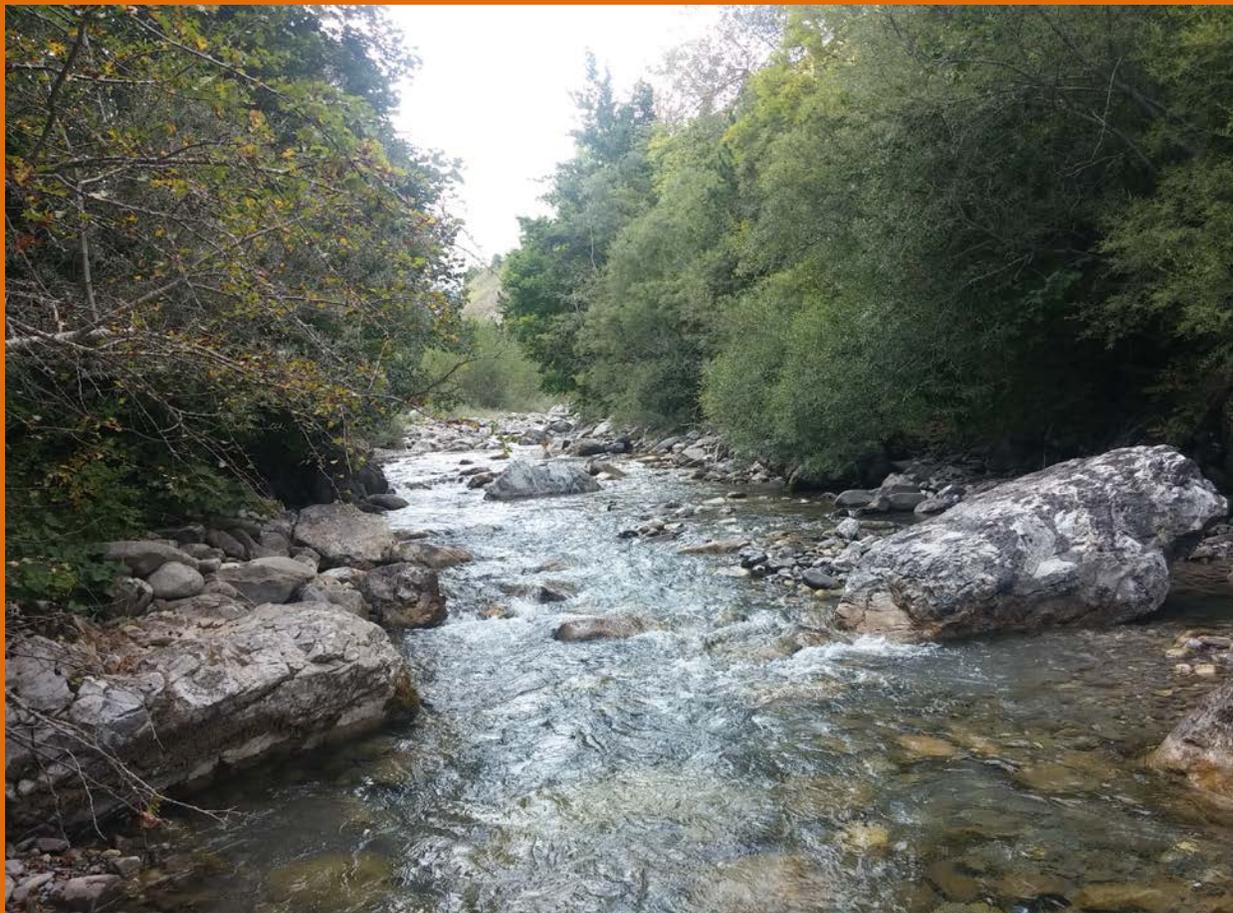


Analyse génétique des populations de truite fario des affluents de la Durance amont

projet DUR9
Rapport d'avril 2016



Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**
ISEM, Université de Montpellier, 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

Analyses écologiques: **David DOUCENDE**
Fédération des Hautes-Alpes pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique
16 avenue Jean Jaurès - Vapincum II, 05000 GAP
Tél: 04 92 53 54 71, Mél: fede.peche05@orange.fr

1. Introduction

La gestion de la truite commune des rivières françaises est une activité complexe du fait de la multitude des pratiques de gestion passées et de la diversité naturelle de l'espèce. 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.

