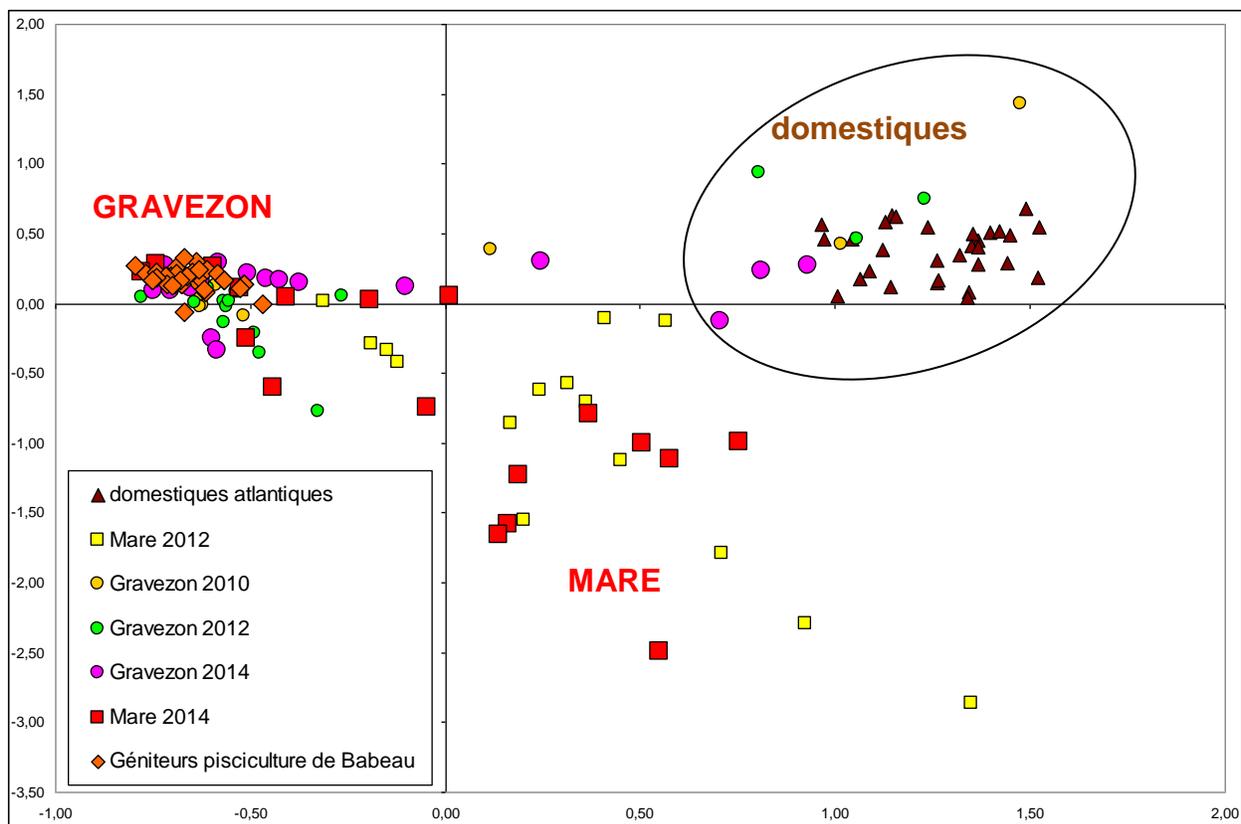


Figure 2 : Positionnement de toutes les truites génotypées (de la présente étude et des échantillons de référence) dans un hyperespace dont le graphique présente une version simplifiée à deux dimensions. Globalement cette analyse met en relief les trois lignées dans la région étudiée. (i) La souche domestique atlantique (en haut à droite). Les truites de rivière incluses dans l'ellipse sont des truites de repeuplement déversées récemment (on y trouve des truites du Gravezon des trois années prises en compte). (ii) La forme Gravezon est concentrée à gauche, avec les truites de rivière et tous les géniteurs de Babeau. (iii) La forme Mare se place au centre en bas. Ce nuage de point est plus diffus.

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

La Figure 4 donne la composition génétique de chaque truite.

Le Tableau 2 transpose l'histogramme coloré en pourcentages.

