

# Analyse génétique de truites sur 15 sites en Corse les 4 stations de 2015

Projet OEC2015



*Truite méditerranéenne d'Acqua d'Acelli (OEC32, 2013) © S. Muracciole*

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI  
Institut des Sciences de l'Evolution, Université de Montpellier2  
Tél: 04 67 14 37 32, Mél: [patrick.berrebi@umontpellier.fr](mailto:patrick.berrebi@umontpellier.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](mailto:d.schikorski@genindexe.com)



## 1. Introduction

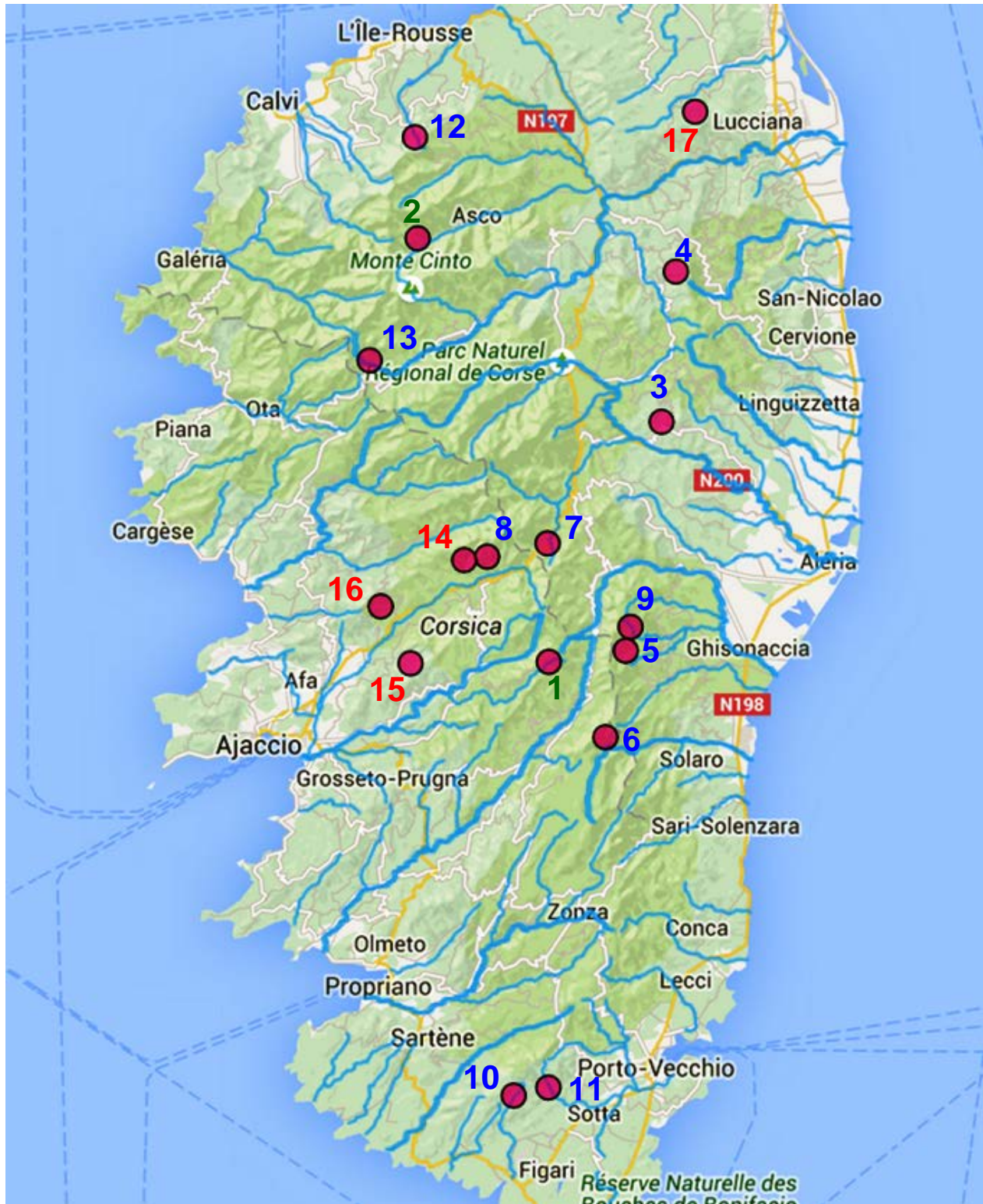
La gestion raisonnée des truites de nos rivières nécessite de pouvoir distinguer d'une part les truites sauvages des domestiques issues d'alevinages, et d'autre part les différentes lignées génétiques naturelles d'une région. Cette description de la structure génétique des truites est un outil nécessaire 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 de Corse (fleuves Gravona et Bevincu) à la suite des pêches de juin 2015, fournissent ces données de base nécessaires à la gestion adaptée de ces populations. Les 4 stations échantillonnées en 2015 font partie du projet 2013-2015 avec les 5 stations de 2013 et les 6 de 2014. 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 du Corse (FD20) lors des pêches électriques de juin 2015. Un total de 80 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 8 juillet 2015. Stéphane Muracciole est le correspondant de la FD20 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 2015 ont été rajoutés pour comparaison les échantillons 2013 et 2014, ainsi que des truites de référence de lignée méditerranéenne et domestique atlantique nationale (ici une pisciculture commerciale d'Isère). L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.