Le projet DUR9 participe à la description génétique des truites de l'ensemble du bassin de la Durance en amont de la retenue de Serre-Ponçon en s'intéressant aux nombreux affluents non échantillonnés jusqu'à présent : Cerveyrette, Torrent des Ayes, Couleau, Rabioux, Crévoux, Les Vachères et le Réallon.

Pour rappel, depuis 2004, le Guil, la Clarée, la Guisane, la Biaysse, la Gyronde et le cours principal de la Durance (DUR 6) ont donné lieu précédemment à des investigations génétiques des populations de truite commune.

Ces analyses avaient montré que :

- La Durance en amont de Serre-Ponçon est très faiblement influencée par les repeuplements en truites domestiques atlantiques et est peuplée par 90% de truites sauvages autochtones méditerranéennes (MED),
- la population sauvage autochtone de truites méditerranéennes (MED) du bassin de la Durance combine les types génétiques issus de ses affluents : Clarée, Biaysse et Guil,
- le peuplement de la Durance dépend essentiellement de ses affluents dont les individus dévalent pour venir s'y accumuler,
- la Durance, en amont de Serre-Ponçon, été très régulièrement alevinée et en grande quantité mais ceux-ci ne génèrent aucun intérêt pour la pêche de loisir.
- les truites de la Durance présentent 51% de forme AD calcul fait sur 31 truites analysées sur leur ADN mitochondrial entre 1997 et 2009 à l'ISEM). La lignée "adriatique AD" doit être comprise comme une seconde lignée méditerranéenne. Elle est répandue dans les montagnes de France continentale (Pyrénées et Alpes,) et Corse (c'est la fameuse truite ancestrale corse appelée à tort "macrostigma"), en Espagne, Italie (continent et Sardaigne), Balkans, Grèce et Turquie.

Suite à ces études, la décision avait été prise de faire évoluer la gestion piscicole et les pratiques d'alevinage qui s'étaient avérées inefficaces sur ces cours d'eau. Depuis 2013, il a été accepté sur tout le bassin de la Durance en amont de Serre-Ponçon, de stopper les introductions de truites domestiques à grande échelle (stade résorption, alevins, etc...) et de limiter les déversements à la satisfaction de la demande halieutique immédiate : lâchés de truites adultes « surdensitaires » sur des parcours spécifiques (parcours attractifs).

Sans présenter de menaces pour la population de truites autochtone de la Durance, il a aussi été décidé de poursuivre les alevinages du secteur aval de ce tronçon de la Durance, dès la confluence du torrent du Rabioux, qui dispose naturellement de peu de frayères. Ce secteur est favorable au développement, à la croissance puis à la dévalaison des individus domestiques qui rejoindront ensuite la retenue artificielle de Serre-Ponçon.

Le maintien du peuplement de truites lacustres dans la retenue de Serre-Ponçon est fortement dépendant de cette gestion (53% de truites domestiques dans le lac selon l'étude DUR4 de 2008).

2. Les échantillons analysés

Les 13 échantillons de 15 à 30 fragments de nageoires dans l'alcool ont été remis à l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 4 décembre 2015 par la Fédération des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) des Hautes Alpes (FD05). Monsieur David DOUCENDE est le correspondant de la FD05 auprès de l'ISEM.

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des truites des 13 échantillons avec des truites de type connu.

Ainsi, aux échantillons de 2015 ont été rajoutés les échantillons des trois lignées locales connues (lignées Clarée, Biaysse et Guil) déjà analysées par l'ISEM dans divers affluents du sous bassin. Cela permettra de décrire l'originalité éventuelle des divers échantillons de 2015. Enfin un échantillon de truites domestiques appartenant à la lignée commerciale atlantique permettra de détecter l'impact des repeuplements.

Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1. Leurs localisations sont précisées à la Figure 1.

N° carte	Station	Lieu dit	Date	Nbre	Rapport	N° ISEM échantillons	N° ISEM individus
1	Cerveyrette amont	Le Rocher Mout	01/10/2014	30	DUR9	L693	T29203-T29232
2	Cerveyrette aval	Terre Rouge	01/10/2014	30	DUR9	L692	T29173-T29202
3	Ayes	Aval Champ Rond	02/10/2014	30	DUR9	L694	T29233-T29262
4	Couleau amont	Près du Plai	10/09/2015	15	DUR9	L703	T29428-T29442
5	Couleau aval	Le Coudounier	10/09/2015	15	DUR9	L702	T29413-T29427
6	Rabioux amont	Amont distroit	19/08/2015	15	DUR9	L699	T29353-T29367
7	Rabioux aval	RTM - St-Marcellin	19/08/2015	16	DUR9	L700	T29368-T29383
8	Crévoux amont	La Ribière	16/10/2014	16	DUR9	L695	T29263-T29278
9	Crévoux aval	Marais du Bourget	16/10/2014	14	DUR9	L696	T29279-T29292
10	Vachères amont	Les sagnettes	15/10/2014	30	DUR9	L697	T29293-T29322
11	Vachères aval	Baratier les Airelles	15/10/2014	30	DUR9	L698	T29323-T29352
12	Réallon amont	Pont des Rousses	09/09/2015	29	DUR9	L701	T29384-T29412
13	Réallon aval	Raméas	23/09/2015	30	DUR9	L704	T29443-T29472
14	Ville Vieille		27/09/2004	30	DUR1	F303	T07915-T07944
15	Guisane amont	Chapelle Font Cilbert	2012	30	DUR7A	L534	T23881-T23910
16	Biaysse amont		08/08/2007	32	DUR3	L104	T11555-T11586
17	pisciculture Isère		2008	30	GSALM2	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. En jaune les échantillons de 2014 et 2015 à analyser; en blanc les échantillons de référence servant aux comparaisons (les rapports DUR6 et DUR8 avaient montré que trois lignées appelées Guil, Clarée et Biaysse structuraient les truites de la Durance); en gris la référence domestique atlantique.

