

Etude génétique des truites du cirque de Troumouse: ruisseaux des Touyères, du Cot et du Maillet (sous bassin du Gave de Pau)

Rapport TROUM



Cirque de Troumouse © Chantal Verdier - PNP

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

Analyses moléculaires: **David SCHIKORSKI**
Laboratoire Genindexe, 4 Rue Théodore Botrel, 22603 Loudéac Cedex
Tél: 02 96 28 63 43, Mél: 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 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 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 à l'état du cheptel.

Dans le cadre des partenariats entre Fédération de Pêche des Hautes-Pyrénées et le Parc National des Pyrénées, 3 cours d'eau du cirque de Troumouse ont été choisis pour ce type d'étude.

2. Les échantillons analysés

Les 3 localités pêchées ont fourni 60 truites. Les 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 30 septembre 2015 par la Fédération des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) des Hautes-Pyrénées (FD65). Monsieur Marc Delacoste est le correspondant de la FD65 auprès de l'ISEM.

N° carte	Stations	Nbre	Date	Rapport	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Ruisseau de Cot	20	09/09/2015	TROUM	L674	T28756-T28775
2	Ruisseau du Maillet	20	09/09/2015	TROUM	L675	T28776-T28795
3	Ruisseau des Touyères	20	23/09/2015	TROUM	L676	T28796-T28815
4	Gave de Pau (Gavarnie)	30	01/10/2011	GT2014	L409	T20182-T20211
5	Arrens (Doumblas)	20	31/10/2014	ARRENS	L650	T27828-T27847
6	Arrens (Nouaux)	30	17/09/2013	ARRENS	L651	T27848-T27877
7	Bastan (3 stations)	27	15/10/2015	BASTAN	L681-682-683	T28926-T28952
8	pisciculture Isère	30	2008	GSALM2	L266	T16926-T16955
9	pisciculture Hérault (Cauterets 2014)	29	2014	MAE1	L556	T28112-T28140
10	souche Puntas (Cauterets 2008)	30	2008	GSALM2	L157	T13091-T13120

Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. En jaune les échantillons du cirque de Troumouse de 2015; en blanc les échantillons de référence servant aux comparaisons; en gris les références domestiques.

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des truites des 3 échantillons de 2015 avec des truites de type connu. Ainsi, ont été rajoutés les échantillons des stations voisines du Gave de Pau, d'Arrens et de Bastan récemment analysés. Cela permettra de décrire l'originalité éventuelle des 3 stations de 2015. Enfin 3 échantillons de truites domestiques appartenant à la principale lignée commerciale française et à une souche locale 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.