**Figure 1** : Répartition géographique des 4 échantillons analysés dans le présent rapport OEC2015 (numéros rouge), dans les rapports OEC2013 et OEC2014 (en bleu) ainsi qu'un échantillon de référence méditerranéen analysé dans le rapport OEC2012 (en vert). Les numéros de stations et les détails techniques sont donnés au Tableau 1.

N° carte	Station	Bassin	Date	Nb	N° liste	type génétique	N° ISEM d'échantillon	N° ISEM d'individus	Rapport
1	Val d'Ese	Prunelli	01/05/2004	20	LIF03+GT.085	AD	F309	T08054-T08073	LIFE01
2	Tassineta (aval)	Golu	19/07/2012	19	OEC27+GT.089	ME	L513	T23311-T23329	OEC2012+GT2014+GOLU2014
3	Casilla (Salicetu)	Tavignanu	25/06/2013	21	OEC29	AT	L061	T25131-T25151	OEC2013
4	Ochju (Saliata)	Golu	25/06/2013	20	OEC30	AT	L138	T25152-T25171	OEC2013+GOLU2014
5	I Pincioni	Abatescu	03/07/2013	20	OEC31	AT	L211	T25172-T25191	OEC2013
6	Aqua d'Acelli	Travu	17/07/2013	20	OEC32+GT.091	ME	L230	T25192-T25211	OEC2013+GT2014
7	Agnone	Tavignanu	06/09/2013	22	OEC33	AT	L237	T25212-T25233	OEC2013
8	affluent Prunicia	Gravona	12/06/2014	21	OEC34	AT	L593	T26605-T26625	OEC2014
9	Albarelli	Fium'Orbu	20/06/2014	20	OEC35	ME	L594	T26626-T26645	OEC2014
10	Vivaggiu	Canella	09/07/2014	22	OEC36	AD	L595	T26646-T26667	OEC2014
11	Vitalbetu	Stabiacciu	09/07/2014	19	OEC37	AD	L596	T26668-T26686	OEC2014
12	Valdu alle grotte	Reginu	23/07/2014	22	OEC38	AT	L597	T26687-T26708	OEC2014
13	Pratelle	Golu	30/07/2014	21	OEC39	spécial	L598	T26709-T26729	OEC2014+GOLU2014
14	Fraschetu (Pentica)	Gravona	09/06/2015	20	OEC40	recherché	L559	T28369-T28388	OEC2015
15	Tassi (Peri)	Gravona	16/06/2015	20	OEC41	recherché	L560	T28389-T28408	OEC2015
16	Tacchione (Veru)	Gravona	23/06/2015	20	OEC42	recherché	L561	T28409-T28428	OEC2015
17	Capia Muratu	Bevincu	30/06/2015	20	OEC43	recherché	L562	T28429-T28448	OEC2015
18	pisciculture Isère	38	2008	30	GS-37	AT	L266	T16926-T16955	GSALM2

**Tableau 1** : Caractéristiques des échantillons analysés lors de la présente étude (en jaune).

Ont été rajoutés des échantillons du projet OEC 2013-2014: 2013 en bleu et 2014 en saumon.

Un échantillon du Life *Macrostigma* renforce la référence AD; un autre de l'étude OEC2012 renforce la référence méditerranéenne. Une référence domestique atlantique nationale a été ajoutée (en gris).

Colonne "type génétique": AD = lignée adriatique (corse ancestral); ME = méditerranéenne; AT = atlantique (d'origine domestique); spécial = inclassable parmi les 3 lignées connues. Cette terminologie est empruntée aux lignées mitochondriales.

