

Composition génétique des truites de l'Aquialne (département du Loiret)

Rapport GT-LOIRET2



© FD45

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. Deux populations naturelles génétiquement distinctes, même voisines, même amont/aval d'une rivière, ne devraient pas subir de translocation (à l'occasion de pêche de sauvetage par exemple). 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 de l'Aquiaulne fournissent ces données de base nécessaires à la gestion adaptée de ces populations. Les diverses analyses statistiques appliquées ici donnent une première description de cette population. Cette analyse doit être intégrée au dernier rapport du projet GENETRUTTA qui a pour objectif de décrire la structure génétique de la truite sur tout le territoire national. Le choix de cette station permet de combler un peu un « grand trou central » dans la carte génétique de *Salmo trutta* du bassin de la Loire. La pertinence du choix de l'Aquiaulne est dans la nature hydrographique et éventuellement génétique de la station. En effet, quelques petits cours d'eau autour de Gien sont des affluents directs de Loire descendant des coteaux de la Sologne ou de la partie berrichonne du Val de Loire, ils sont donc quelques peu éloignés géographiquement et typologiquement des grands axes Vienne, Creuse, Cher, Loir, Indre, ou même Allier. L'Aquiaulne se trouve dans une zone considérée comme non salmonicole dans la précédente synthèse (GSALM2).

Il n'y a jamais eu d'activités de pêches associatives sur cet affluent, ni d'association agréée (AAPPMA), ni d'amicale ou de groupement de riverains. Il n'y a donc pas eu de repeuplement, ni de déversement de poissons pendant de longues décennies (un des riverains qui a un long linéaire en propriété a déclaré avoir déversé 6 truites fario adultes il y a 35 ans sur le secteur de pêche. Ces poissons venaient d'une pisciculture du Cher...). Pour autant, on pouvait s'interroger sur la nature des truites de ce cours d'eau si longtemps oubliées ou inconnues par les services de l'état et les gestionnaires des milieux aquatiques.

2. Echantillonnage

L'échantillonnage des truites analysées ici a été constitué par la Fédération Départementale pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique du Loiret (FD45) lors de la pêche électrique de septembre 2014. Un total de 20 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 4 février 2015. Laurent Delliaux est le correspondant de la FD45 auprès de l'ISEM.

La composition et les caractéristiques des échantillons sont présentées au Tableau 1: au nouvel échantillon ont été rajoutés, pour comparaison, des échantillons de truites de rivières

géographiquement proches déjà analysés dans le passé et un échantillon domestique. La distribution géographique des stations est précisée à la Figure 1. L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.



Figure 1 : Répartition géographiques des échantillons du bassin de la Loire (en rouge) disponibles à l'ISEM et analysés aux 12 microsattellites nécessaires pour GENETRUTTA. Dans le présent rapport, une partie seulement de ces données (stations numérotées) va être exploitée à titre de comparaison avec l'Aquiaine (en jaune). Les numéros de stations et les détails techniques sont donnés au Tableau 1.

N° carte	Station	ss bassin	Dépt	Date	Nbre	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus	Rapport
1	Aquiaine	Loire	45	24/09/2014	20	L641	T27062-T27081	GT-LOIRET2
2	Petite Sauldre	Cher	18	16/06/2011	20	L404	T20045-T20064	GT2013
3	Thironne	Loir	28	10/06/2013	26	L187	T25043-T25068	GT-EetL
4	Rémillon	Vienne	37	08/10/2014	20	L637	T27583-T27602	GT-I&L
5	pisciculture	38	38	2008	30	L266	T16926-T16955	GSALM2

Tableau 1 : Caractéristiques des échantillons analysés lors de la présente étude (en jaune). Ont été rajoutés des échantillons de référence 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, SSoSl-438, Sf01, Ssa197, Omm1105, SSoSl-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'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). 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.

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 (échantillon de la présente étude et échantillons de référence).

Ces échantillons, chacun provenant d'un affluent distinct de la Loire, montrent d'une part une absence de truites domestiques à l'exception du Rémillon (affluent de la Vienne) et d'autre part une parfaite indépendance génétique (nuages distincts) permettant d'affirmer qu'ils constituent chacun une lignée génétique distincte, caractéristique d'un isolement ancien (pas de migration entre ces stations).

