

Composition génétique des truites du Vrin et de l'Armaçon (département de l'Yonne)

Rapport YON2



Le Vrin

© <http://jfbb89330.canalblog.com/>

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. Une zone à truites très majoritairement naturelles montre, si les populations sont en bonne santé démographique, que tout alevinage est inutile. Une population essentiellement domestique à la limite aval de la zone salmonicole a probablement besoin d'un maintien de l'alevinage. Chaque population analysée doit être considérée différemment.

Les analyses effectuées sur les truites des affluents de l'Yonne (rivières Vrin et Mélisey) à la suite des pêches de 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 ces rivières, 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'Yonne (FD89) lors des pêches électriques de juillet et septembre 2014. Un total de 40 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 17 novembre 2014. Jean-Louis Clère est le correspondant de la FD89 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 un échantillon domestique. L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.



Figure 1 : Répartition géographiques des deux échantillons analysés dans le présent rapport (chiffres rouges) et des échantillons de référence (chiffres bleus). Les numéros de stations renvoient à la première colonne du Tableau 1.

N° carte	Station	Réseau hydrographique	Nombre	Date	RAPPORT	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Vrin	Yonne-Seine	6	08/09/2014	ce rapport	L638	T27603-T27622
2	Mélisey	Armançon-Yonne-Seine	20	10/07/2014	ce rapport	L639	T27623-T27642
3	Tholon	Yonne-Seine	20	01/09/2013	GT-YON1	L355	T25762-T25781
4	Cure	Yonne-Seine	20	01/07/2013	GT-YON1	L340	T25722-T25741
5	Trinquelin	Cousin-Cure-Yonne-Seine	20	01/09/2012	GT-YON1	L344	T25742-T25761
6	domestique	Isère	30	2008	GSALM2	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés lors de la présente étude (en jaune). Ont été rajoutés des échantillons de référence (bas du tableau) dont un échantillon de pisciculture (en gris).

3. Méthodes

3a. Méthodes moléculaires

Chaque truite a été génotypée (détermination des deux allèles provenant de ses deux parents) au niveau de 12 locus microsatellites (Oneμ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438, Sf01, Ssa197, Omm1105, SSoSI-417, Str591, et StrBS 131).

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'Assignment** (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). K est automatiquement déterminé par la méthode d'Evanno grâce au logiciel en ligne STRUCTURE HARVESTER, mais les autres valeurs de K peuvent aussi être explorées.

- 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).

Globalement cette analyse met en relief l'absence de truites domestiques dans les rivières (à l'exception des deux truites du Vrin désignées par les flèches rouges), et la différenciation limitée des truites sauvages. La population du Mélisey semble la plus distincte. L'analyse d'assignation qui suit va pouvoir chiffrer ces différences.