Colonne "N° liste": numéro de l'échantillon lors de sa première analyse dans un grand projet: LIF = Life *Macrostigma*; GT = Genetrutta; GS = Genesalm; OEC2012 = OEC 2010-2012.

## 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). 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.

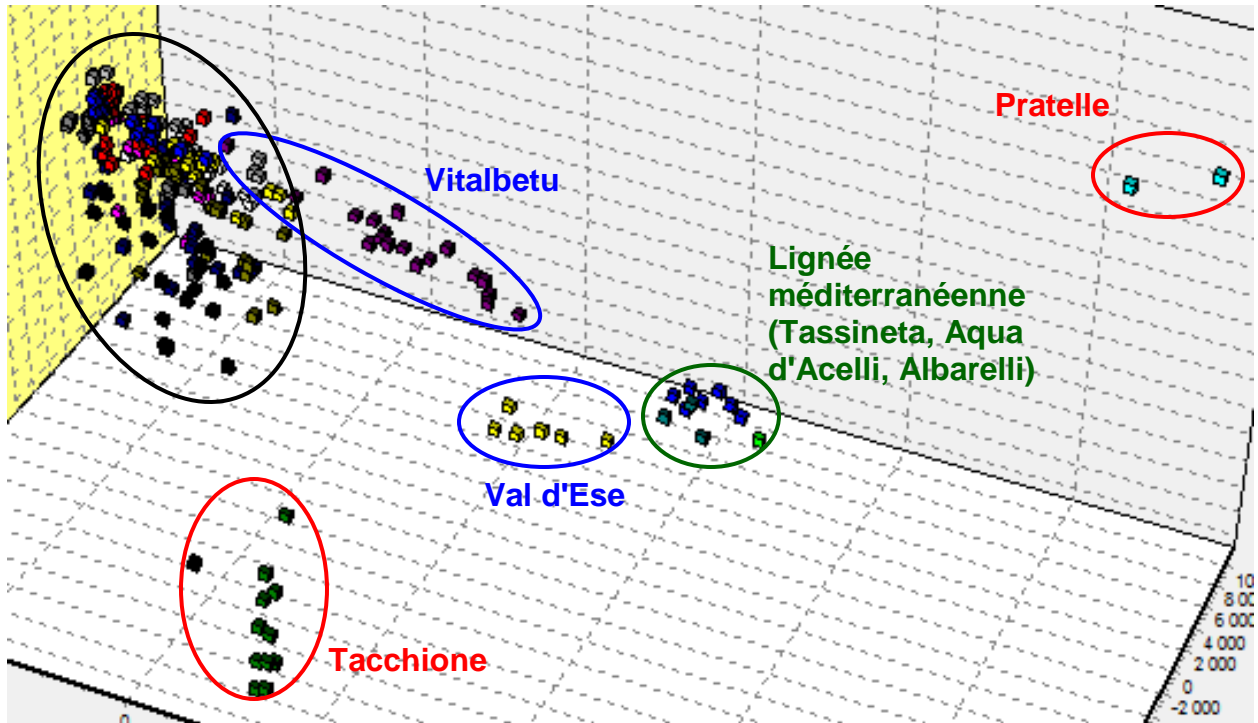
## 4. Résultats

### 4a. Analyse multidimensionnelle

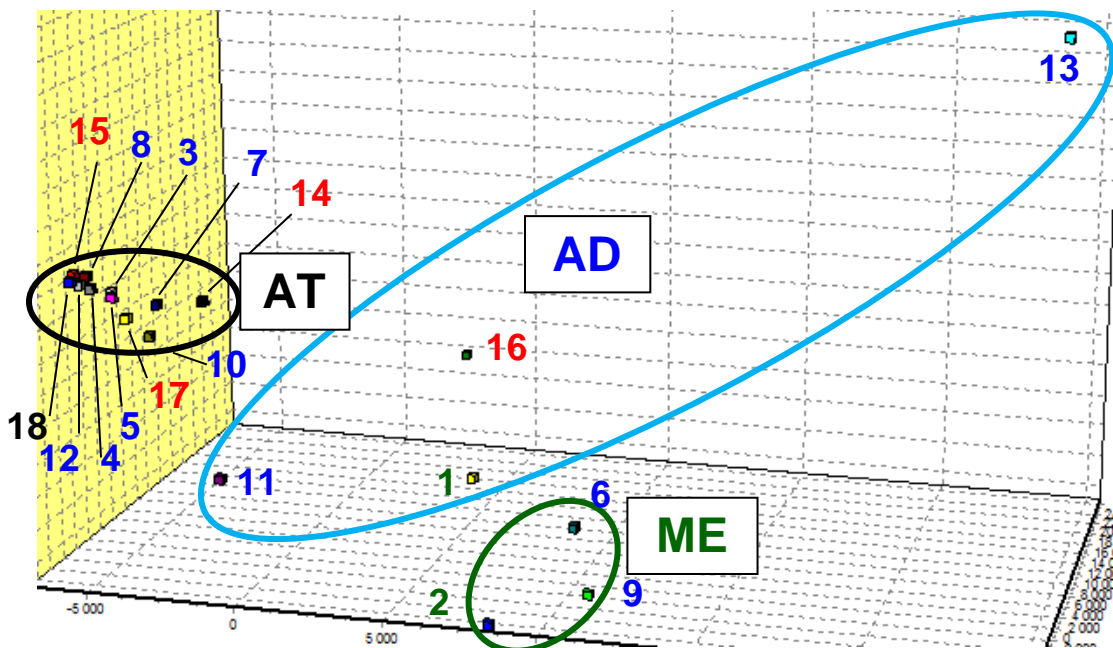
La Figure 2 positionne chaque truite (= un point) dans un hyperespace mathématique. Ce diagramme permet de voir les regroupements (= nuages) caractéristiques des types génétiques en présence dans l'échantillonnage total (échantillons de la présente étude et échantillons de référence).

Globalement, l'analyse présentée aux Figures 2a et 2b met en relief l'opposition entre l'homogénéité des nombreux échantillons essentiellement atlantiques domestiques (ellipse noire compacte en haut à gauche) et méditerranéens (ellipse verte compacte) et la diversité, la dispersion dans le graphique, des représentants de la corse (ellipses bleues). Comme déjà signalé dans d'autres études (GT2014, voir graphique en annexe), la lignée corse (ou AD selon l'ADN mitochondrial) présente plus de diversité entre ses localités ou ses bassins, qu'entre .chacune des grandes lignées ME et AT, ce qui explique la difficulté à la reconnaître.

