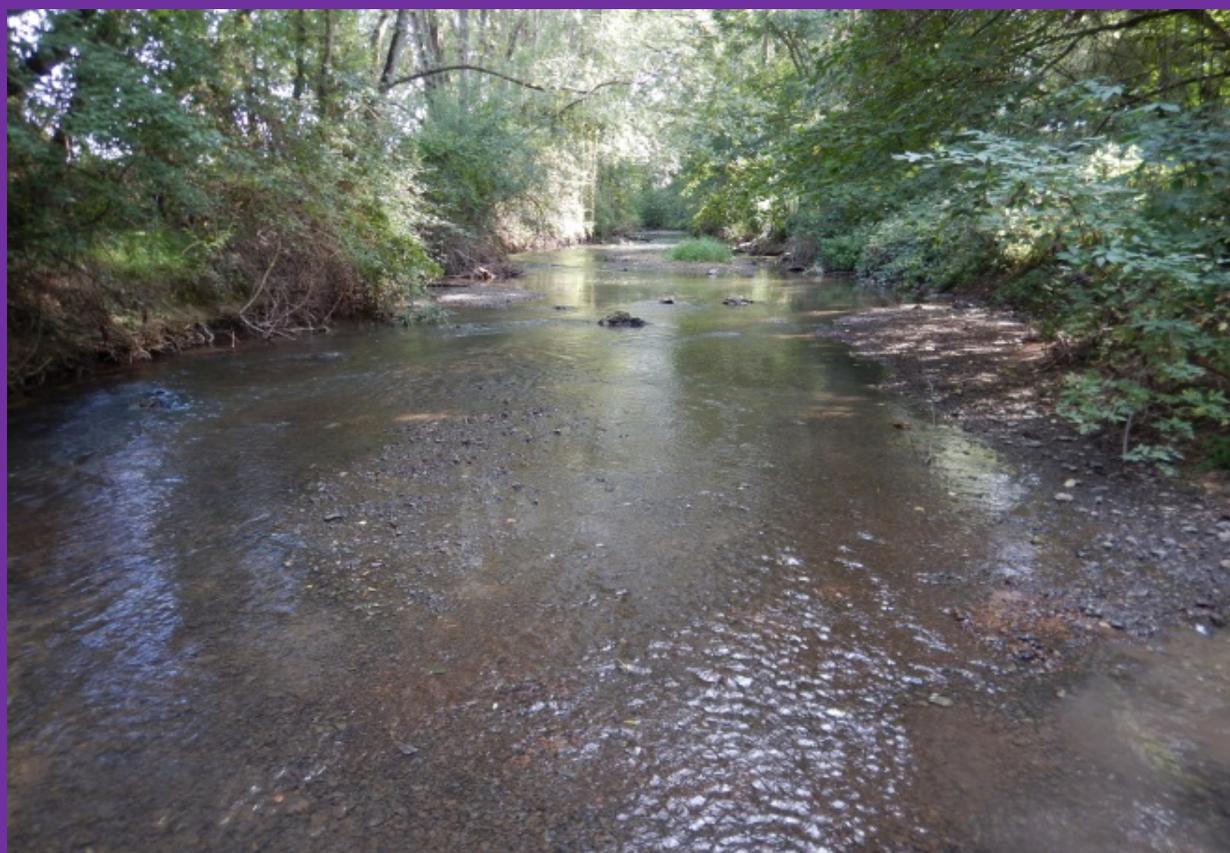


# Etude génétique des truites d'Indre et Loire La Brenne (affluent de la Loire) et la Clarté Dieu (sous affluent du Loir)

Rapport IetL2



La Brenne © FD37

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**

ISEM, Université Montpellier 2, cc065, place Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 05

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

Partie historique et écologique: **Grégoire RICOU**

FDAAPPMA37, 178 ter rue du Pas Notre Dame, 37100 Tours

Tél: 02 47 05 33 77, Mél: [g.ricou@fedepeche37.fr](mailto:g.ricou@fedepeche37.fr)

Analyses moléculaires: **David SCHIKORSKI**

Laboratoire Genindexe, 4 Rue Théodore Botrel, 22603 Loudéac Cedex

Tél: 02 96 28 63 43, Mél: [d.schikorski@genindexe.com](mailto:d.schikorski@genindexe.com)



## 1. Introduction

La gestion de la truite est une activité complexe du fait de la multitude des pratiques passées et de la diversité naturelle de l'espèce. La gestion actuelle nécessite l'établissement d'un plan d'action justifié et la satisfaction de pêcheurs à points de vue parfois opposés. Les gestions halieutiques ou patrimoniales s'appliquent en France. Les analyses génétiques peuvent aider à faire un choix. Elles procurent aux gestionnaires deux types d'information: la distribution géographique des lignées naturelles différenciées et le niveau d'hybridation entre lignées sauvages et domestiques. La première information permet de prévenir des mélanges inappropriés et la seconde permet d'adapter la gestion au cheptel.