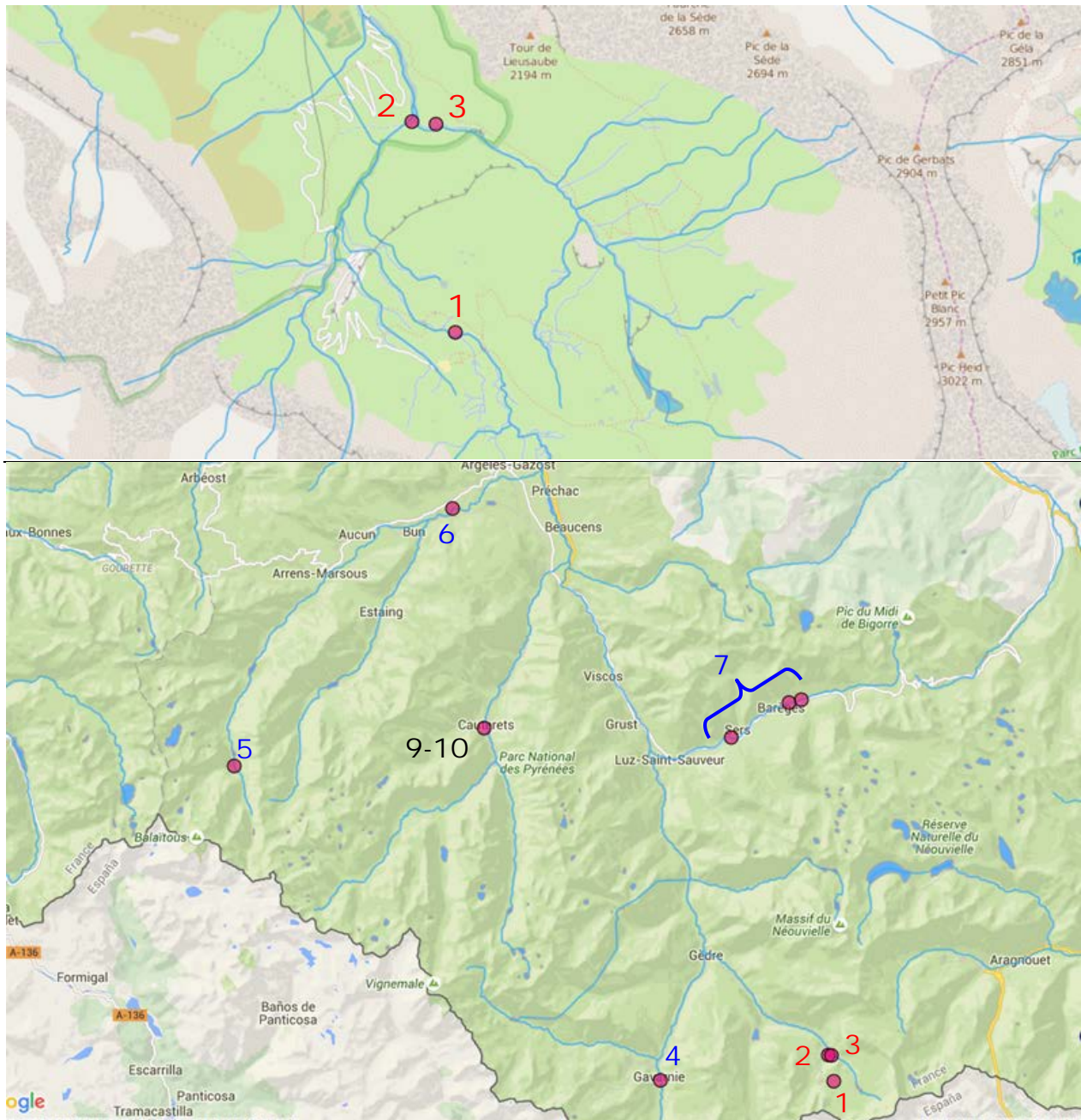


Figure 1 : Positionnement géographique des stations échantillonnées en 2015 dans le cirque de Troumouse ainsi que des échantillons de référence (pour les chiffres voir le Tableau 1).

3. Les méthodes moléculaires

Les techniques biomoléculaires 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 6 locus microsatellites nommés One μ 9, Mst85, SsOSL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438. 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 (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 génétiques. Cette méthode, plus délicate d'emploi, a l'avantage de chiffrer (%) la composition de chaque échantillon et chaque truite hybride en différentes lignées. L'analyse d'assignation est effectuée avec le logiciel STRUCTURE. Le nombre objectif (le plus informatif) de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER.

- *Les paramètres populationnels* décrivent la diversité génétique (H_o , H_{nb} et A):

H_{nb} , c'est l'hétérozygotie théorique non biaisée: l'hétérozygotie est la proportion de génotypes issus de parents différents au marqueur considéré (par opposition à l'homozygotie qu'on obtient quand les deux parents sont identiques) et varie donc de 0 à 1; l'hétérozygotie calculée est celles qu'on aurait si la population était en équilibre panmictique (voir plus bas). H_{nb} est dite "non biaisée" car son calcul comprend un paramètre qui pondère le résultat par les nombre de truite de l'échantillon. En effet, les paramètres H sont influencés par l'effectif de l'échantillon et ont tendance à baisser artificiellement quand l'effectif est faible. Cette anomalie est ainsi corrigée.

H_o donne la proportion de génotypes hétérozygotes observés.

A donne le nombre moyen d'allèles (ou variants, ou mutations) par marqueur.

Ces trois paramètres doivent varier de la même façon.

Un autre paramètre décrit la panmixie (F_{is}) qui est le fait que toutes les truites d'un échantillon proviennent d'un seul groupe de reproduction (urne), ce qui n'est pas le cas après

introduction de truites domestiques ou après mélange de plusieurs populations (après les crues par exemple).

Ces paramètres sont calculés avec le logiciel GENETIX et permettent d'interpréter les résultats en termes biologiques.

5. Résultats

5.1. Débroussaillage par AFC

La première image des analyses génétiques, par AFC, montre une opposition nette entre truites domestiques à droite et sauvages à gauche le long de l'axe 1 horizontal (Figure 2). Parmi les truites sauvages, l'étalement le long de l'axe 2 vertical décrit la seconde structure locale: la lignée Gave de Pau vers le bas et la lignée Troumouze vers le haut.