L'analyse d'assignation qui suit devrait apporter une vision plus claire de la situation.



**Figure 2a :** 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.



**Figure 2b :** Même analyse mais seuls les centre de gravité des échantillons sont positionnés. Ils sont indiqués par les numéros et les couleurs de la première colonne du Tableau 1. Trois zones apparaissent: AT, AD et ME. Si ce classement est exact, seule la station 16 de 2015 (Tacchione) serait sauvage, les trois autres seraient domestiques atlantiques.

*L'échantillon Vivagiu (station 10) pose problème: il est clairement dans ou proche des atlantiques, pourtant le rapport OEC2014 le décrit comme 93% corse et 6% atlantique. Il s'agit très probablement d'une population hbridée (des alevinages y ont été pratiqués)*

#### **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.

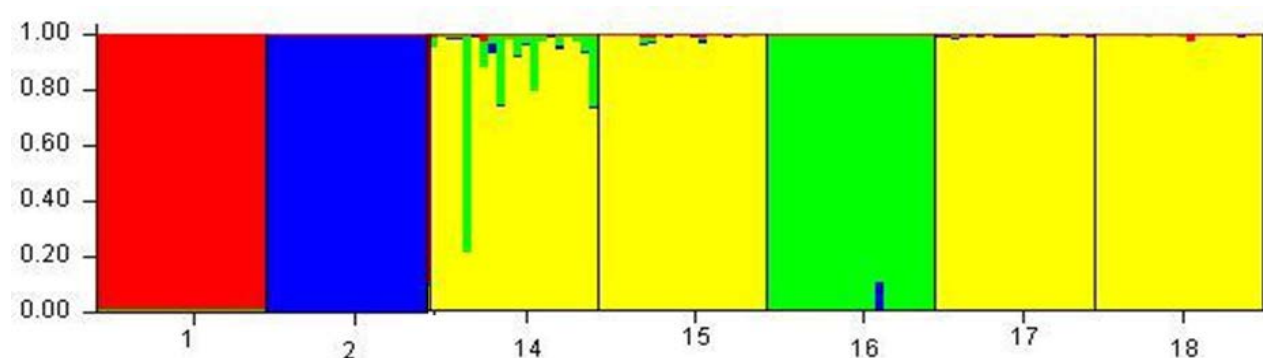
La prise en compte des 18 échantillons du Tableau 1 posant des problèmes de stabilité des résultats, une analyse plus retrainte a été faite (les 4 échantillons de 2015 et 3 échantillons de référence).