Le présent rapport détaille le type de truites naturelles possiblement présentes dans les deux rivières échantillonnées et le taux de présence domestique.

## 2. Les échantillons analysés

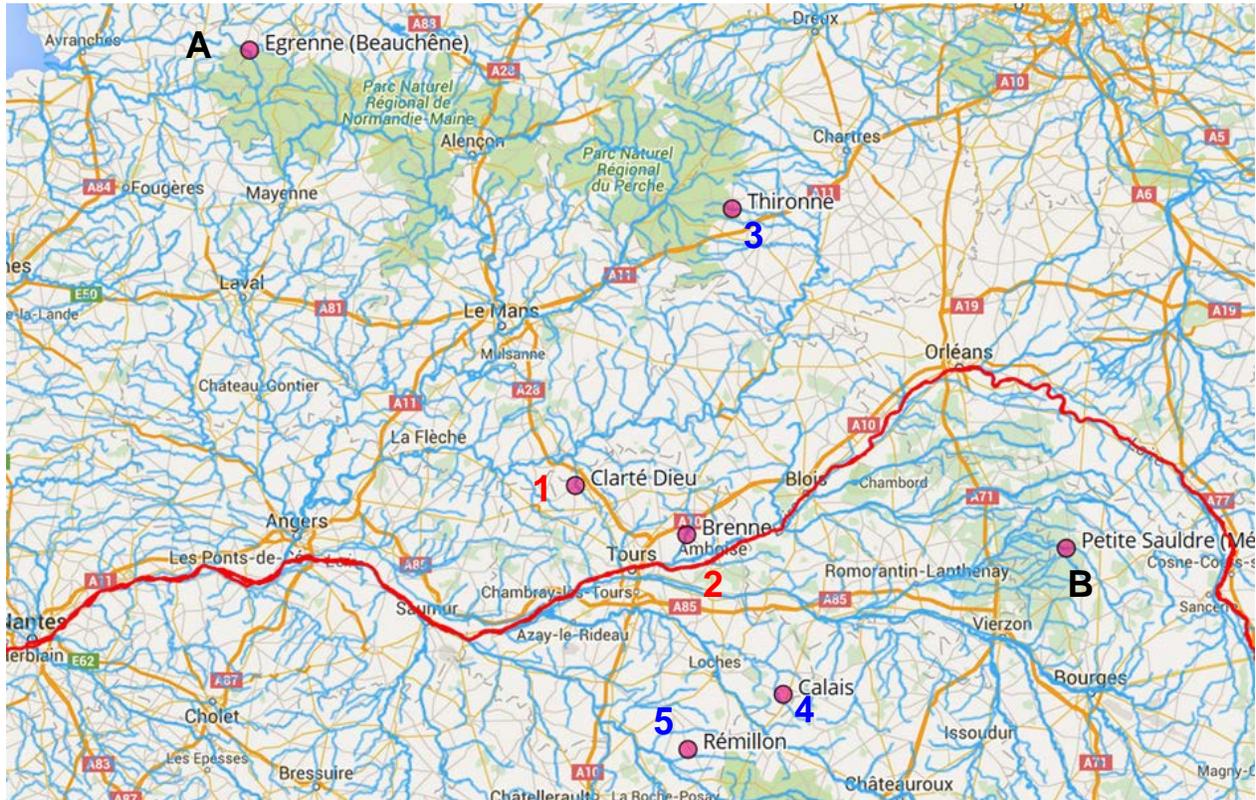
Les deux échantillons de 10 morceaux de nageoires dans l'alcool ont été livrés à l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 23 septembre 2015 par la Fédération des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) d'Indre-et-Loire (FD37). Monsieur Grégoire Ricou est le correspondant de la FD37 auprès de l'ISEM.