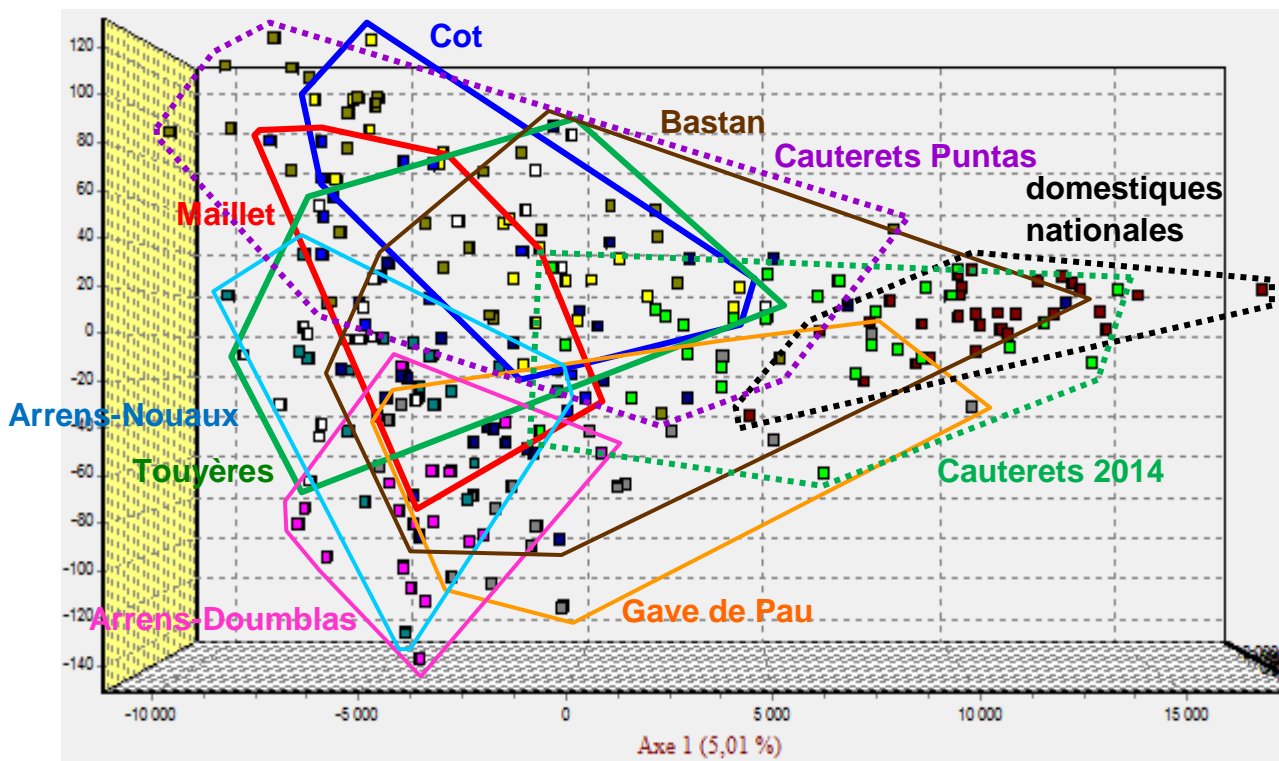


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant toutes les truites considérées d'après leurs caractéristiques génétiques. Globalement, la limite entre truites sauvages et domestiques est figurée par l'abscisse zéro de l'axe 1 horizontal: à droite les truites d'origine domestiques (polygones en pointillés) et à gauche les sauvages, à l'exception de la souche Puntas de Cauterets qui se comporte comme une lignée sauvage (voir discussion). Dans la moitié gauche du graphique (=les sauvages), l'axe 2 vertical sépare le Gave de Pau (ainsi qu'Arrens) en bas, et les cours d'eau du cirque de Troumouze et Bastan en haut. L'analyse d'assignation qui suit est indispensable pour connaître les pourcentages des différents mélanges.

Ces différences entre lignées sauvages sont cependant extrêmement faibles comme le montrent les superpositions de points-truites de diverses origines. Les truites de Troumouze sont majoritairement sauvages, mais la proximité avec les souches domestiques (prolongement des

polygones vers la droite) laisse supposer une certaine influence de ces dernières. L'analyse d'assignation est nécessaire pour chiffrer ces introductions.

Observation intéressante: la souche Puntas de la pisciculture de Cauterets se place parmi les sauvages (cette souche est issue de géniteurs du Gave de Marcadau qui sont régulièrement renouvelés) et spécialement dans la zone du ruisseau de Cot.