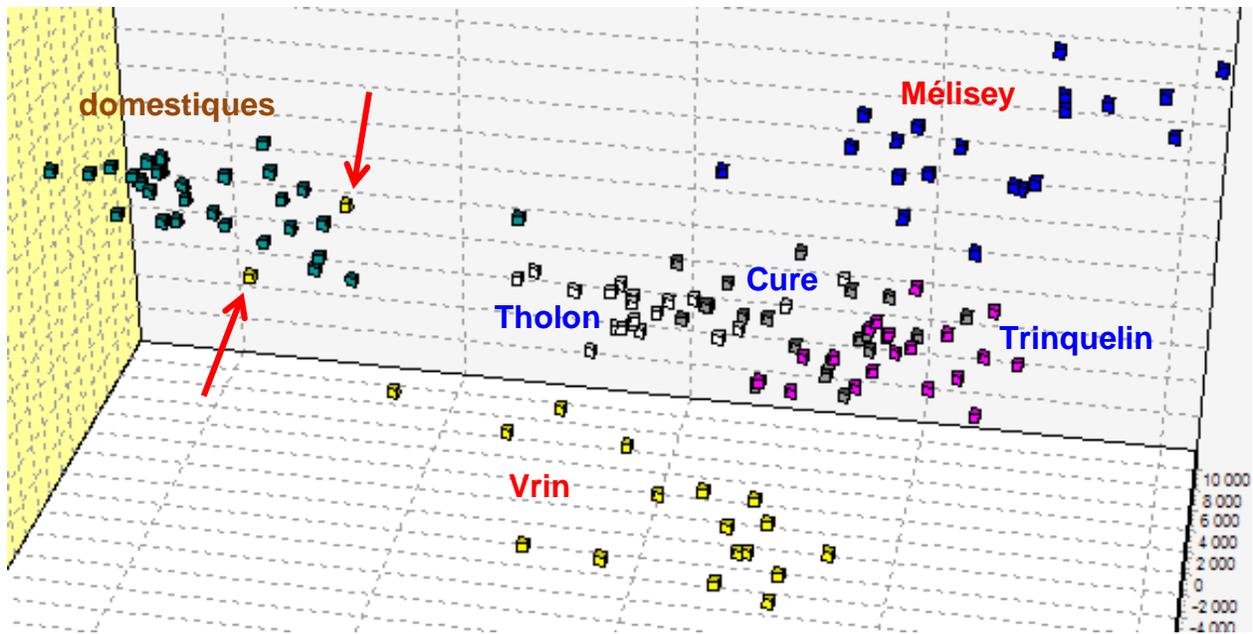


Figure 2 : Positionnement de toutes les truites génotypées (de la présente étude et des échantillons de référence) dans un hyperspace dont le graphique présente une version simplifiée à deux dimensions.

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=5, mais les autres valeurs de K peuvent aussi être explorées.

Ici 50000 runs de préchauffage (burn'in) ont été pratiqués suivis de 100000 runs d'affinage. K a été testé de 1 à 7 avec 5 tests pour chaque valeur de K.

La Figure 3 donne l'histogramme obtenu pour K=4, plus informative que pour K=5 (où seules les localités de la Cure sont réunies, Figure 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.

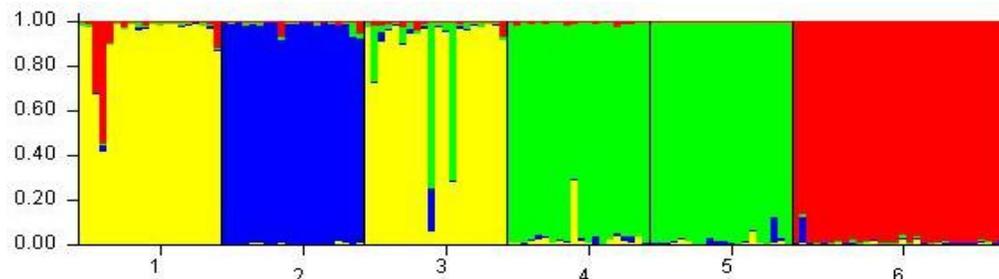


Figure 3 : Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'histogramme coloré. Les couleurs sont distribuées au hasard aux K sous unités détectées. Chaque truite est représentée par une fine ligne verticale. Les numéros des échantillons sont ceux du Tableau 1.

La Figure 4 décrit les différentes étapes d'assignation selon que le logiciel découpe en 2 sous-unités et jusqu'à 6. Elle nous indique que Mélissey (échantillon 2) est bien le plus distinct des autres et que les ressemblances correspondent à la géographie: Vrin avec Tholon, Cure avec Trinquelin.

	K=2	K=3	K=4	K=5	K=6
				1	1
			1+3		
				3	3
	1+3+4+5	1+3+4+5			
					4
			4+5	4+5	
					5
		2	2	2	2
	2+6				
		6	6	6	6

Figure 4 : Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'arbre montrant l'évolution des subdivisions entre K=2 et K=6. On remarque que la Cure (échantillons 4 et 5) forme l'ensemble le plus homogène. On remarque que le ruisseau de Mélissey diverge très vite des ensembles Vrin-Tholon et Cure. Le rapprochement 2+6 n'a pas de sens biologique.