N° carte	Stations	ss bassin	Nbre	année	Rapport	N° Isem de l'échantillon	N° ISEM des individus
1	Clarté Dieu	Loir	10	2015	letL2	L671	T28716-T28725
2	Brenne	Loire moyenne	10	2015	letL2	L672	T28726-T28735
3	Thironne	Loir	26	2013	GT2014	L187	T25043-T25068
4	Calais	Indre	7	2014	GT-letL	L636	T27576-T27582
5	Rémillon	Vienne aval	20	2014	GT-letL	L637	T27583-T27602
A	Egrenne	Mayenne	29	2011	GT2013	L472	T21629-T21657
B	Petite Sauldre	Cher	20	2011	GT2013	L404	T20045-T20064
C	Vienne	Vienne amont	30	2008	GSALM2	L227	T16038-T16067
-	Cronce	Allier	27	2009	GSALM2	L221	T15866-T15892
-	Andrable	Hte Loire	29	2009	GSALM2	L224	T15948-T15977
	pisciculture Isère	-	30	2008	GSALM2	L266	T16926-T16955

*Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. En jaune les échantillons d'Indre et Loire de 2015; en bleu les échantillons proches (analyse focus, Figure 3); en blanc les échantillons étendus (analyse large, Figure 2); en gris la référence domestique de type atlantique.*

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des truites des deux échantillons de 2015 avec des truites de type connu. Ainsi, aux deux échantillons de 2015 ont été rajoutés les échantillons analysés lors du précédent rapport (GT-letL, partie prenante du projet national Genetrutta) issus d'affluents de la Creuse et de l'Indre, ainsi que d'autres échantillons déjà analysés par l'ISEM dans divers affluents de la Loire (Tableau 1). Cela permettra de décrire l'originalité éventuelle des deux stations de 2015. Enfin un échantillon de truites domestiques appartenant à la principale lignée commerciale française permettra de détecter l'impact des

repeuplements. Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1. Leur localisation est précisée à la Figure 1.



**Figure 1 :** Positionnement géographique des stations échantillonnées en 2015 ainsi que des stations de référence proches. Chiffres et lettres renvoient au tableau 1.

### 3. Les méthodes moléculaires

Les techniques bio-moléculaires permettent d'extraire l'ADN contenu dans les nageoires. Par amplification et migration, sont révélés les variants héréditaires (allèles) portés par chaque truite au niveau d'endroits bien particuliers des chromosomes (les locus). Pour être informatifs, des locus hypervariables sont choisis, les microsatellites. Ici, nous avons choisi 12 locus microsatellites nommés One $\mu$ 9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438, Sf01, Ssa197, Omm1105, SSoSI-417, Str591 et StrBS 131. Leurs allèles constituent les génotypes des truites.

Les génotypages sont assurés par Genindexe, laboratoire privé. Les résultats sont donnés sous la forme d'une matrice croisant locus et truites et indiquant un génotype à deux allèles à chaque intersection (un allèle du père et un allèle de la mère du poisson). Cette matrice de génotypes est le point de départ de toutes les analyses statistiques détaillées aux chapitres suivants.

### 4. Les méthodes statistiques

Il existe une multitude de méthodes statistiques permettant de faire parler la matrice de génotypes.

Les méthodes choisies ici sont d'une part efficaces et très utilisées en génétique des populations, et d'autre part visuelle pour que le lecteur non spécialiste puisse suivre les résultats et le raisonnement.

- *L'analyse multidimensionnelle* permet de positionner sur un graphique chaque truite en fonction de l'ensemble de ses caractéristiques génétiques (génotypes). La méthode choisie est l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) traitée avec le logiciel GENETIX. Les regroupements de points (= truites) sur le graphique, appelés "nuages", décrivent les différentes lignées présentes dans l'échantillonnage global. Cette méthode est considérée comme un débroussaillage des données moléculaires permettant de comprendre rapidement quelles sont les lignées en présence et leur éventuelle hybridation.

- *L'analyse d'assignation* permet de découper l'échantillonnage global en sous-groupes qui sont les lignées présentes. Cette méthode plus délicate d'emploi a l'avantage de chiffrer (%) la composition de chaque échantillon en différentes lignées. Elle permet aussi de décrire la composition en lignées de chaque truite (= taux d'hybridation). L'analyse d'assignation est faite avec le logiciel STRUCTURE.