5.2. Chiffrage 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 3 pour K=3 (découpage le plus pertinent selon le logiciel d'aide à la décision STRUCTURE HARVESTER).

Les observations faites sur la Figure 2 sont confirmées par cette analyse. L'arbre de la Figure 4 montre que pour K=3 (partition la plus significative), les lignées naturelles comprennent le Gave de Pau (au sens large) et le cirque de Troumouse. Les subdivisions ultérieures, mineures, rajoutent une lignée Cot quasi-identique à la souche Puntas de Cauterets.

Le tableau 2 donne les estimations en pourcentage pour les deux découpages en 3 et en 5 lignées. Les divers découpages que propose l'analyse d'assignation sont délicats à utiliser et dépendent du point de vue du chercheur. A l'ISEM, il est généralement reconnu que l'aide à la décision (STRUCTURE HARVESTER) donne la structure la plus forte (ici en 3 sous-groupes) mais que les autres découpages méritent attention. On estime qu'un découpage est une réalité (donc significatif) tant qu'il donne un résultat compréhensible. Ici le découpage en 5 coïncide avec les échantillons dans la Figure 3 (voir le changement de couleur entre échantillons 1 et 2, puis 3 et 4), il décrit une structure faible mais vraie.

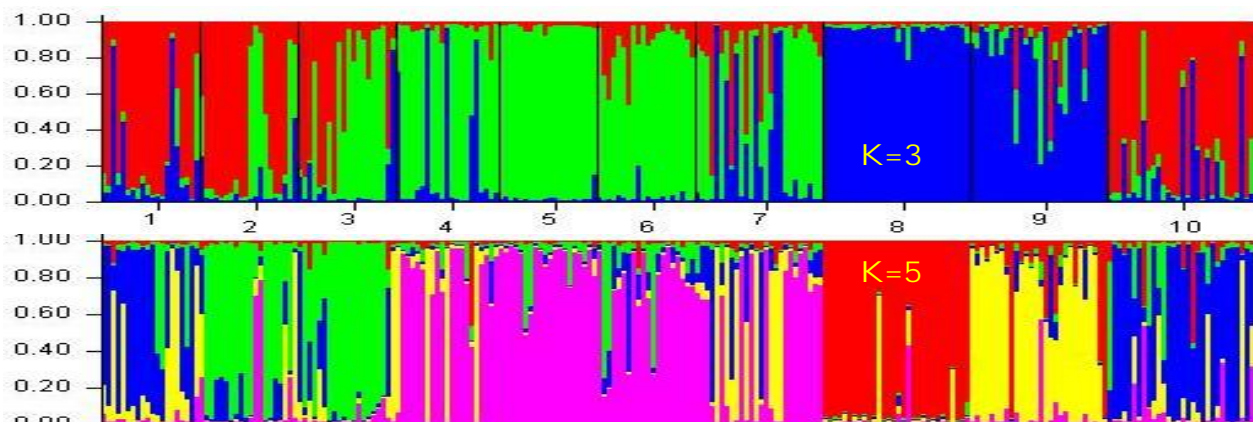


Figure 3 : Histogramme de la composition génétique de chaque truite (fines barres verticales) et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage total en 3 puis 5 lignées. Le découpage en 3 est statistiquement plus significatif.

Stations	k=3			k=5				
	Troumouise	G. de Pau	domestic	Cot	Troumouise	G. de Pau	domestic	Cauterets
Ruisseau de Cot	74	8	18	58	11	3	2	26
Ruisseau du Maillet	67	26	7	10	67	11	1	10
Ruisseau des Touyères	42	50	9	14	70	4	3	9
Gave de Pau (Gavarnie)	4	74	22	3	4	68	4	21
Arrens (Doubblas)	3	95	2	2	8	88	1	2
Arrens (Nouaux)	13	84	3	10	15	71	2	2
Bastan (3 stations)	18	55	27	15	3	50	3	29
pisciculture Isère	2	3	96	1	1	3	90	5
pisciculture Hérault (Cauterets 2014)	9	10	80	5	2	5	17	71
souche Puntas (Cauterets 2008)	76	9	15	66	10	7	6	11

Tableau 2 : Transposition des histogrammes de la Figure 3 en pourcentages. Pour $K=3$, découpage le plus significatif, il s'agit de la valeur moyenne de 6 tests répétés. Pour $K=5$, 3 tests successifs ont été effectués. Les valeurs en dessous de 5% sont peu fiables (bruit de fond) et sont en gris. Les couleurs de la Figure 3, données au hasard par le logiciel, sont celles des entêtes de ce tableau.