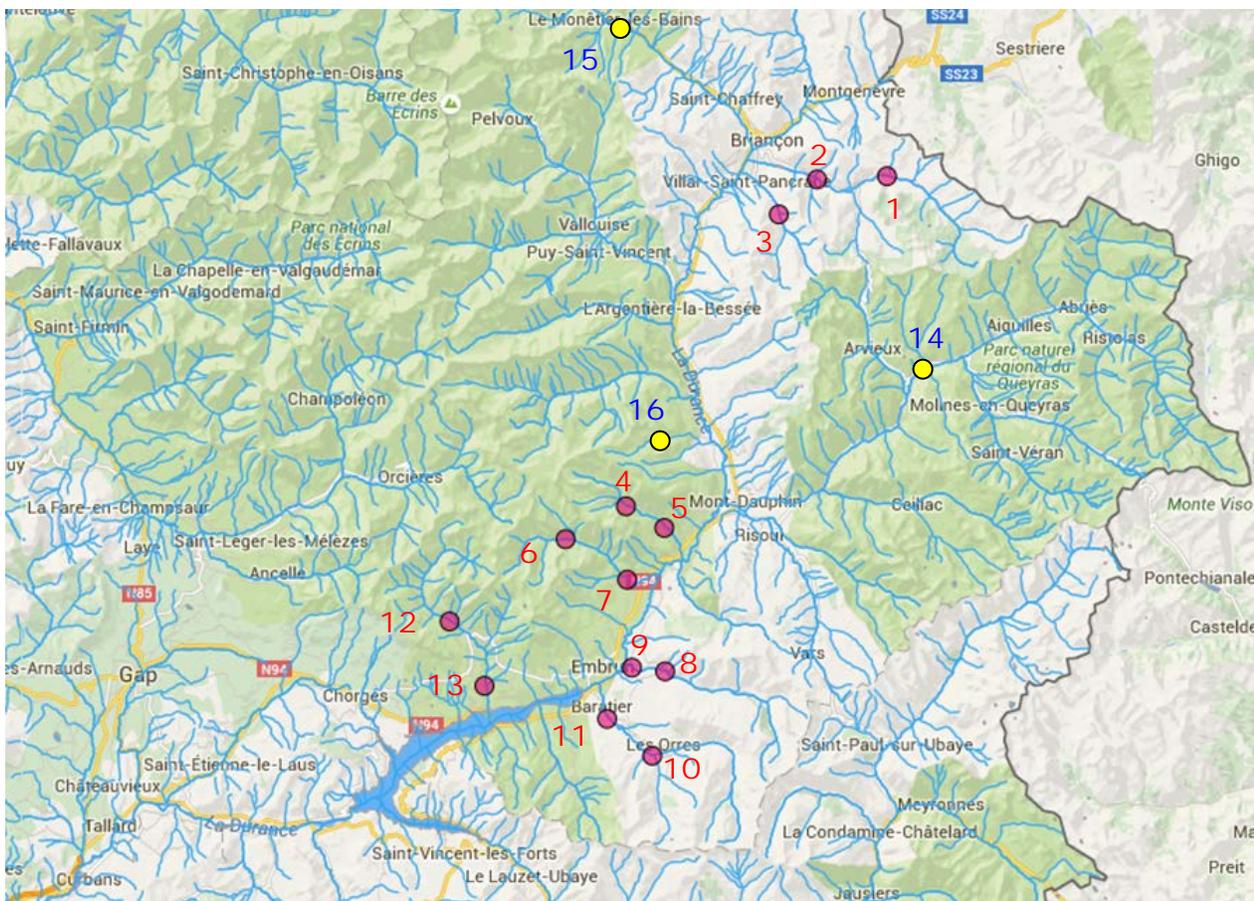


Figure 1 : Positionnement géographique des 13 stations échantillonnées en 2015 (ronds rouges) ainsi que des stations de référence proches (ronds jaunes). Les chiffres renvoient au Tableau 1.

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 4 locus microsatellites nommés One μ 9, Mst85, Ss0SL-311 et Ssa-197. 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. Le nombre objectif de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER;

- **Les paramètres populationnels**, c'est à dire les paramètres classiques de la génétique des populations sont calculés pour chaque échantillon et comparés : **la diversité génétique** grâce à **H_o** (hétérozygotie observée qui compte la proportion de génotypes hétérozygotes) et à **H_{nb}** (hétérozygotie attendue non biaisée qui compte cette proportion si les populations étaient en équilibre panmictique).

Puis le **F_{is}** est estimé (mesure de l'écart à la panmixie qui est la reproduction équiprobable de tous les membres de la population), donnant une idée du déséquilibre éventuel dû à une immigration, un repeuplement ou une migration dans le cycle biologique de la truite.

Enfin, les **distances génétiques** et les **F_{st}** estiment la quantité de différence génétique qui sépare les échantillons 2 à 2. S'ils ne sont pas significatifs, c'est que les deux échantillons ont été obtenus de la même population, démontrant des déplacements de truites entre les deux stations.

5. Résultats

5.1. Débroussaillage par AFC

Le nombre considérable d'échantillons impliqués (17 en comptant les références) aboutit à un graphique inextricable quand on veut représenter tous les individus, d'autant plus que les différences génétiques entre truites sauvages de la Durance est faible et que l'analyse à 4 marqueurs a une efficacité discriminante limitée. C'est pourquoi cette première méthode est présentée sous forme des centres de gravité des échantillons (un seul point par échantillon).

La première image des analyses génétiques, par AFC (Figure 2), qui permet de comparer l'ensemble des échantillons, montre une masse compacte en haut à droite (les truites qui nous intéressent) correspondant à l'essentiel des affluents échantillonnés.