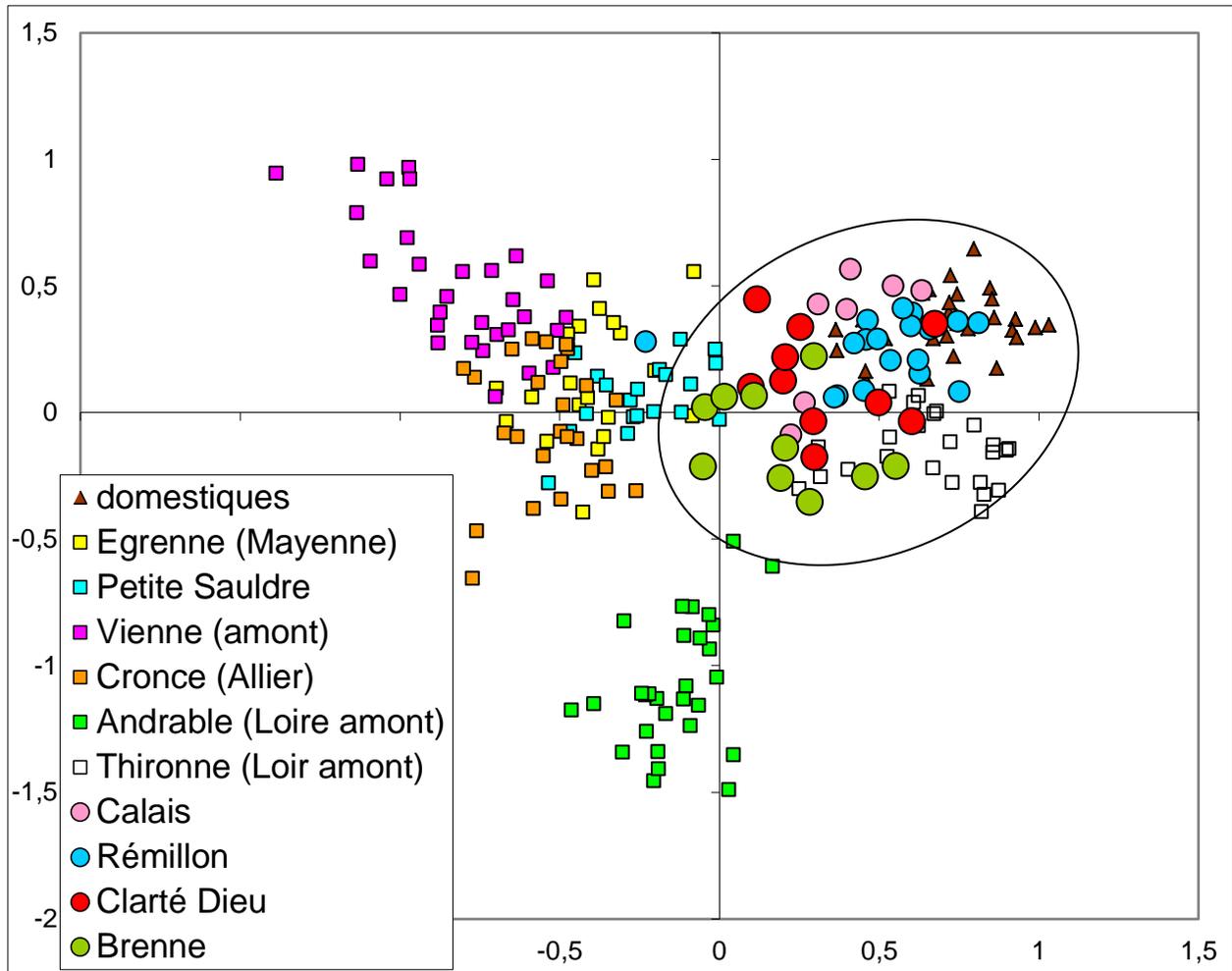
## **5. Résultats**

### ***5.1. Débroussaillage par AFC***

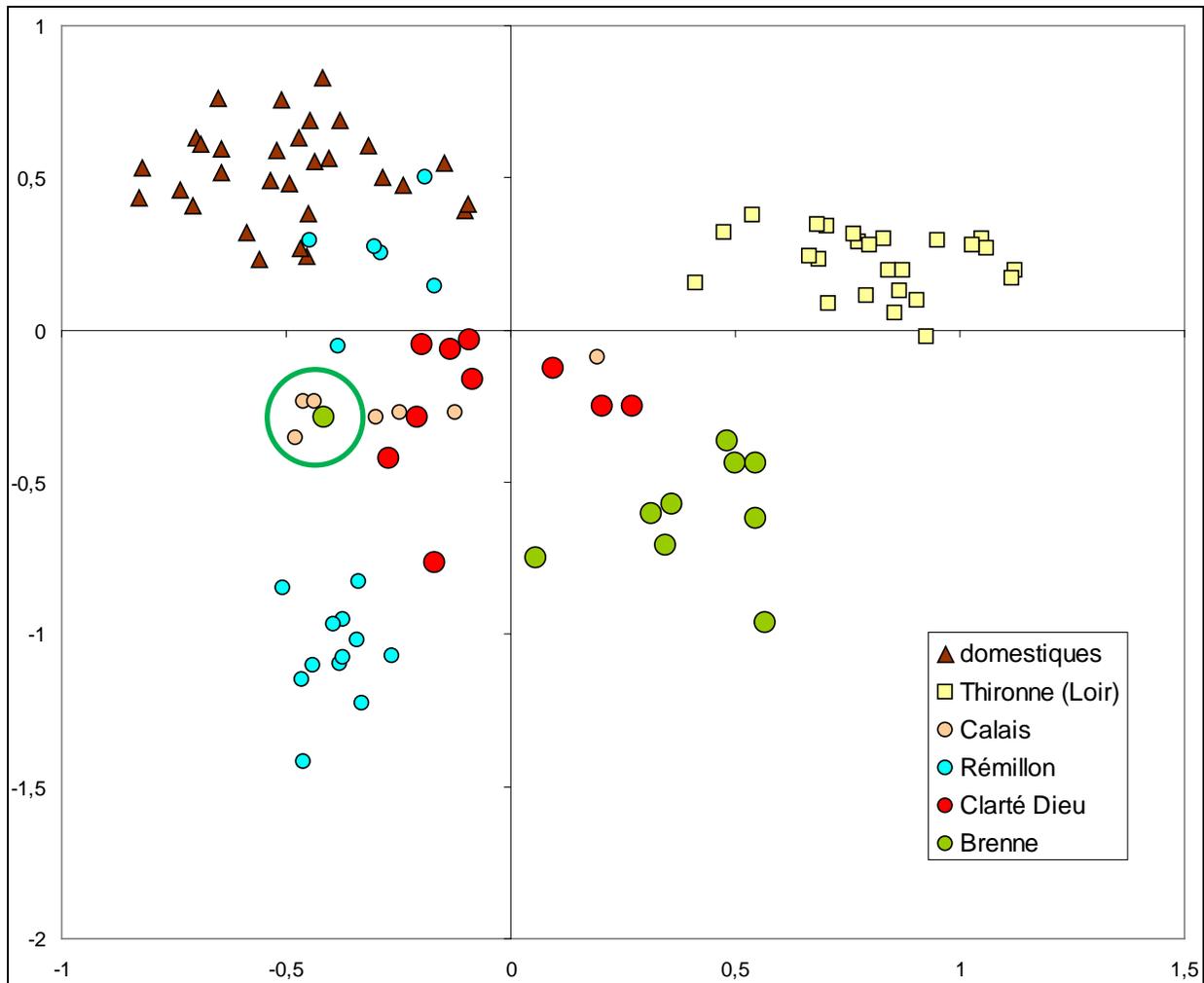
La première image des analyses génétiques, par AFC (Figure 2), montre une masse compacte à droite (les truites qui nous intéressent) et deux extensions en haut à gauche (la plupart des stations de Loire: Mayenne, Vienne, Allier et la proche Petite Sauldre). La Petite Sauldre est la seule station se rapprochant des échantillons de 2015.

La seconde image se concentre sur les échantillons génétiquement proches de ceux de 2015 et difficiles à détailler dans la Figure 2. L'analyse de la Figure 3 montre que les échantillons de Clarté Dieu, Brenne, Calais, Rémillon, Thironne (Loir) et domestiques étaient tous différents et génétiquement quasi équidistants. Les échantillons de Clarté Dieu et de Calais semblent très proches. Aucune explication facile ne peut l'expliquer.

Une remarque importante: seules quelques truites du Rémillon se mêlent aux truites domestiques (comme observé dans le rapport GT-IetL). Aucun autre échantillon ne produit la même superposition. On peut en déduire que les échantillons de 2015 (Clarté Dieu et Brenne) sont indemne de gènes domestiques (tout comme l'ensemble des truites analysées ici)..



