

# Etude génétique des truites de l'Indre (36) dans le cadre du projet national Genetrutta

## Rapport GT-INDR



© FD36

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)

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 d'introductions passées et de la diversité naturelle de l'espèce. La gestion actuelle nécessite à la fois l'établissement d'un plan d'action justifié et la satisfaction des pêcheurs qui ont des points de vue parfois opposés. Les gestions halieutique ou patrimoniale s'appliquent en France en fonction de chaque situation. Les analyses génétiques peuvent aider à faire un choix. Elles procurent aux gestionnaires deux types d'information: la diversité 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 à l'état du cheptel.

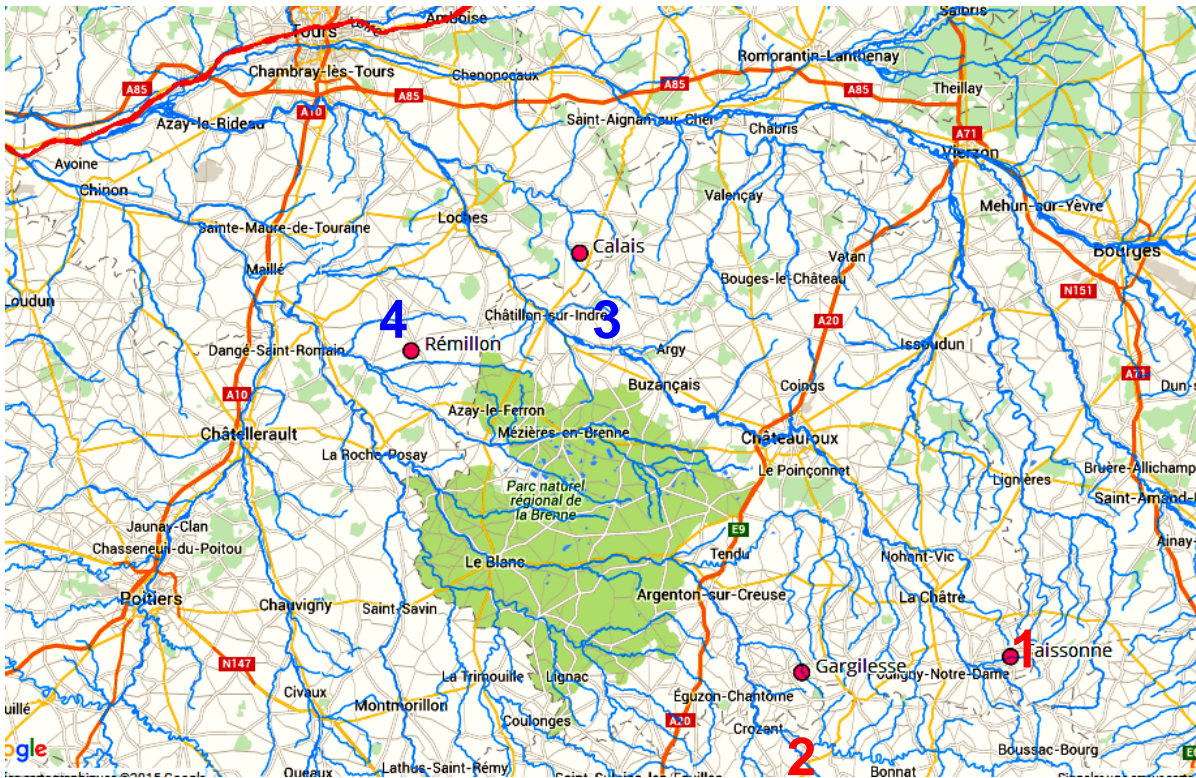
## 2. Les échantillons analysés

Les 2 échantillons de 21 fragments de nageoires de truites dans l'alcool ont été livrés à l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 10 septembre 2015 par la Fédération des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) de l'Indre (FD36). Monsieur Bruno Barbey est le correspondant de la FD36 auprès de l'ISEM.

N° carte	Localité	Nbr e	Date	réseau hydrographique	Dépt.	Rapport	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Taissonne	21	02/09/2015	Indre-Loire	36	GT-INDR	L669	T28674-T28694
2	Gargillesse	21	03/09/2015	Creuse-Loire	36	GT-INDR	L670	T28695-T28715
3	Calais	7	08/10/2014	Indrois-Indre-Loire	37	GT-letL	L636	T27576-T27582
4	Rémillon	20	08/10/2014	Claisse-Creuse-Loire	37	GT-letL	L637	T27583-T27602
-	pisciculture Isère	30	2008	-	38	GSALM 2	L266	T16926-T16955
-	pisciculture Htes-Pyr.	29	2014	-	65	MAE1	L556	T28112-T28140

**Tableau 1** : Détail des échantillons analysés. En jaune les nouveaux échantillons du département de l'Indre; en blanc les échantillons de référence servant aux comparaisons; en gris deux références domestiques de type atlantique.