Le positionnement des références Guil et Clarée (échantillons 14 et 15) dans ce même nuage nous indique déjà les lignées qui s'y trouvent.

La référence Biaysse (échantillon 16) et la référence domestique semblent exclues (centres de gravité éloignés du coin supérieur droit).

La position surprenante des échantillons du Couleau, éloigné des références domestiques, laisse présager d'une nouvelle lignée naturelle.

L'ensemble de ces observations pourra être chiffrée par l'analyse d'assignation qui suit.

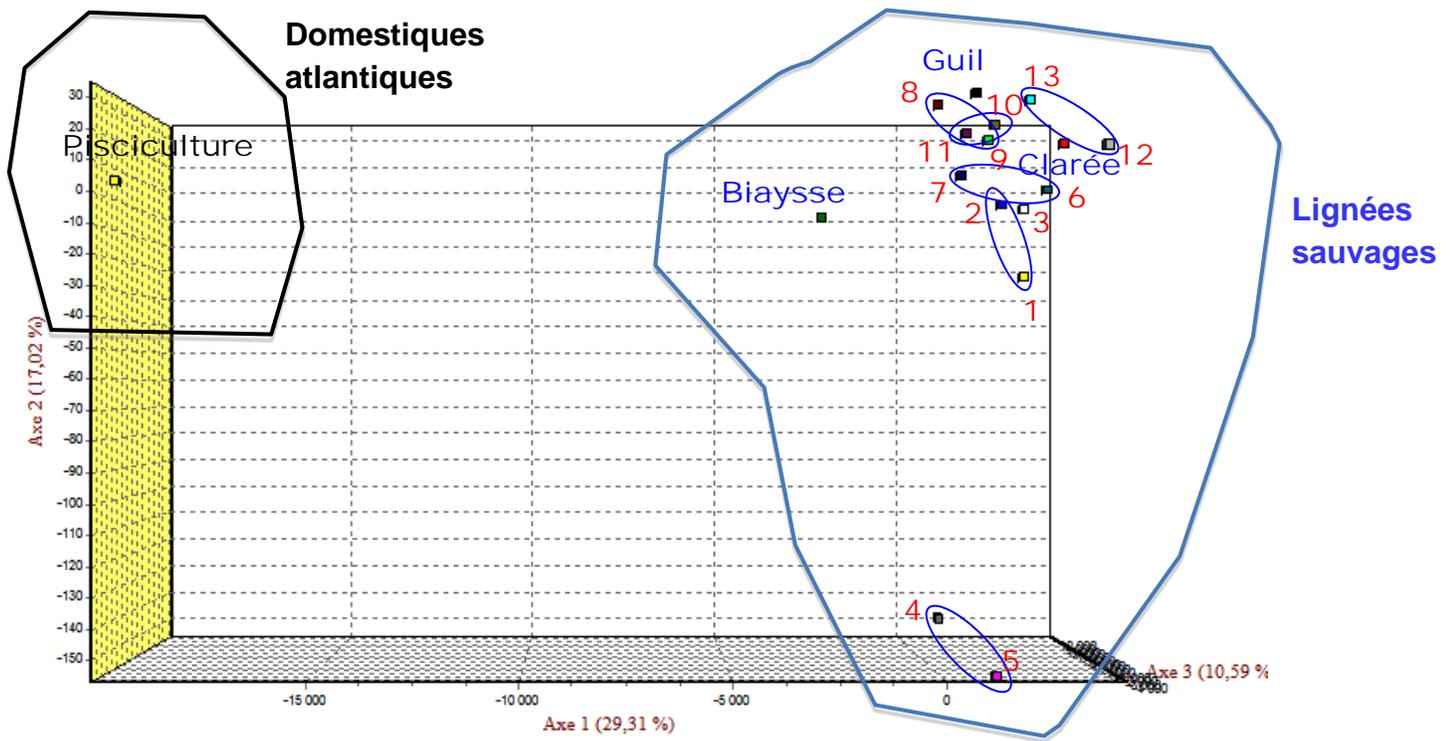


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) des centres de gravité des 13 échantillons du présent rapport et des 4 échantillons de référence. Les numéros se rapportent à ceux de la première colonne du Tableau 1:

- *en rouge* les nouveaux échantillons,
- *en bleu* les échantillons de rivière de référence,
- *en noir* la référence domestique.