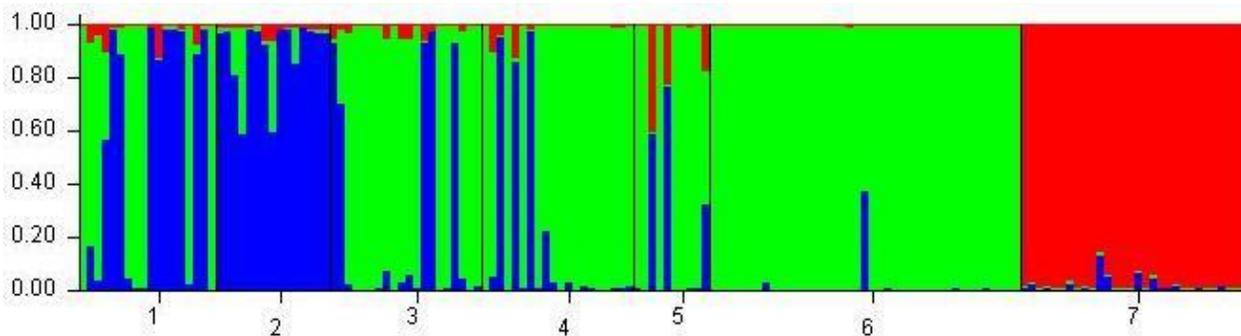


Figure 3 : Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'histogramme. Les couleurs sont distribuées au hasard aux K sous unités détectées. Chaque truite est représentée par une fine ligne verticale. Les numéros des échantillons sont ceux du Tableau 1. La forme "Mare" apparaît en bleu, "Gravezon" en vert et "domestique atlantiques" en rouge.

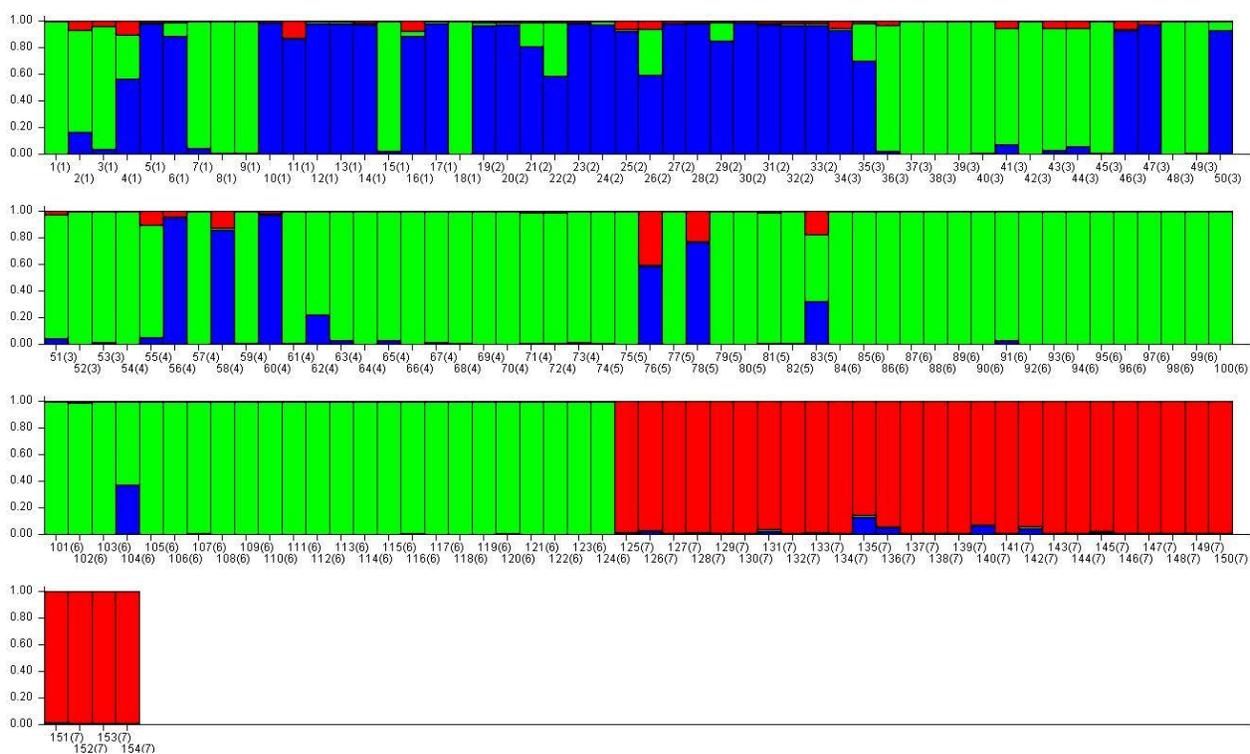


Figure 4 : Même histogramme détaillant chaque truite.