N° carte	Station	Tholon	Armançon	Cure	domestique
1	Vrin	93	1	1	6
2	Mélissey	1	97	1	1
3	Tholon	87	2	10	1
4	Cure	3	1	95	1
5	Trinquelin	1	1	97	0
6	domestique	1	1	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 type génétique trouvé dans le Vrin a été nommé Tholon en référence au rapport GT-YON1.

4c. Paramètres populationnels

L'échantillon du Vrin est en fait composé de 3 sous-échantillons: au niveau de Cézy, à la confluence avec l'Yonne (6 truites) de Précy-sur-Vrin (10 truites) et de St-Romain-le-Preux (4 truites).

Un test de Fst préalable a été pratiqué entre ces localités. Seule la comparaison Cézy-St Romain est non significative tandis que les autres comparaisons de Fst sont significativement différentes de zéro. Globalement les truites sont génétiquement hétérogènes entre les trois stations de capture. Cependant, ces différences sont négligeables par rapport à la structure montrée par assignation (Figure 3): le Vrin apparaît en jaune uniforme, seule une légère introgression domestique y est observée. Le Vrin peut donc être traité comme un seul échantillon.

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.

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.

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

N° carte	Station	Hnb	Ho	A	Fis	significativité
1	Vrin	0,67	0,62	7,83	0,08	**
2	Mélisey	0,49	0,46	3,92	0,05	ns
3	Tholon	0,64	0,57	6,50	0,12	***
4	Cure	0,62	0,60	6,08	0,05	ns
5	Trinquelin	0,52	0,48	4,33	0,06	ns
6	domestique	0,67	0,67	6,25	0,00	ns

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

N° carte	Station	1	2	3	4	5	6
1	Vrin	0	0,23	0,13	0,13	0,18	0,13
2	Mélisey		0	0,23	0,22	0,29	0,22
3	Tholon			0	0,07	0,13	0,14
4	Cure				0	0,08	0,12
5	Trinquelin					0	0,19
6	domestique						0

Tableau 4 : Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. Toutes les comparaisons sont significatives: aucun échantillon n'est identique à un autre. Les couleurs des cellules (blanc, jaune, orange) indiquent le niveau de différenciation. Cela révèle que les échantillons les plus proches sont Tholon, Cure et Trinquelin (en blanc) et que Mélisey est le plus différencié (orange).

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". 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, les populations de la zone étudiée sont quasiment sauvages: on ne trouve que l'échantillon du Vrin qui soit introgressée à 6% par la lignée domestique commerciale. L'analyse multidimensionnelle nous signale bien deux truites fortement domestiques (flèches rouges, Figure 2). Une consultation des chiffrages individuels de l'analyse d'assignation (non montré ici) nous indique que les truites 3 et 4 du Vrin (étiquettes FD89-03 et FD89-04), de la station Cézy, à la confluence avec l'Yonne, présentaient respectivement 42 et 74% de gènes domestiques (correspondant approximativement aux stades F1 et backcross de l'hybridation).

5b. Structure des peuplements naturels

En faisant abstraction de l'impact des repeuplements en truites domestiques, la composition en lignées naturelles des truites étudiées fait apparaître 3 lignées locales, celle nommée Tholon (= Tholon + Vrin) et celles nommée Cure (= Cure + Trinquelin) qui sont génétiquement relativement proches entre elles (Figure 4); puis la forme Armaçon (= Mélisey) bien distincte.

Il est remarquable de constater la forte différenciation génétique entre chaque échantillon (Tableau 4), et même entre sous-échantillons d'une même rivière, ce qui explique le déséquilibre panmictique (= toutes les truites ne fréquentent pas la même aire de fraie, Tableau 3) de l'échantillon Vrin (formé de 3 sous-échantillons) et même du Tholon constitué de 3 sous-échantillons aussi (voir page 10 du rapport GT-YON1).