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 5 tests pour chaque valeur de K.

Le logiciel d'aide à la décision, STRUCTURE HARVESTER, donne les probabilités de K presque identiques pour 2, 4 et 6. K=4 est le plus informatif.

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.

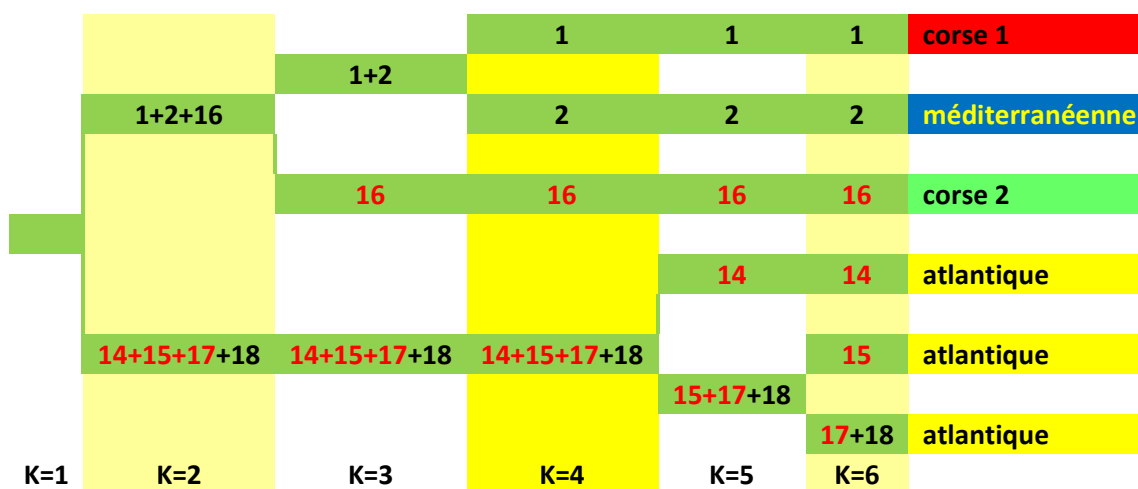
Le Tableau 2 transpose l'histogramme coloré en pourcentages et la Figure 4 en arborescence.



**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.*

N° carte	Station	corse 1	médit.	corse 2	atlant.
1	Val d'Ese	99	0	0	0
2	Tassineta (aval)	0	99	0	0
14	Fraschetu (Pentica)	1	1	10	89
15	Tassi (Peri)	0	0	0	99
16	Tacchione (Veru)	0	1	99	0
17	Capia Muratu	0	0	0	99
18	pisciculture Isère	0	0	0	99

**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.*



**Figure 4** : Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'arbre permettant de comprendre les proximités entre échantillons.

Grâce aux échantillons de référence AD, ME et AT, les 4 localités échantillonnées sont clairement placées parmi les truites ancestrales corses (Tacchione, échantillon 16 ou OEC42) mais surtout parmi les truites domestiques atlantiques (les trois autres échantillons).

Ceci confirme exactement les résultats de l'analyse multidimensionnelle (Figure 2) sauf pour un échantillon hybridé correctement déterminé par l'analyse d'assignation. En effet, seul l'échantillon du Fraschetu (échantillon 14 ou OEC40) présente encore 10% de forme naturelle de type ancestral corse.

#### 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 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.

Le Tableau 3 nous permet de remarquer deux situations extrêmes caractérisées par des valeurs particulières des paramètres populationnels: les populations sauvages ont une diversité faible ( $H_{nb}$  en rose) et sont en équilibre panmictique ( $F_{is}$  non significatif) tandis que les populations impactées par la lignée atlantique sont fortement polymorphes ( $H_{nb}$  en vert) et fréquemment en déséquilibre panmictique du fait des mélanges opérés ( $F_{is}$  significatifs).