Les petites ellipses relient les échantillons amont-aval du même cours d'eau. La lignée Biaysse (n°16) participe moins que les autres à la composition des populations étudiées. Le Couleau (4+5) semble bien distinct des autres affluents.

N° carte	Station
1	Cerveyrette amont
2	Cerveyrette aval
3	Ayes
4	Couleau amont
5	Couleau aval
6	Rabioux amont
7	Rabioux aval
8	Crévoux amont
9	Crévoux aval
10	Vachères amont
11	Vachères aval
12	Réallon amont
13	Réallon aval
14	Ville Vieille
15	Guisane amont
16	Biaysse amont
17	pisciculture Isère

Les analyses AFC suivantes opposent successivement les échantillons naturels de chacune des rivières aux 4 échantillons de référence : Clarée, Biaysse, Guil et truites atlantiques (pisciculture).

Plus les deux nuages (naturel/domestique) se rapprochent, plus les repeuplements en truites domestiques ont eu un impact.

Plus il y a d'hybrides (points en position intermédiaire) et plus cet impact est ancien.

On nomme "introgression" toute hybridation à descendants fertiles, susceptibles de se maintenir dans les générations suivantes.

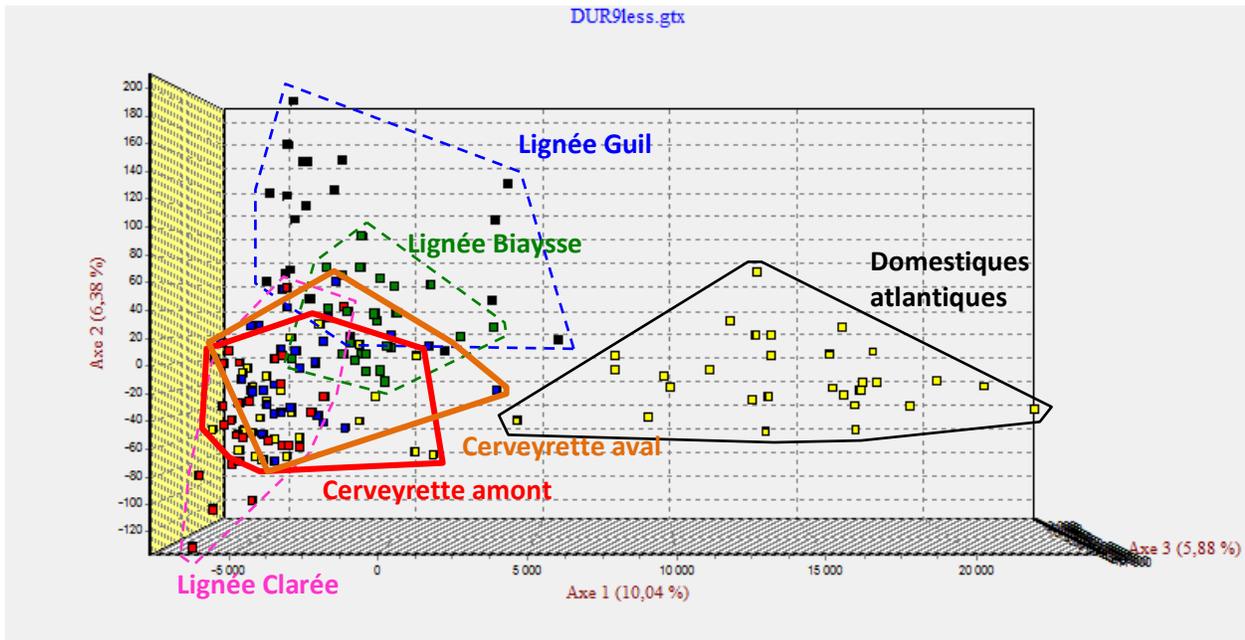


Figure 2a : Analyse multidimensionnelle des truites de la *Cerveyrette*, des trois lignées locales : Guil, Clarée, Biaysse et d'une souche domestique atlantique.