N° carte	STATION	Mare	Gravezon	domestiques
1	Mare (Castanet le Haut) 2014	52	45	3
2	Mare (Castanet le Haut) 2012	91	8	2
3	Gravezon (Joncel) 2014	24	74	2
4	Gravezon (Joncel) 2012	16	82	2
5	Gravezon (Joncel) 2010	17	74	9
6	Pisciculture Babeau (souche Gravezon) 2014	1	98	0
7	pisciculture Isère	2	1	98

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. Le vert des cellules de pourcentage rendent compte de la prépondérance de la lignée correspondante.

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. Ho est la diversité génétique observée et Hnb est cette même diversité telle qu'elle serait si la population était panmictique (reproduction au hasard entre tous ses membres, donc présence d'une seule lignée). L'écart entre Ho et Hnb permet de calculer le Fis qui renseigne sur cette panmixie. Le Tableau 3 donne les résultats obtenus ainsi que leur niveau de significativité.

N° carte	STATION	Hnb	Ho	A	Fis	sigificativité
1	Mare (Castanet le Haut)	0,73	0,59	7,33	0,19	***
2	Mare (Castanet le Haut)	0,79	0,64	7,67	0,19	***
3	Gravezon (Joncel)	0,62	0,50	6,67	0,19	***
4	Gravezon (Joncel)	0,63	0,58	7,67	0,09	*
5	Gravezon (Joncel)	0,65	0,52	5,50	0,21	**
6	Pisciculture Babeau (souche Gravezon)	0,40	0,46	3,17	-0,14	**
7	pisciculture Isère	0,66	0,64	6,33	0,04	ns

Tableau 3 : Paramètres populationnels donnant des informations sur le polymorphisme (entêtes orange), et la panmixie (entêtes bleues). ns = non significatif (=population en panmixie), *, ** et *** = niveau de significativité ou de sûreté de l'écart à la panmixie.

Les Fst mesurent la différenciation génétique entre populations prises deux par deux (Tableau 4).

STATION	N° carte	1	2	3	4	5	6	7
Mare (Castanet le Haut)	1	0	0,04	0,05	0,05	0,04	0,16	0,23
Mare (Castanet le Haut)	2		0	0,13	0,11	0,10	0,27	0,18
Gravezon (Joncel)	3			0	0,05	0,03	0,07	0,29
Gravezon (Joncel)	4				0	-0,01	0,15	0,31
Gravezon (Joncel)	5					0	0,13	0,28
Pisciculture Babeau (souche Gravezon)	6						0	0,43
pisciculture Isère	7							0

Tableau 4 : Matrice triangulaire des F_{st} par paire d'échantillon. Seules les comparaisons en vert ne sont pas significatives (=les deux échantillons comparés sont identiques). Toutes les autres comparaisons concluent à des différences génétiques réelles entre échantillons testés. Les valeurs en orange moyen désignent des paires hautement significatives (** = à 99%) et en orange sombre les comparaisons très hautement significatives (***) = à 99,9%).

5. Interprétation - discussion

Deux questions récurrentes méritent des commentaires.

5a. Impact des repeuplements en truites de pisciculture.

Les analyses génétiques ne sont possibles que par comparaison des truites de rivière, de nature inconnue (celles qui font l'objet de cette étude), avec les truites de référence connue. Toutefois, si une autre souche inconnue a été utilisée dans la zone étudiée, les estimations seront faussées sans que nous le sachions.

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 Isère" qui élève la **souche domestique nationale atlantique**.

Dans notre étude, le Tableau 2 nous indique que la souche domestique atlantique n'est presque pas présente dans la région (on en a vu 9% dans le Gravezon, au niveau de Joncel, en 2010, pas plus tard).

Autre objet d'étude, plus délicat, est la **souche de Babeau**. En fait, le terme de "souche" n'est pas correct parce que les géniteurs ont tous été capturés dans la nature (très probablement dans le Gravezon, d'après les résultats de l'analyse moléculaire). Une souche est plutôt une lignée entretenue en pisciculture, utilisant la production de la génération précédente pour servir de géniteurs de génération suivante, avec très peu d'apport extérieur. Dans ce cas, la "souche" se différencie lentement de la population d'origine.