k=1	k=2	k=3	k=4	k=5	k=6	k=7	k=8	
							1	Cot
			1+10	1+10	1+10	1+10		
							10	Cauterets Puntas
		1+2+3+10						
					2	2	2	Maillet
			2+3	2+3				
	1+2+3+4+5+6+7+10				3	3	3	Touyères
						4+5	4+5	Gave de Pau
		4+5+6+7	4+5+6+7	4+5+6+7	4+5+6+8			
						6+7	6+7	Gave de Pau
				8	8	8	8	Domestique nationale
	8+9	8+9	8+9					
				9	9	9	9	Cauterets atlantique

Figure 4 : Totalité de la procédure d'assignation pour $K=1$ à $K=8$ représentée en arbre. Le découpage en 3 lignées ($K=3$, en orange) est le plus significatif, plus que le découpage en 5 (en jaune). Les trois lignées principales des truites de la région sont celles de Troumouise, du Gave de Pau et les domestiques. Les couleurs des lignées sont celles du Tableau2 pour $K=5$. Les subdivisions ultérieures sont réelles mais à peine perceptibles.

5.3. Paramètres populationnels

Globalement, les trois stations échantillonnées dans le cirque de Troumouise présentent un polymorphisme génétique élevé, proche de celui des lignées domestiques, connues pour être très polymorphes. C'est même la station la plus isolée et en altitude qui est la plus polymorphe, à

l'encontre du modèle classique (Hnb diminue avec l'altitude parce que les populations sont de plus en plus petites).

L'ensemble des populations des rivières des Hautes Pyrénées prises en compte présentent un déséquilibre panmictique (Fis significatif), généralement le signe de la présence de truites exogènes qui ne se sont pas reproduites avec les résidentes ou de mélange de populations distinctes.

Stations	Hnb	Ho	A	Fis	significativité
Ruisseau de Cot	0,70	0,63	6,5	0,10	*
Ruisseau du Maillet	0,63	0,53	5,3	0,15	**
Ruisseau des Touyères	0,65	0,58	6,7	0,10	*
Gave de Pau (Gavarnie)	0,78	0,66	8,8	0,16	***
Arrens (Doumbas)	0,65	0,59	5,8	0,10	*
Arrens (Nouaux)	0,72	0,63	7,3	0,13	**
Bastan (3 stations)	0,78	0,70	9,5	0,10	**
pisciculture Isère	0,66	0,64	6,0	0,04	ns
pisciculture Hérault (Cauterets 2014)	0,78	0,76	7,7	0,03	ns
souche Puntas (Cauterets 2008)	0,79	0,68	10,0	0,13	***

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

6. Interprétation et Discussion

6.1. Impact des repeuplements

Les analyses génétiques ne sont compréhensibles que par comparaison des truites de rivière, de nature inconnue (celles qui font l'objet de cette étude), avec les truites de référence connue. La présence de truites domestiques est détectée par ressemblance avec les truites de référence de pisciculture. Nous avons considéré comme possible l'introduction de truites domestiques des deux lignées élevées à la pisciculture de Cauterets et utilisées pour le repeuplement dans le département :

- la lignée « classique », très proche de la "lignée nationale", c'est à dire cette souche qui est échangée, souvent sous forme d'œufs, entre la majorité des piscicultures françaises et la pisciculture fédérale de Cauterets, qui, bien que locale au département, diffuse aussi dans le reste de la France.

- une souche locale, dite « Puntas » issue du gave du Marcadau dans le sous bassin de Cauterets.

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 3 et le Tableau 2 sont les meilleures représentations des hybridations sauvage/domestique potentielles. La souche « classique » de Cauterets (très proche de la souche nationale, d'après les Figures 2 et 4) semble avoir pénétré les divers sous-bassins (Troumouze, Gave de Pau, Bastan). Les rivières du cirque de Troumouze sont impactées de 7 à 26% ce qui est modéré. L'assignation en 5 lignées nous indique qu'il n'y a aucune trace de la souche nationale: ici on se fournit localement!