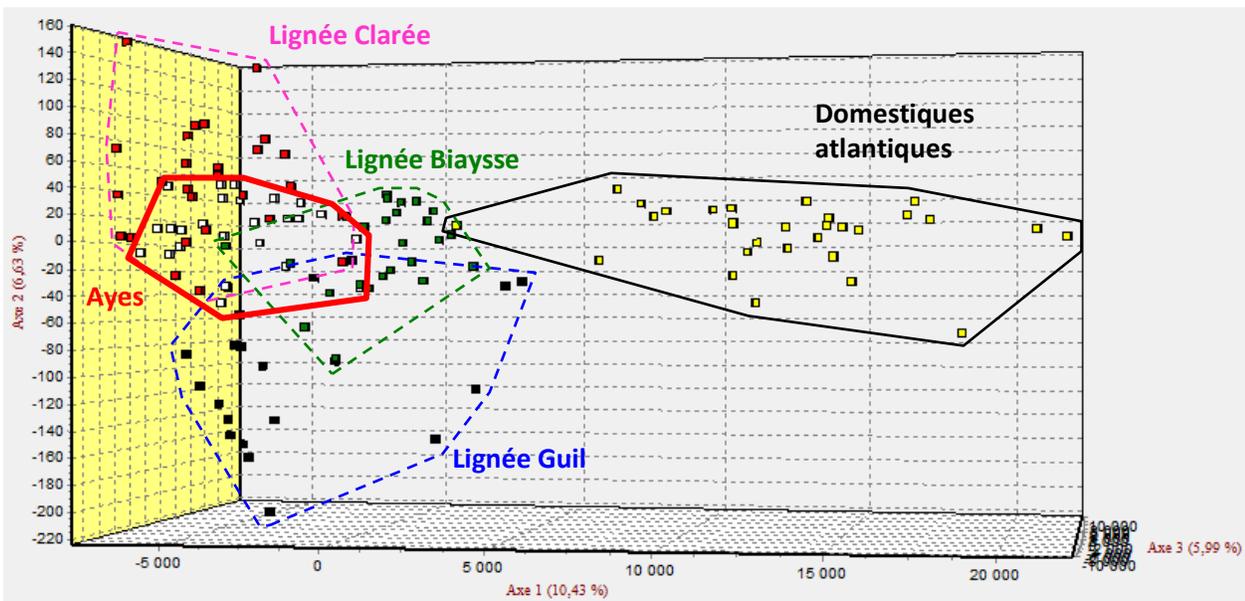


Figure 2b : Même analyse mais présentant chaque truite du torrent de l'*Ayes*, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