N° carte	Station	Bassin	Hnb	Ho	A	Fis	signif.
1	Val d'Ese	Prunelli	0,15	0,18	2	-0,14	ns
2	Tassineta (aval)	Golu	0,15	0,12	1	0,16	ns
3	Casilla (Salicetu)	Tavignanu	0,73	0,68	7	0,06	ns
4	Ochju (Saliata)	Golu	0,42	0,24	3	0,44	***
5	I Pincioni	Abatescu	0,73	0,79	7	-0,08	(*)
6	Aqua d'Acelli	Travu	0,02	0,02	1	-0,03	ns
7	Agnone	Tavignanu	0,81	0,72	8	0,11	**
8	affluent Prunicia	Gravona	0,47	0,53	3	-0,12	ns
9	Albarelli	Fium'Orbu	0,00	0,00	1	0,00	ns
10	Vivaggiu	Canella	0,69	0,63	5	0,09	ns
11	Vitalbetu	Stabiacciu	0,57	0,45	4	0,21	**
12	Valdu alle grotte	Reginu	0,72	0,59	7	0,18	ns
13	Pratelle	Golu	0,04	0,04	1	-0,11	ns
14	Fraschetu (Pentica)	Gravona	0,68	0,61	5	0,10	*
15	Tassi (Peri)	Gravona	0,71	0,78	6	-0,11	(**)
16	Tacchione (Veru)	Gravona	0,21	0,17	2	0,22	ns
17	Capia Muratu	Bevincu	0,61	0,69	5	-0,14	(**)
18	pisciculture Isère	38	0,69	0,66	6	0,04	ns

**Tableau 3** : Paramètres populationnels de polymorphisme (entêtes orange), et de panmixie (entêtes bleues). ns = non significatif (=population en panmixie), \*, \*\* et \*\*\* = différents niveaux de significativité di Fis (ou de sûreté de l'écart à la panmixie). Valeurs en vert = élevées; valeurs en rose = faibles. Les astérisques entre parenthèses font référence à un autre phénomène: ces échantillons sont en excès significatifs d'hétérozygotes, difficile à interpréter (parmi les hypothèses, une sélection du milieu).

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

N° carte	Station	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1	Val d'Ese	0,00	0,80	0,51	0,69	0,52	0,86	0,46	0,66	0,90	0,53	0,62	0,54	0,88	0,54	0,57	0,75	0,62	0,57	
2	Tassineta (aval)		0,00	0,54	0,69	0,55	0,87	0,49	0,69	0,89	0,54	0,56	0,54	0,89	0,57	0,57	0,80	0,61	0,58	
3	Casilla (Salicetu)			0,00	0,31	0,09	0,59	0,08	0,20	0,61	0,20	0,29	0,11	0,59	0,16	0,13	0,49	0,14	0,10	
4	Ochju (Saliata)				0,00	0,31	0,76	0,27	0,51	0,79	0,30	0,50	0,33	0,78	0,38	0,36	0,66	0,38	0,29	
5	I Pincioni					0,00	0,61	0,06	0,21	0,63	0,18	0,29	0,15	0,61	0,19	0,14	0,49	0,13	0,12	
6	Aqua d'Acelli						0,00	0,54	0,74	0,99	0,61	0,71	0,59	0,96	0,62	0,63	0,84	0,67	0,64	
7	Agnone							0,00	0,23	0,56	0,13	0,26	0,12	0,55	0,10	0,12	0,39	0,15	0,11	
8	affluent Prunicia								0,00	0,75	0,37	0,42	0,25	0,73	0,33	0,24	0,63	0,27	0,22	
9	Albarelli									0,00	0,62	0,70	0,62	0,97	0,63	0,65	0,86	0,67	0,64	
10	Vivaggiu										0,00	0,29	0,25	0,62	0,23	0,24	0,50	0,27	0,21	
11	Vitalbetu											0,00	0,31	0,70	0,36	0,30	0,60	0,35	0,34	
12	Valdu alle grotte												0,00	0,61	0,21	0,10	0,52	0,14	0,11	
13	Pratelle													0,00	0,62	0,63	0,85	0,69	0,64	
14	Fraschetu (Pentica)														0,00	0,20	0,40	0,22	0,20	
15	Tassi (Peri)															0,00	0,52	0,13	0,11	
16	Tacchione (Veru)																0,00	0,58	0,54	
17	Capia Muratu																	0,00	0,12	
18	pisciculture Isère																			0,00

**Tableau 4** : Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillons. Toutes les comparaisons sont significatives (il n'y a pas deux échantillons génétiquement identiques). Les valeurs en jaune désignent des paires moins fortement différentes (Fst significatifs à 99% au lieu de 99,9%).