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des truites des 2 échantillons de septembre 2015 avec des truites de type connu. Ainsi ont été rajoutés des échantillons des mêmes sous-bassins (Indre et Creuse) déjà analysés par l'ISEM (Tableau 1). Cela permettra de décrire l'originalité génétique éventuelle des 2 stations nouvelles. Enfin les 2 échantillons de truites domestiques appartenant à la principale lignée commerciale française permettront de détecter l'impact des repeuplements. Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1. Leurs localisations sont précisées à la Figure 1.



*Figure 1 : Positionnement géographique des stations échantillonnées en 2015 ainsi que des stations de référence proches. Les chiffres et leurs couleurs 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 dans des zones bien particulières des chromosomes (les locus). Pour être informatifs, des locus hypervariables sont choisis: les microsatellites. Ici, nous avons analysé les 12 locus microsatellites choisis dans le programme Genetrutta, nommés Oneμ9, 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 Correspondance (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.

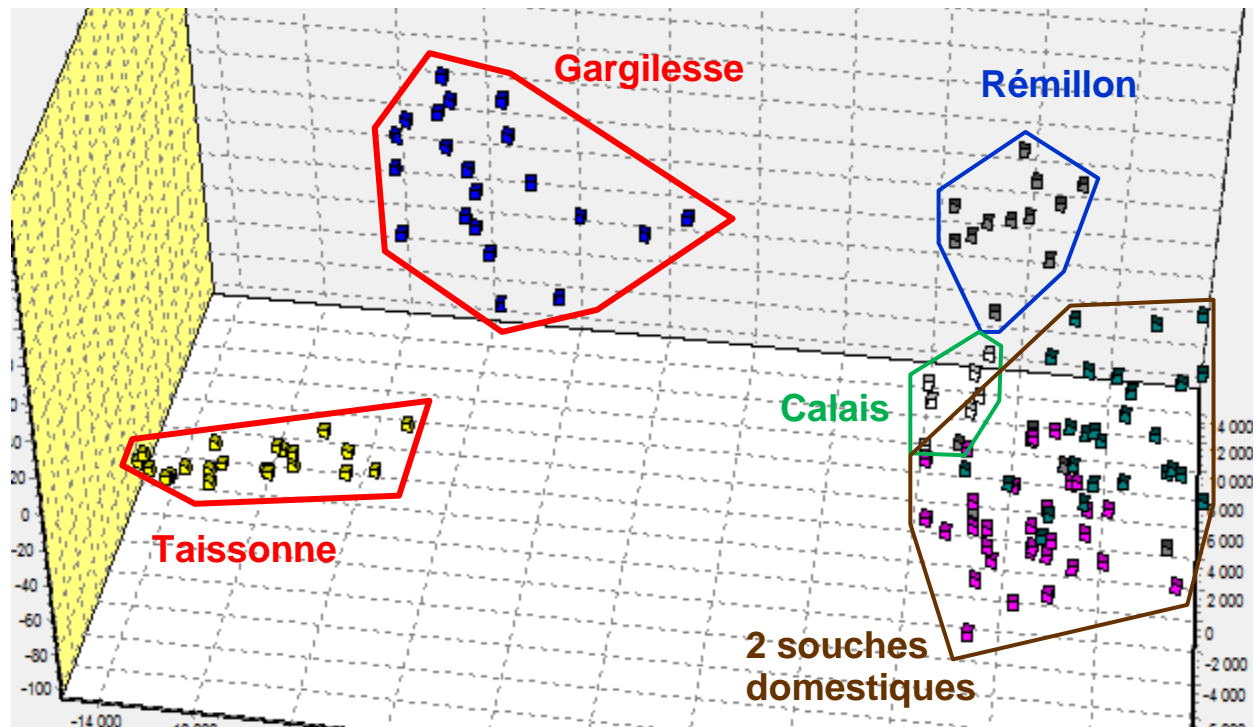
- *L'analyse d'assignation* permet de chiffrer la composition de chaque échantillon. Elle est utilisée quand la méthode précédente est insuffisante, en général quand l'échantillonnage révèle un grand nombre de lignées ou quand des hybridations complexes sont difficiles à décrire. Ici cette méthode est inutile (voir "Résultats").

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

Ces paramètres permettent d'interpréter les résultats génétiques.

## 5. Résultats

### 5.1. Analyse multidimensionnelle



**Figure 2 :** Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant toutes les truites considérées d'après leurs caractéristiques génétiques. Les enveloppes rouges correspondent aux deux échantillons à caractériser; l'enveloppe brune entoure deux souches domestiques (Isère et Hautes-Pyrénées); Rémillon et Calais sont les deux rivières affluentes respectives de la Creuse et de l'Indre.

L'image de l'analyse génétique par AFC (Figure 2) est parfaitement claire. On y observe un ensemble presque compact à droite comprenant la lignée domestique dans deux piscicultures et deux nuages à gauche tout à fait disjoints: les deux échantillons de la Taissonne et de la Gargillesse. C'est l'indépendance des ensembles domestiques et des rivières de l'Indre qui démontre la composition purement sauvage de ces dernières.