La structure génétique régionale des truites est cohérente avec celle du réseau hydrographique: le type Tholon est ramassé entre les affluents Tholon et Vrin, le type Cure inclue les échantillons Cure et Trinquelin (affluent du Cousin); enfin l'Armaçon semble relativement isolé.

5c. Autres questions

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

Ainsi la **sédentarité des truites de l'Yonne** est poussée à l'extrême: quasiment chaque affluent semble avoir sa propre lignée différenciées, et les rivières Tholon et Vrin, échantillonnées en plusieurs endroits, montre une certaine hétérogénéité sur seulement 10km (Vrin) ou même 5km (Tholon), avec un obstacle infranchissable au milieu il est vrai.

Le **polymorphisme génétique** (ici mesuré avec les trois premiers paramètres en orange du Tableau 3) est considéré comme proportionnel aux capacités d'une population de plantes ou d'animaux à résister à une modification du milieu. C'est donc une garantie de survie. Ici le Mélisey est le moins polymorphe (le Trinquelin également). C'est pour cela qu'on considère que les petites populations (petites en étendue ou en densité) sont plus fragiles que les grandes.

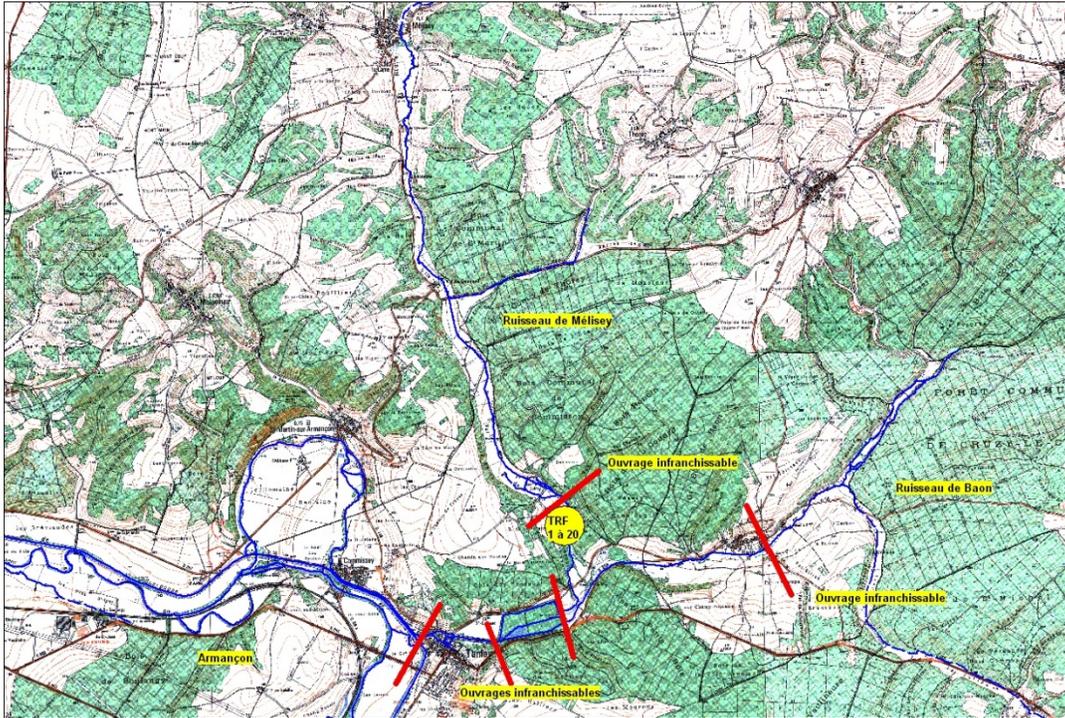
La **panmixie** est un équilibre observé dans les populations homogènes dont les membres se reproduisent sur la même aire de ponte ou sur plusieurs aires proches. On dit que toutes les truites y ont la même chance de se croiser avec n'importe quelle autre. Cette panmixie est mesurée par le paramètre Fis (Tableau3). Il nous prévient de tout désordre dans la population. Seules les populations Vrin et Tholon sont en déséquilibre panmictique (Fis hautement significatif ** et très hautement significatif *** respectivement): toutes les truites ne fréquentent pas la même aire de ponte. C'est la constitution de ces échantillons qui peut expliquer cette anomalie: l'échantillon Vrin est formé de 3 sous-échantillons tout comme celui du Tholon (voir page 10 du rapport GT-YON1).