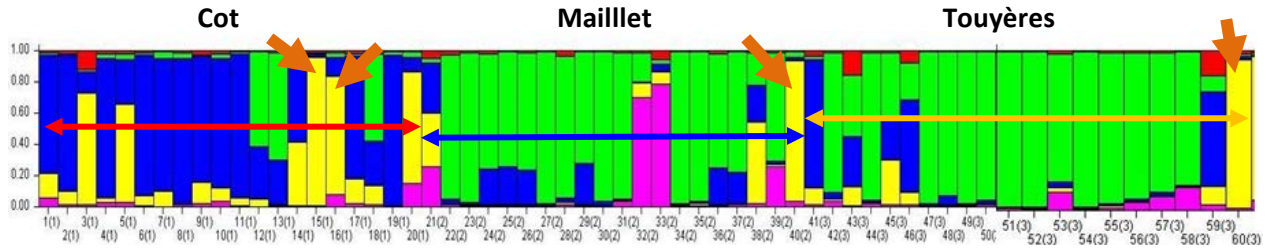


Figure 5 : Détail agrandi de l'analyse d'assignation présentée à la Figure 3 pour $K=5$. Cette figure se limite aux trois échantillons du cirque de Troumouse (flèche rouge = Cot, bleue = Mailllet, orange = Touyères). Le bleu marine représente la lignée sauvage amont dite "Cot", mais aussi la souche domestique Puntas, le vert la lignée sauvage amont dite "Troumouse" et le rose la lignée sauvage aval dite "Gave de Pau". Le rouge est la lignée domestique, souche commerciale nationale et le jaune la lignée Cauterets classique. Les flèches orange désignent les truites nées en pisciculture de Cauterets (2 truites dans le ruisseau de Cot, une dans le Mailllet et une aux Touyères). Il y a aussi probablement 7 truites hybrides à des niveaux divers (voir détails chiffrés en Annexe).

En détaillant la partie Troumouse de la Figure 5, et l'équivalent chiffré donné en Annexe, il est possible de détecter des truites nées en pisciculture (ici d'âge estimés entre 3 et 6 ans après lecture scalimétrique). Il est aussi possible de détecter des hybrides entre lignées sauvage et Cauterets (la littérature scientifique considère qu'avec une assignation supérieure à 10%, l'hybridation est avérée). On peut alors estimer l'introgression des populations de ces cours d'eau par les truites de la pisciculture de Cauterets (souche classique) à 26% dans le ruisseau du Cot (9 hybrides sur 19 truites non issues directement d'alevinage), 10% dans le ruisseau du Mailllet (2 hybrides sur 19) et 9% dans le gave des Touyères (3 hybrides sur 19).

La quasi identité génétique de la souche locale dite Puntas de la pisciculture de Cauterets avec l'échantillon capturé dans le ruisseau de Cot pose un vrai problème d'interprétation. Nous savons que la souche Puntas de la pisciculture de Cauterets vient du gave du Marcadau (sous bassin de Cauterets, différent du sous bassin de Gavarnie dans lequel se trouve Troumouse), domestiquée entre 1990 et 1995. Si elle n'est plus utilisée aujourd'hui que dans le sous bassin de Cauterets, elle a pu être occasionnellement utilisée dans différents bassins des Hautes-Pyrénées (notamment dans le sous bassin du gave de Gavarnie et donc à Troumouse).

Trois hypothèses peuvent être proposées:

(i) une première hypothèse serait une similitude fortuite (simplement due au hasard donc fautive) entre les échantillons du ruisseau du Cot et de la souche Puntas de la pisciculture de Cauterets à cause du nombre limité (6) de marqueurs utilisés et des particularités de la méthode d'assignation (le projet PAU2016, projet ISEM de méta-analyse de tous les échantillons du Gave de Pau, mêlera ces échantillons à beaucoup d'autres, et mettra cette similitude à l'épreuve);

(ii) une deuxième hypothèse serait une forte similitude naturelle (donc vraie) entre la population du ruisseau du Cot et les truites du gave du Marcadau d'où provient la souche Puntas (le projet PAU2016 prévoit de tester cette similitude en ré analysant la population du Marcadau);