## 5.2. Paramètres populationnels

Les paramètres populationnels nous renseignent sur deux aspects principaux:

- la diversité génétique des deux populations de l'Indre est faible:  $H_{nb}$  autour de 0,5 alors que les rivières d'Indre et Loire sont à 0,6-0,7 et les piscicultures à 0,7-0,8 (la lignée domestique commerciale, issue de nombreux croisements, est habituellement plus polymorphe que les populations sauvages).

- la Taissonne est en équilibre panmictique tandis que la Gargillesse est en léger déséquilibre avec un excès en hétérozygotes.

L'interprétation de ces résultats est développée dans la discussion.

N° carte	Localité	Nbre	$H_{nb}$	$H_o$	A	Fis	significativité
1	Taissonne	21	0,40	0,41	3,83	-0,02	ns
2	Gargillesse	21	0,55	0,58	5,42	-0,06	*
3	Calais	7	0,64	0,58	3,50	0,09	ns
4	Rémillon	20	0,68	0,62	6,67	0,10	**
-	piscic. Isère	30	0,67	0,67	6,08	0,00	ns
-	piscic. Htes-Pyr.	29	0,78	0,77	8,08	0,02	ns

**Tableau 2 :** Paramètres populationnels de diversité génétique (entêtes en orange) et de panmixie (en vert)

## 6. Interprétation et Discussion

### 6.1. Impact des repeuplements

Les analyses génétiques ne sont compréhensibles que par comparaison des truites des deux échantillons traités, de nature inconnue, avec les truites de référence connue. La présence de truites domestiques est détectée par ressemblance avec les truites de référence de pisciculture. Toutefois, si une autre souche inconnue (ou non signalée au laboratoire) a été utilisée dans la zone étudiée, les estimations peuvent être faussées sans que nous le sachions.

La Figure 2 est une excellente représentation de la diversité génétique des truites analysées. Le vide assez étendu entre les échantillons de la Taissonne et de la Gargillesse et les échantillons domestiques démontre que la lignée domestique n'a en aucune manière influencé les deux populations de rivière. Les deux échantillons analysés sont donc purement sauvages.

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

Les deux échantillons d'Indre et Loire sont proches des lignées domestiques mais ont été jugées cependant essentiellement sauvages (rapport IetL2). Bien que situées chacune et respectivement à l'amont des deux échantillons de l'Indre, il n'y a aucun lien génétique entre les

populations analysées de la Creuse ni entre celles de l'Indre. On remarque également une différenciation génétique nette entre les populations sauvages de la Taissonne et de la Gargillesse.

### **6.3. Autres considérations**

La question posée de la nature des deux populations analysées est donc résolue sans ambiguïté. Les paramètres populationnels apportent d'autres informations:

- La diversité génétique des deux populations sauvages considérées est faible. Cela peut être attribué soit à un effectif faible, en rapport avec la taille modeste des rivières, soit à un accident démographique (forte mortalité) récent. Cependant le fait que les deux rivières soient sensiblement au même niveau de diversité par rapport aux références (Tableau2, Hnb) favorise la première hypothèse.

- La panmixie est la qualité d'une population de se reproduire au hasard entre tous ses membres. Surveiller la panmixie permet de détecter les anomalies de type repeuplement ou immigration (des truites se reproduisant ailleurs ont été rajoutées à la population résidente). La significativité (faible) du Fis dans la Gargillesse (Tableau 1) est un peu surprenant pour une population purement sauvage, sensée ne pas être manipulée par l'homme, et devant être en parfaite panmixie. Une explication pourrait être dû à une faible taille de la population pouvant engendrer ce déséquilibre par simple différence génétique entre les cohortes annuelles. Il est effectivement possible que la population de la Gargillesse soit limitée, bien que ce soit un cours d'eau "assez important". Le bassin est notamment sensible sur le plan hydrologique, avec des étiages sévères les étés chauds (assez récurrents depuis 15 ans), voire des coupures de débits sur certains linéaires.

Par ailleurs, il vous faut savoir que la Gargillesse conflue avec la Creuse, entre 2 grands barrages infranchissables (Roche-au-Moine et Roche-Bat-L'Aigue) et il ne peut donc plus y avoir d'échanges avec d'éventuelles autres populations de truites sur le bassin.

En conclusion, la principale information apportée par cette étude est la nature totalement naturelle des truites des deux stations échantillonnées. Cette caractéristique en fait deux bons éléments pour l'analyse nationale Genetrutta sur la structuration génétique des truites de France, spécialement dans le troisième et dernier rapport GT2015 attendu pour la fin de l'année 2015.

*Fait à Montpellier le 5 janvier 2016*

## 7. Références bibliographiques

- 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., Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. Rapport [GSALM2](#).
- Berrebi P. 2015. Structure génétique des truites naturelles et domestiques de l'Orb amont - marqueurs microsatellites- Rapport [MAE1](#) (juin 2015): Rapport d'étape pour la thèse de Maëva Leitwein. Université de Montpellier. 9p.