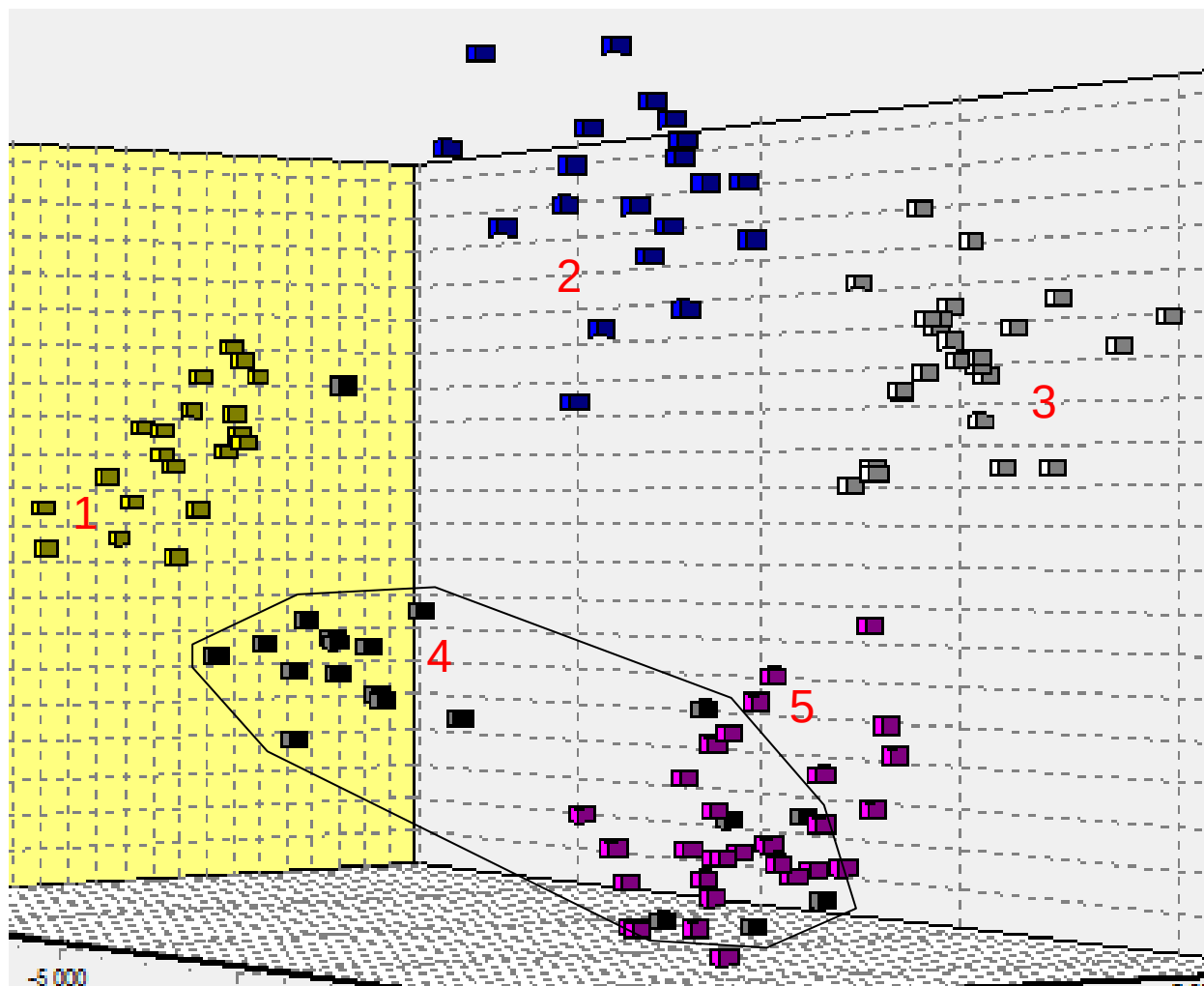


Figure 2 : Positionnement de toutes les truites génotypées (de la présente étude et des échantillons de référence) dans un hyperspace dont le graphique présente une version simplifiée à deux dimensions. Globalement cette analyse montre que chaque échantillon est génétiquement indépendant de tous les autres. L'Aquialune (échantillon 1) constitue donc une lignée distincte. D'autre part, seul l'échantillon 4 (le Rémillon, dans la Vienne) comprend des truites domestiques (enveloppe s'étirant jusqu'au nuage des truites domestiques = échantillon 5).

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=6, mais ce résultat étant aberrant, les autres valeurs de K ont donc été explorées pour arriver au meilleur résultat de K=5.

Ici 100000 runs de préchauffage (burn'in) ont été pratiqués suivis de 200000 runs d'affinage. K a été testé de 1 à 7 avec 3 tests pour chaque valeur de K.

La Figure 3 donne l'histogramme obtenu pour K=5. 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.