Toutefois, il faut bien considérer la production de Babeau comme domestique car produite artificiellement, bien que quasiment identique aux truites sauvages du Gravezon (voir Figures 2 à

4). Il n'est donc pas possible de reconnaître l'impact de Babeau dans le Gravezon lui même. Par contre, comme observé dans le rapport ORB5, toute truite de type Gravezon observée dans la Mare peut être considérée comme issue de Babeau. D'après le Tableau 2, les échantillons pris en compte nous montrent que cet apport était négligeable en 2012 (8%) mais devient prépondérant en 2014 (45%). C'est un phénomène à suivre dans le temps et à mettre en rapport avec la quantité annuelle de boîtes Vibert déposées en amont de Castanet le Haut.

5b. Structure des peuplements naturels

En faisant abstraction de l'impact des repeuplements, alevins ou œufs, la composition en lignées naturelles des truites étudiées fait apparaître deux types sauvages (Tableau 2). Ces types génétiques différenciés, baptisés Mare et Gravezon, ont déjà été observés dans les rapports précédents. Cela n'est pas surprenant et confirme l'extrême sédentarité des truites méditerranéennes.

5c. Autres questions

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

Le Tableau 3 fait apparaître des **déséquilibres panmictiques** dans tous les échantillons naturels. Les repeuplements peuvent expliquer ce phénomène car les truites de pisciculture, que ce soit de Cauteret (atlantiques) ou de Babeau (locale) sont génétiquement distinctes (Tableau 4, les deux échantillons de pisciculture, aux deux dernières colonnes, sont fortement différentes de toutes les populations sauvages). C'est une explication évidente pour l'échantillon de 2014 de la Mare, plus difficile à accepter pour l'échantillon de 2008 qui n'a que 8% de truites de Babeau. Il n'est pas possible de discuter des échantillons du Gravezon: l'impact de Babeau ne peut pas y être mesuré.

Le Tableau 3 nous donne une idée de la **diversité génétique** des échantillons analysés. La diversité génétique, mesurable par plusieurs paramètres: Hnb est une mesure recalculée pour éliminer l'effet de l'écart à la panmixie, Ho est l'observation directe de la diversité, A est aussi une observation directe en comptant le nombre de variants (= mutants) par marqueur. En nous basant sur Hnb qui est le marqueur le plus fidèle, il est clair que la diversité "normale" de la région est autour de 0,55 (entre 0,50 et 0,64), la souche domestiques atlantique étant légèrement plus polymorphe comme attendu (Hnb = 0,66).

La seule valeur surprenante est celle de la pisciculture de Babeau qui ne dépasse pas 0,4, ce qui est relativement faible. Il n'y a pas d'explication facile à ce phénomène puisque ces géniteurs ne sont que l'expression de la population où ils ont été prélevés (Gravezon sauvage: Hnb entre 0,62 et 0,65). Une hypothèse, très spéculative peut être proposée, difficile à vérifier: puisque les géniteurs de Babeau sont nés dans le Gravezon, toute sélection (= domestication) des œufs produits est impossible. Toutefois, une mortalité différentielle des géniteurs entretenus plusieurs années en milieu naturel peut avoir éliminé les individus incompatibles avec ces conditions artificielles (alimentation artificielle, peu de courant, promiscuité en bassin, manipulations, antibiotiques...). La diversité peut alors avoir été "écrémée" des individus pas assez rustiques.

Fait à Montpellier le 15 février 2015

6. Références bibliographiques

- Berrebi, P., & Cherbonnel, C. (2009). *Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme Genesalm - tome 1 - version du 15 décembre 2009*: Université Montpellier 2, rapport de contrat du projet Genesalm, 22p. ([GSALM2](#))
- Berrebi, P., & Cherbonnel, C. (2011). *Caractérisation génétique des truites de l'Orb (Bouissou et Gravezon) - Campagne 2010*: Rapport d'analyses pour la Fédération de Pêche de l'Hérault. Université Montpellier 2. ([ORB2](#))
- Berrebi, P., & Shao, Z. (2013). *Composition génétique des truites des cours d'eau Gravezon, Rongas et Mare (Hérault 34) - Campagne de pêche 2012 - Projet ORB4 - Rapport de mars 2013*: Université Montpellier 2. ([ORB4](#))
- Berrebi, P., & Schikorski, D. (2014). *Composition génétique des truites de l'Hérault (34) - Campagne de pêche 2013: Orb et Gravezon - Projet ORB5*: Rapport d'étude pour la FD34, Université Montpellier 2. ([ORB5](#))
- Bohling, J., Shao, Z., Haffray, P., & Berrebi, P. (soumis 2014). Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France.