Fait à Montpellier le 24 février 2015

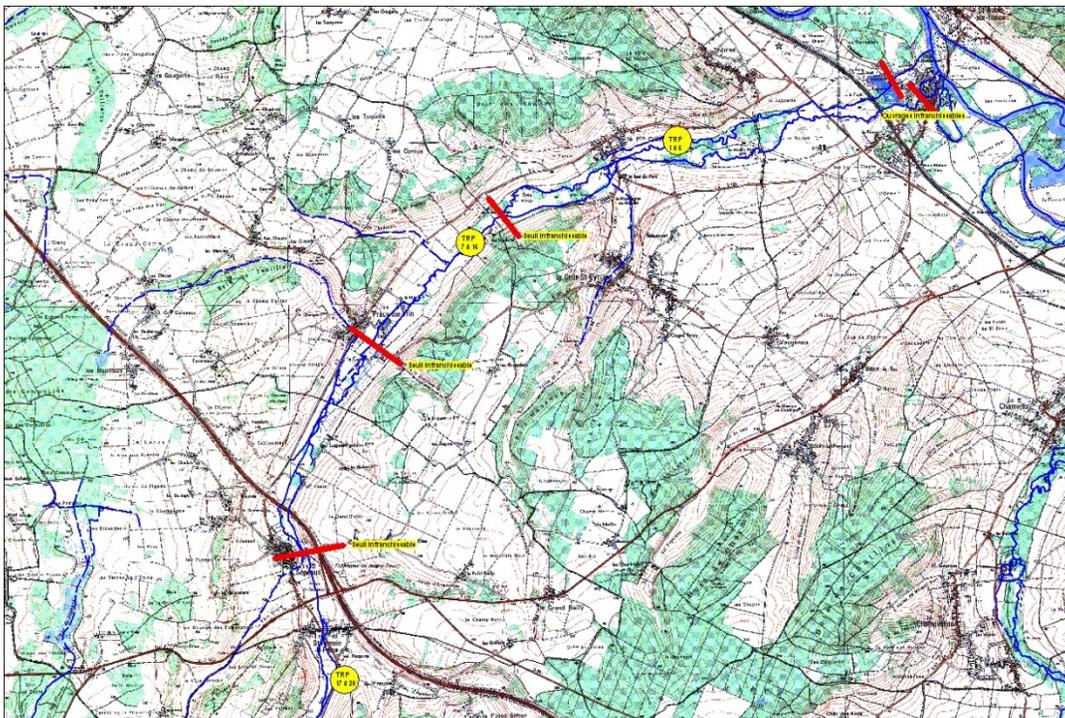
6. Références bibliographiques

- 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., 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](#))
- Bohling, J., Shao, Z., Haffray, P., & Berrebi, P. (soumis 2014). Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France.

7. Annexes



Annexe 1 : Localisation précise du lieu de capture des 20 truites du Mélisey par rapport aux nombreux obstacles infranchissables qui l'isolent vis-à-vis de l'amont et de l'Armançon.



Annexe 2 : Echantillonnage et infranchissables sur le Vrin à proximité de sa confluence.

Annexe 3 : Types morphologiques des deux rivières étudiées



Truite du Vrin à Saint Romain



Truite du Mélisey