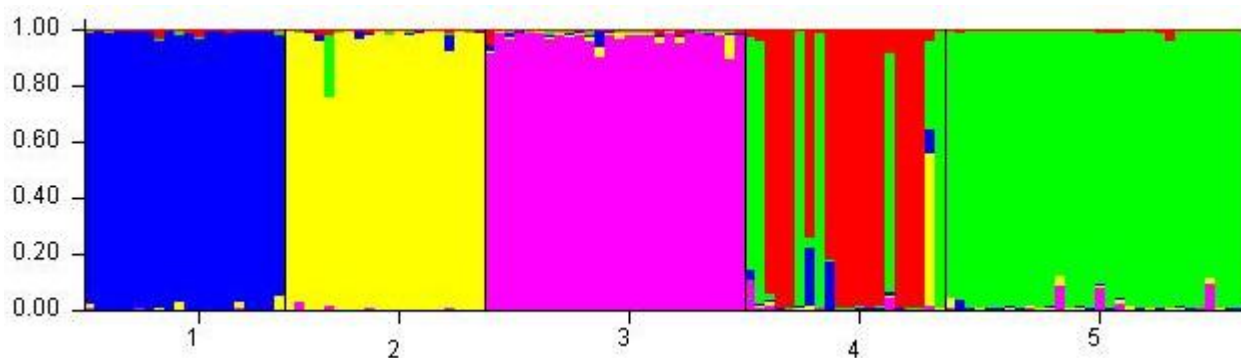


Figure 3 : Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'histogramme coloré. Les couleurs sont distribuées au hasard aux K (5) sous unités détectées. Chaque truite est représentée par une fine ligne verticale. Les numéros des échantillons sont ceux du Tableau 1.

N° carte	Station	SS bassin	Aquialune	Cher	Loir	Vienne	domestique
1	Aquialune	Loire	98	1	1	1	1
2	Petite Sauldre	Cher	1	97	1	1	2
3	Thironne	Loir	1	1	97	1	1
4	Rémillon	Vienne	3	3	1	63	30
5	pisciculture	38	0	1	1	1	97

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 entêtes sont celles de la Figure 3.

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.

N° carte	Station	SS bassin	Hnb	Hobs	A	Fis	Signif.
1	Aquialune	Loire	0,66	0,69	4,75	-0,06	ns
2	Petite Sauldre	Cher	0,50	0,49	5,08	0,02	ns
3	Thironne	Loir	0,58	0,59	4,83	-0,01	ns
4	Rémillon	Vienne	0,68	0,61	6,75	0,11	***
5	pisciculture	38	0,67	0,67	6,17	0,00	ns

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

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 panmictique (reproduction au hasard entre tous ses membres, donc présence d'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.

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 toutes indemnes de présence domestique à l'exception du Rémillon (affluent de la Creuse dans le département de l'Indre et Loire qui présente 6 ou 7 truites domestiques nées en pisciculture = 30%). Comme attendu (pas d'alevinage connu), l'Aquiaulne est bien peuplé de truites sauvages naturelles.

5b. Structure des peuplements naturels

Il est remarquable de constater que dans la zone étudiée (Aquiaulne, Cher, Loir, Vienne), les rivières choisies par les gestionnaires à la recherche de populations naturelles étaient toutes effectivement peuplées de truites sauvages. Même le Rémillon (Indre et Loire) n'est pas hybridé avec la forme domestique, mais c'est une présence de truites nées en pisciculture (100% domestiques) qui a été détectée et probablement destinées à ne pas se reproduire.

5c. Autres questions

D'autres questions intéressantes peuvent être abordées grâce aux données obtenues. Ainsi la diversité génétique de l'Aquiaulne ($H_{nb}=0,66$, Tableau 3) peut être considérée comme élevée, presque autant que celle de la souche domestique, connue pour être très polymorphe (mélanges d'origines à la création de la souche). C'est un signe de bonne santé et de capacité à résister aux variations climatiques. Le F_{is} non significatif (Tableau 3) nous indique que tous les membres de la population se croisent au hasard: il n'y a ni introduction, ni perturbation des reproductions.

On dit qu'une telle population est à l'équilibre. Il convient donc de lui épargner pêche excessive et alevinage...

Fait à Montpellier le 26 mars 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. 22p. ([GSALM2](#))

Berrebi P. 2013. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Rapport de juillet 2013 - 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 microsatellites) - Programme GT-EetL - Rapport d'août 2013: Rapport pour la FD28, Université Montpellier 2. 7p. ([GT-EetL](#))

Berrebi P, Schikorski D. 2015. Etude génétique des truites d'Indre-et-Loire - le Calais (Indre) et le Rémillon (Creuse) dans le cadre du projet national Genetrutta - Rapport GT-I&L: Rapport d'étude pour la FD37, Université de Montpellier, 13p. ([GT-IetL](#))

Bohling J, Shao Z, Haffray P, and Berrebi P. soumis 2015. Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France. *Aquaculture*.

7. Annexes photographiques



Type morphologique des truites de l'Aquiaulne (©FD45).



L'Aquiaulne