**Figure 2** : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant toutes les truites de l'analyse large d'après leurs caractéristiques génétiques. La zone de l'ellipse qui nous intéresse est détaillée dans la Figure 3. Il y a peu de relation génétique entre les stations 2015 et les références Vienne amont, Mayenne, Allier et Loire amont.



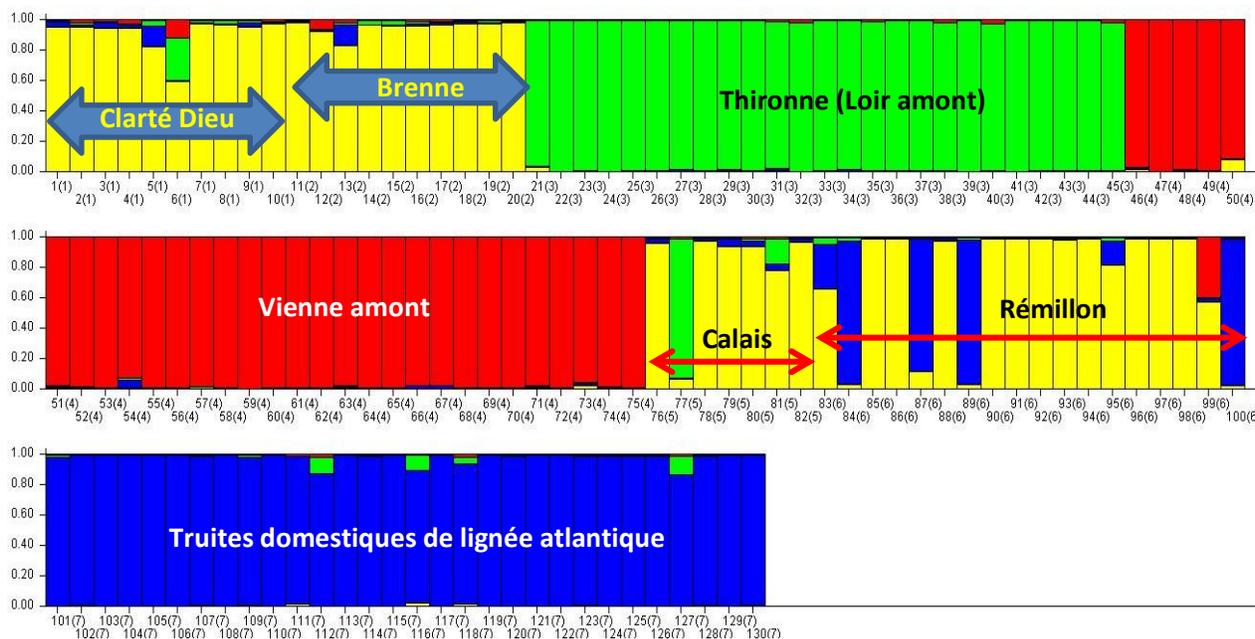
**Figure 3 :** Dans cette analyse plus resserrée sur les échantillons d'Indre et Loire, on remarque que seule la station Rémillon contient des truites nées en pisciculture (ronds bleus parmi les triangles). La truite de la Brenne qui s'écarte de son groupe (rond vert) va être spécialement suivie dans le chapitre suivant.

### 5.2. Chiffage par assignation

L'analyse d'assignation permet de classer et de chiffrer la composition génétique de chaque échantillon. La meilleure représentation est l'histogramme de la Figure 4.

Le seul poisson de la Brenne qui est en dehors du lot de points (entouré en vert à la Figure 3) est le poisson 13 qui est la seule truite de l'échantillon introgressée (domestique) à 13,8%. C'est également le poisson que la Fédération de Pêche avait suspecté, sur le terrain, d'être issu de déversement.

Les observations faites sur la Figure 3 sont confirmées par cette analyse. Ainsi seules les truites de la station Rémillon contiennent des gènes domestiques. Les quelques traces (parties bleues, environ 14%) des échantillons Clarté Dieu et Brenne sont peut-être des artéfacts, car à la limite des capacités de détection de la méthode.



**Figure 4** : Histogramme de la composition génétique de chaque truite et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage total en 4 lignées.

## 6. Interprétation et Discussion

### 6.1. Impact des repeuplements

La Figure 4 est la meilleure représentation des hybridations sauvage/domestique potentielles. Pour les échantillons de 2015, deux truites sont indiquées comme étant hybridées à 14%. C'est une très faible introgression, qui donne à peine 3 et 2% respectivement pour les deux échantillons Clarté Dieu et Brenne. Cette rare présence domestique provient probablement d'introductions anciennes, une hybridation récente aurait donné des valeurs de 50 ou 25%. On peut considérer cette présence domestique comme négligeable, contrairement au Rémillon échantillonné en 2014 et présentant ici presque 24% d'introgression domestique (25% dans l'analyse de GT-IetL).