## 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 "atlantique nationale".

N° carte	Station	LIFE01	OEC2012	OEC2013	OEC2014	OEC2015
1	Val d'Ese	100% C				99% C
2	Tassineta (aval)		99% ME			99% ME
3	Casilla (Salicetu)			96% P1		AT
4	Ochju (Saliata)			95% P2		AT
5	I Pincioni			98% P1		AT
6	Aqua d'Acelli			99% ME		ME
7	Agnone			97% P1		AT
8	affluent Prunicia				98% AT	AT
9	Albarelli				99% ME	ME
10	Vivaggiu				93% C1	AT
11	Vitalbetu				90% C2	C
12	Valdu alle grotte				97% AT	AT
13	Pratelle				99% NEW	C
14	Fraschetu (Pentica)					10% C+ 89% AT
15	Tassi (Peri)					99% AT
16	Tacchione (Veru)					99% C
17	Capia Muratu					99% AT
18	pisciculture Isère					99% AT

**Tableau 5** : Récapitulatif des résultats obtenus lors des trois années d'analyse des truites de Corse (rapports OEC2013, OEC2014 et OEC2015). La détermination des grandes lignées génétiques ne pose pas de problème (C pour corse ancestrale =AD; ME pour méditerranéennes de Corse; AT pour atlantiques domestiques avec la nuance P1 spécifique à la Corse et P2 pour domestique nationale). Les pourcentages sont issus des analyses d'assignation, en absence de pourcentage, seule l'analyse multidimensionnelle a été utilisée.

Représentée en rouge dans le Tableau 5 ci-dessus, cette lignée se taille la part du lion dans l'échantillonnage 2015: elle a totalement remplacé la forme sauvage dans deux stations (Tassi et Capia Muratu) et représente près de 90% de la station du Fraschetu. Seule la station Tacchione en est indemne.

Dans les échantillonnages de 2013 et 2014, c'est ma même constatation: 4 sur 5 en 2013 et 3 sur 6 en 2014. Mais il ne faut pas en tirer d'enseignement statistique: après environ 200

échantillons prélevés entre 1993 et 2015 (attention, certaines stations ont été échantillonnées plusieurs fois), les rivières pêchées ces dernières années sont plus souvent de petits cours d'eau isolés, où aucune population sauvage n'existait.

La station Vivaggiu pose problème: considérée comme presque entièrement de lignée corse (93% C1) dans le rapport OEC2014, elle est considérée ici comme entièrement domestique. Elle est groupée avec les stations domestiques dans l'enveloppe de gauche de la Figure 2b. Dans le rapport OEC2014, elle se partage entre le type domestique minoritaire et le type C1 majoritaire. Ce type C1 y est représenté par la station Lataga (OEC18) qui a été analysée par ailleurs au niveau de l'ADN mitochondrial de 3 individus pour le projet de publication dit TYRRH. Lataga est typiquement de type AD.

La station Vivaggiu reste donc en suspens car ayant produit des résultats contradictoires. Une synthèse générale des résultats où l'ensemble des données seraient traitées simultanément devrait régler cette contradiction.

### **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 deux familles de populations correspondant bien à l'hypothèse de leur origine (Gauthier et Berrebi, 2007) et déjà montré dans le rapport national GT2014:

- le type ancestral corse, caractérisé par l'haplotype mitochondrial AD, incorrectement nommé *Salmo macrostigma*: isolées les unes des autres depuis 15000 ans, ces populations sont disparates, parfois très différentes des autres (voir U Furcone, rapport OEC2011; ou Pratelle, rapport OEC2014). Il y a souvent autant de différence génétique entre deux populations corses ancestrales qu'entre elles et la lignée méditerranéenne et même atlantique (phénomène de saturation des marqueurs).

- le type méditerranéen de Corse, assez homogène sur l'île, bien distinct du type méditerranéen du continent (voir GT2014) sans doute parce que chaque population actuelle est issu de l'hybridation être l'envahisseur continental et les truites corses ancestrales receveuses.

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

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

- Ainsi les échanges entre populations analysées est proche de zéro du fait du relief corse, que ce soit entre ancestrale évidemment, mais aussi entre méditerranéennes et même atlantiques d'installation récente (Tableau 4, tous les Fst sont significatifs).