(iii) autre possibilité: le ruisseau du Cot a été repeuplé par la souche Puntas à un moment où la population résidente était très affaiblie ou inexistante (du fait de son altitude et des obstacles infranchissables dans la partie aval), et cette souche domestique s'y serait naturalisée. Le faible effectif de truites du ruisseau du Cot (estimé dans sa globalité à moins de 300 individus en 2015) rend cette hypothèse possible. Dans cette situation en effet, le moindre repeuplement peut

provoquer l'établissement d'une nouvelle population. Cependant, le fait que le ruisseau du Cot ait été repeuplé avec la souche classique pendant plusieurs années sans que celle-ci se soit installée peut difficilement s'expliquer par les aléas climatiques et écologiques, différents chaque année. Si la souche Puntas a été utilisée à Troumouse, c'est minime par rapport aux alevinages avec la souche classique (1000 à 3000 alevins/an pendant des années). Cette hypothèse signifierait alors que le patrimoine génétique de la souche Puntas/Marcadau est plus favorable à la naturalisation de cette souche plutôt qu'une autre en milieu naturel, hypothèse difficile à démontrer. D'autre part, il existe une certaine convergence phénotypique (analyse visuelle simple et non étayée statistiquement) entre les truites du ruisseau du Cot et celles du ruisseau du Maillet et du gave des Touyères, qui ne plaide pas en faveur de cette troisième hypothèse (la comparaison Cot-Puntas n'a pas été faite).

Dans la présente étude, la distinction Cot/Puntas n'apparaît que pour $K=8$, découpage très poussé et décrivant une structure tellement faible qu'elle pourrait être due à l'adaptation de la souche Puntas dans la nature (dans l'hypothèse d'une origine Puntas de la population du Cot).

6.2. Structure génétique naturelle des truites du cirque de Troumouse

Le doute subsiste concernant l'appartenance des truites du ruisseau du Cot à une lignée sauvage ou à la lignée « Puntas » élevée à la pisciculture de Cauterets et qui aurait pu se naturaliser dans ce cours d'eau suite à un événement l'ayant affaibli. Ce doute ne pourra être levé que par des analyses complémentaires.

Les trois cours d'eau analysés étant géographiquement très proches, il n'est pas étonnant qu'en dehors des formes introduites de la lignée classique, ils soient tous peuplés de la même forme sauvage (pour $K=3$) dite "Troumouse" vers l'amont, additionnée de la forme "Gave de Pau" vers l'aval (surtout dans le gave des Touyères). Dans l'état actuel des recherches, le fait que l'assignation pour $K=3$ décrive la structure la plus forte (selon la méthode d'Evanno et al. de 2005) corroborant la convergence phénotypique des truites du ruisseau du Cot et des ruisseau du Maillet et du gave des Touyères (Étude des populations de truites des cours d'eau du cirque de Troumouse, rapport FDAAPPMA65/PNP, février 2016) nous autorise à accepter le découpage en 3 lignées ($K=3$). Des différences génétiques faibles séparent toutefois le ruisseau de Cot (station plus en amont) des deux autres stations.

6.3. Apport des paramètres populationnels

Ils indiquent d'abord que ces cours d'eau de montagne sont habités par des populations de truites génétiquement très diversifiées (voir paramètre Hnb et A du Tableau 2), ce qui est signe de bonne santé.

Les présences modérées de truites issues d'alevinage avec la souche dite « classique » nées dans la pisciculture de Cauterets mais aussi d'hybrides domestique/naturel expliquent probablement les déséquilibres panmictiques plus ou moins importants mesurés dans toutes les populations naturelles analysées. Des perturbations de type climatique entraînant des mouvements de populations peuvent aussi expliquer ces déséquilibres statistiques.

Ceci ne retire pas aux populations du cirque de Troumouse, présentant moins de 25% de présence domestique, de mériter une gestion patrimoniale afin de préserver cette lignée locale. Il reste cependant à comprendre la similitude génétique entre le peuplement du ruisseau de Cot et la souche Puntas de la pisciculture de Cauterets. Une analyse plus large donnant une vue d'ensemble du bassin amont du gave de Pau serait souhaitable de ce point de vue.

Fait à Montpellier le 23 février 2016

7. Références bibliographiques

La plupart des rapports cités sont consultables sur le site:

<http://data.oreme.org/trout/home> (utiliser le navigateur Mozilla Firefox)

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., Schikorski D. 2014. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Septembre 2014 - 2/3: Rapport d'étude pour la FNPF, Université Montpellier 2. 24p (**GT2014**)

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.

Berrebi P., Schikorski D. 2015. Structure génétiques des truites du haut bassin du gave de Pau: le gave d'Arrens et son affluent le Larribet - Rapport **ARRENS**: Rapport d'analyse pour la FDAAPPMA65, Université de Montpellier. 15p.

Berrebi P., Schikorski D. (en préparation). Structure génétiques des truites du Bastan dans le cadre du suivi de sa recolonisation et de 3 de ses affluents (ruisseau de La Glère, d'Ets Coubous et Bolou) après la crue de juin 2013 - Rapport **BASTAN**: Rapport d'analyse pour la FDAAPPMA65, Université de Montpellier.