Le résultat surprenant est la similitude génétique des 4 stations échantillonnées en 2014 et 2015. Les hypothèses pour l'expliquer sont deux et ont des conséquences importantes sur l'interprétation globale:

- soit il existe une souche qu'on pourrait appeler "Loire moyenne", en jaune à la Figure 4;
- soit cette lignée en jaune est une lignée domestique (même si elle est proche des truites sauvages dont elle serait issue) qui a envahi les rivières gérées par la FD37.

La première hypothèse sera reprise dans le chapitre suivant. La seconde hypothèse d'une souche domestique envahissante ne peut pas être écartée mais il est extrêmement rare qu'une souche domestique éradique les truites sauvages. Les seuls cas français connus sont des rivières très amont et précédemment stériles (le moindre repeuplement aboutit donc à une population domestique) ou des zones très avals non salmonicoles (la population de tient que par les apports artificiels).

Cette question reste donc en suspens, et ne pourra évoluer que si les souches de repeuplement utilisées dans le passé sont analysées et comparées. Les souches domestiques utilisées dans le passé sont multiples (mais la grande majorité des souches domestiques atlantiques française sont identiques).

La seule souche domestique pouvant avoir eu une influence plus forte est celle de la Couze Pavin. Une analyse comparative de cette souche résoudrait peut-être la question.

### ***6.2. Structure génétique naturelle des truites de la Loire moyenne.***

Si les rivières Calais, Rémillon, Clarté Dieu et Brenne ne sont pas envahies par une souche domestique (hypothèse 1), il faut reconnaître une lignée sauvage qui pourrait être appelée "Loire moyenne" et peuplant beaucoup d'affluents directs de la Loire dans le département d'Indre et Loire. Les analyses nous disent que dès qu'on s'éloigne de la zone péri-Loire moyenne (zone aval de ses affluents), les truites sont génétiquement distinctes: en amont du Loir, dans la Mayenne, la Vienne, la Sauldre, l'amont de l'Allier et de la Loire.

Les analyses génétiques sont basées sur des comparaisons entre les échantillons nouvellement génotypés et les échantillons de lignée connue. Dans le cas des 4 stations d'Indre et Loire, une suspicion d'apport domestique va rester tant qu'une analyse comparative avec les principales souches domestiques utilisées dans le passé ne sera pas faite.

Des déversements de truites et notamment de juvéniles ont été réalisés par le passé, en particulier dans les années 1990 à 2000, par la pisciculture de Ligugé (département de la Vienne, 86). D'autre part, des juvéniles de truites communes produits à partir de truites sauvages auraient été déversés sur bon nombre de cours d'eau en Indre et Loire, mais le pisciculteur de l'époque pouvant confirmer ces éléments n'est plus en activité.

Par ailleurs, le Calais n'aurait pas fait l'objet de déversements directs de juvéniles alors que sur l'Indrois, cela a été le cas. Le Calais étant un affluent direct de l'Indrois, il n'est pas impossible que ces poissons soient remontés dans cet affluent.

Pour résumer sur ces apports de poissons juvéniles issus de piscicultures, il n'est pas exclu que des poissons provenant de la même pisciculture (de Ligugé) aient pu se retrouver sur les 4 cours d'eau échantillonnés en 2014 et 2015.

Il reste néanmoins que l'hypothèse selon laquelle il existe bien une souche sauvage de truites de "Loire moyenne" ayant échangé dans le passé (quand les barrages anthropiques n'existaient pas) des géniteurs homogénéisant la population multi-sites est la plus probable. Seuls les obstacles infranchissables naturels auraient pu s'opposer à cette homogénéisation.

le seul moyen de confirmer cette hypothèse serait de prélever des truites sur des ruisseaux sur lesquels à priori il n'y a pas eu d'apport de poisson dans les 20-30 dernières années puisqu'il ne sera pas possible d'analyser les souches de truites déversées dans les années 90/2000.