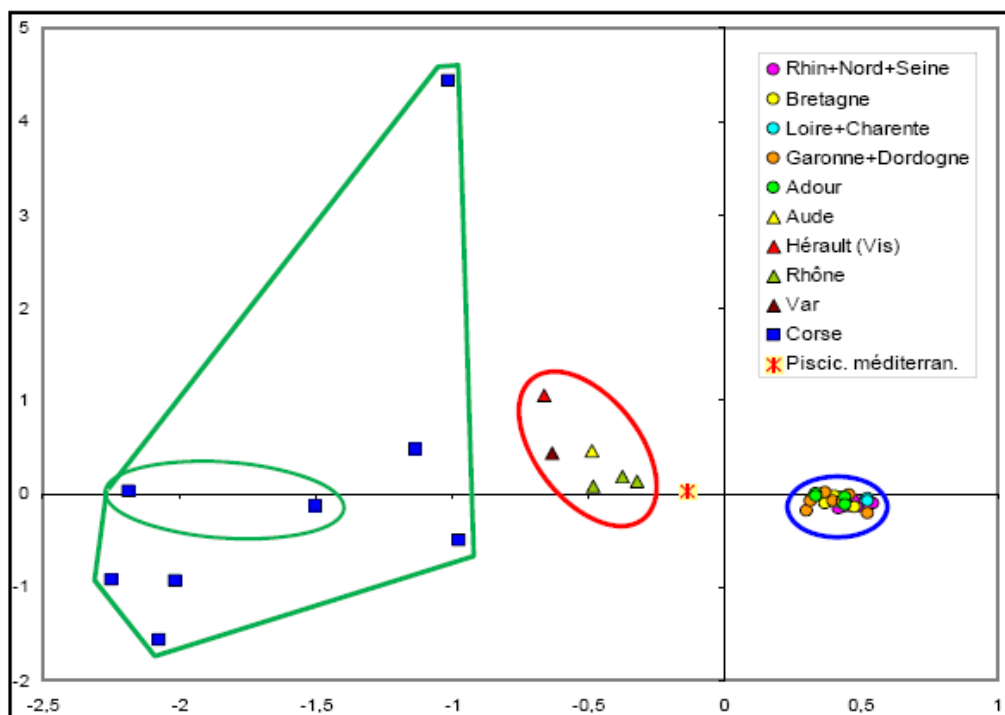
- Les populations naturelles de Corse, quand elles n'ont pas subi de repeuplement, sont naturellement faiblement polymorphes (Tableau 3, Hnb en rose entre 0 et 0,20) et en équilibre panmictique (Tableau 3, Fis non significatif). Les populations qui ont subi un apport domestiques, et a fortiori celles qui sont entièrement artificielles, sont beaucoup plus polymorphes (Tableau 3, Hnb en vert entre 0,6 et 0,8) et souvent en déséquilibre panmictique, conséquence des introductions récentes.

*Fait à Montpellier le 26 août 2015*

## 6. Références bibliographiques

- Berrebi P. 2004. Rapport intermédiaire n°1. LIFE macrostigma. ([LIFE01](#))
- Gauthier A., Berrebi P. 2007. La colonisation de l'île par différentes souches de truite. In : Guide de gestion de la truite macrostigma, 4-10.
- 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., Shao Z. 2011. Description génétique de cinq populations de truites corses basée sur six locus microsatellites - décembre 2011, p. 10. Marché OEC2011, Université Montpellier 2. ([OEC2011](#))
- 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. ([OEC2011](#))
- 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. ([OEC2011](#))
- Berrebi P. 2014. Structure génétique des truites du Golu. Bilan 2014: Rapport de synthèse GOLU2014 pour la FD20, Université Montpellier 2. 5p. ([GOLU2014](#))
- Berrebi P, Shao Z, Schikorski D. 2014. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Septembre 2014 (GT2014) - 2/3: Rapport d'étude pour la FNPF, Université Montpellier 2. 24p. ([GT2014](#))
- Berrebi P, Shao Z. 2014. Analyse génétique des truites de Corse sur 15 sites. Etape 2014 : Prunicia, Albarelli, Vivaggiu, Vitalbetu, Valdu alle grotte & Pratelle - Projet OEC2014: Rapport d'étude pour l'OEC; Université Montpellier 2. 6p. ([OEC2011](#))
- Bohling J, Shao Z, Haffray P, Berrebi P. en révision 2015. Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France. *Aquaculture*.

## 7. Annexe



Cette figure tirée du rapport national GT2014 montre la diversité relative des grandes lignées françaises. La diversité génétique est proportionnelle à l'étendue des enveloppes:

- versant atlantique français, à droite en bleu, faible diversité bien que réunissant 34 populations
- versant méditerranéen continental français, en rouge, légèrement plus divers (7 populations)
- lignées corses en vert (corses ancestrales et méditerranéennes), extrêmement diversifiées bien que limitées à 8 localités (petite ellipse verte = deux échantillons de truites méditerranéennes corses).