Evanno G., Regnaut S., Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611-2620.

8. Annexe

Composition génétique de chaque truite analysée (transposition de la Figure 3)

	Station	Troumo use	G, de Pau	domestic	Cot	Troumou se	G. de Pau	domestic	Cauterets
	Cot	74	8	18	58	12	3	2	25
	Maillet	67	26	7	8	69	12	1	10
	Touyères	42	50	9	14	71	4	3	9
	Gave de Pau	4	74	22	3	4	69	4	22
	Arrens (Doumbas)	3	95	2	2	7	89	1	2
	Arrens (Nouaux)	13	84	3	10	15	71	2	2
	Bastan (3 stations)	19	55	27	16	3	50	3	29
	pisciculture Isère	2	3	96	1	1	3	90	5
	Cauterets 2014	9	10	80	6	2	5	17	70
	Puntas 2008	76	9	15	66	11	7	6	11
N° tube	Station	Troumo use	G, de Pau	domestic	Cot	Troumou se	G. de Pau	domestic	Cauterets
1	Cot	84	11	5	79	1	6	1	13
2	Cot	91	4	5	89	1	1	1	8
3	Cot	10	3	87	15	1	2	12	71
4	Cot	84	7	9	90	2	3	2	3
5	Cot	50	6	44	30	4	3	2	62
6	Cot	93	3	4	90	2	1	1	6
7	Cot	92	1	7	86	4	1	1	9
8	Cot	93	6	2	93	4	2	1	1
9	Cot	85	4	11	82	1	2	2	12
10	Cot	90	6	4	83	3	4	2	8
11	Cot	96	2	2	93	1	1	1	5
12	Cot	95	2	3	27	68	1	1	4
13	Cot	97	2	2	19	78	1	1	1
14	Cot	78	2	20	55	4	1	2	38
15	Cot	6	3	91	2	1	1	1	95
16	Cot	39	31	30	14	3	9	1	73
17	Cot	86	6	8	81	1	2	2	14
18	Cot	86	4	10	22	63	2	2	12
19	Cot	98	1	1	96	2	1	0	1
20	Cot	19	59	22	10	3	16	1	70
21	Maillet	42	34	25	31	3	29	5	33
22	Maillet	93	5	3	2	94	1	2	1
23	Maillet	92	6	2	1	96	1	1	1
24	Maillet	96	2	2	13	84	1	2	1
25	Maillet	97	2	1	14	84	1	1	1
26	Maillet	96	3	1	12	85	1	1	1
27	Maillet	94	4	1	1	97	1	1	1
28	Maillet	87	9	4	2	92	2	3	1
29	Maillet	97	2	1	16	82	1	1	1
30	Maillet	96	2	1	2	96	1	1	1
31	Maillet	13	85	2	1	94	4	1	1
32	Maillet	2	95	3	1	15	75	1	8
33	Maillet	7	74	20	5	3	78	5	8
34	Maillet	50	48	2	1	97	1	1	1
35	Maillet	80	18	2	1	96	1	1	1
36	Maillet	96	2	3	13	83	1	2	1
37	Maillet	96	3	1	11	86	1	1	1
38	Maillet	85	5	10	23	22	2	1	52
39	Maillet	10	89	2	2	66	29	1	2
40	Maillet	13	40	47	2	3	4	1	91
41	Touyères	81	4	14	84	2	2	3	9
42	Touyères	86	13	2	4	90	4	1	2
43	Touyères	77	1	22	28	44	1	16	12
44	Touyères	22	77	1	2	94	3	1	1
45	Touyères	92	4	5	24	44	2	1	29
46	Touyères	91	2	8	57	26	2	8	8
47	Touyères	55	44	1	1	97	1	1	1
48	Touyères	95	4	1	5	93	1	1	1
49	Touyères	11	87	2	1	97	1	1	1
50	Touyères	61	37	2	2	95	2	1	1
51	Touyères	4	95	1	1	97	2	1	1
52	Touyères	22	78	1	1	97	1	1	1
53	Touyères	5	93	3	4	78	13	2	2
54	Touyères	9	89	2	1	97	1	1	1
55	Touyères	32	66	2	2	94	2	1	1
56	Touyères	4	95	1	1	91	7	1	1
57	Touyères	4	95	1	2	85	12	1	1
58	Touyères	2	97	1	1	81	18	1	1
59	Touyères	70	9	21	58	11	4	16	11
60	Touyères	9	7	84	2	1	2	2	93