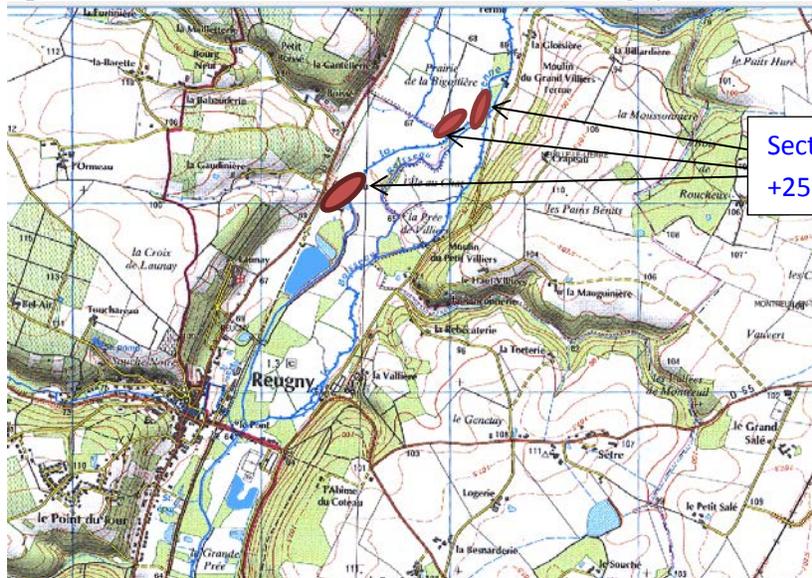
*Fait à Montpellier le 9 décembre 2015*

## 7. Références bibliographiques

- 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
- 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.
- Berrebi P. 2013.** Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Septembre 2013 (**GT2013**) - 1/3: Rapport d'étude pour la FNPF. Université Montpellier 2. 17p.
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009.** Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. (**GSALM2**)

## 8. Annexes

**La Brenne** (affluent de la Cisse) - 2<sup>ème</sup> catégorie piscicole-  
Sondage piscicole réalisé le 18/8/2015. Commune : Reugny et Neuillé le Lierre

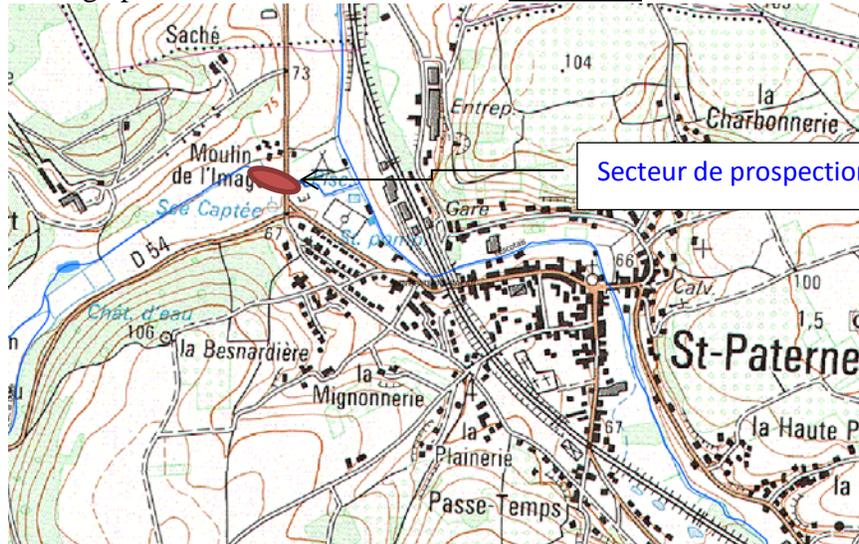


Secteur de prospection : 280  
+250+50 m

AAPPMA gestionnaire : Lancer Club

Gestion piscicole pratiquée par l'AAPPMA : en 2015 : déversements de truites arc en ciel pour l'ouverture de la pêche en mars et environ 100 kg de truites fario adultes en mai sur les secteurs inventoriés.

**La Clarté Dieu** (affluent de l'Escotais) - 1<sup>ère</sup> catégorie piscicole-  
Sondage piscicole réalisé le 19/8/2015. Commune : St Patern Racan



Secteur de prospection : 220 m

AAPPMA gestionnaire : St Christophe sur le Nais

Gestion piscicole pratiquée par l'AAPPMA : ce ruisseau était un ruisseau pépinière sur lequel il était déversé des juvéniles de truites fario qui étaient recapturées après grossissement et déversées dans l'Escotais. Cette gestion a été abandonnée depuis plus de 15 ans. Seuls des déversements de truites fario surdensitaires sont réalisés sur l'Escotais.