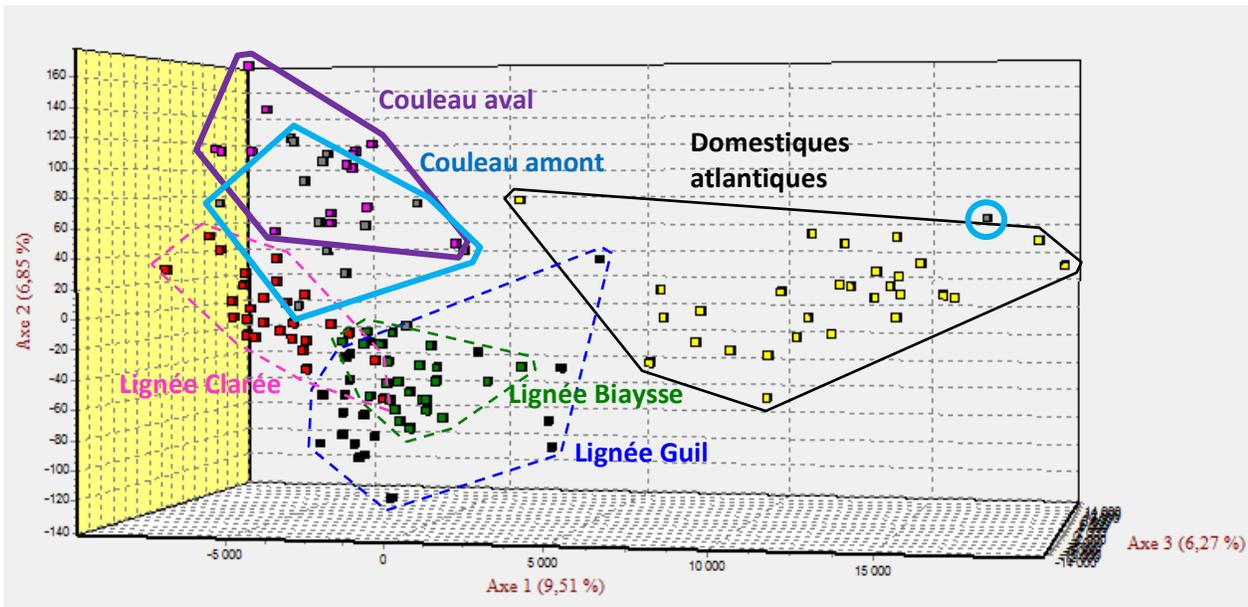


Figure 2c : Même analyse mais présentant chaque truite du **Couleau**, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

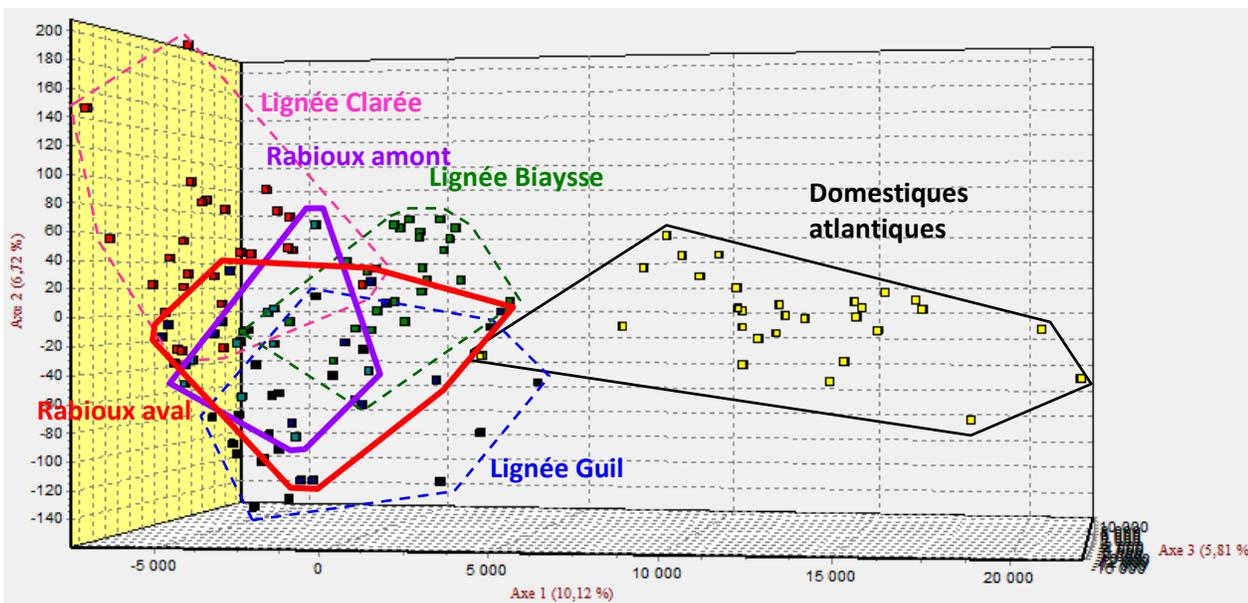


Figure 2d : Même analyse mais présentant chaque truite du **Rabioux**, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

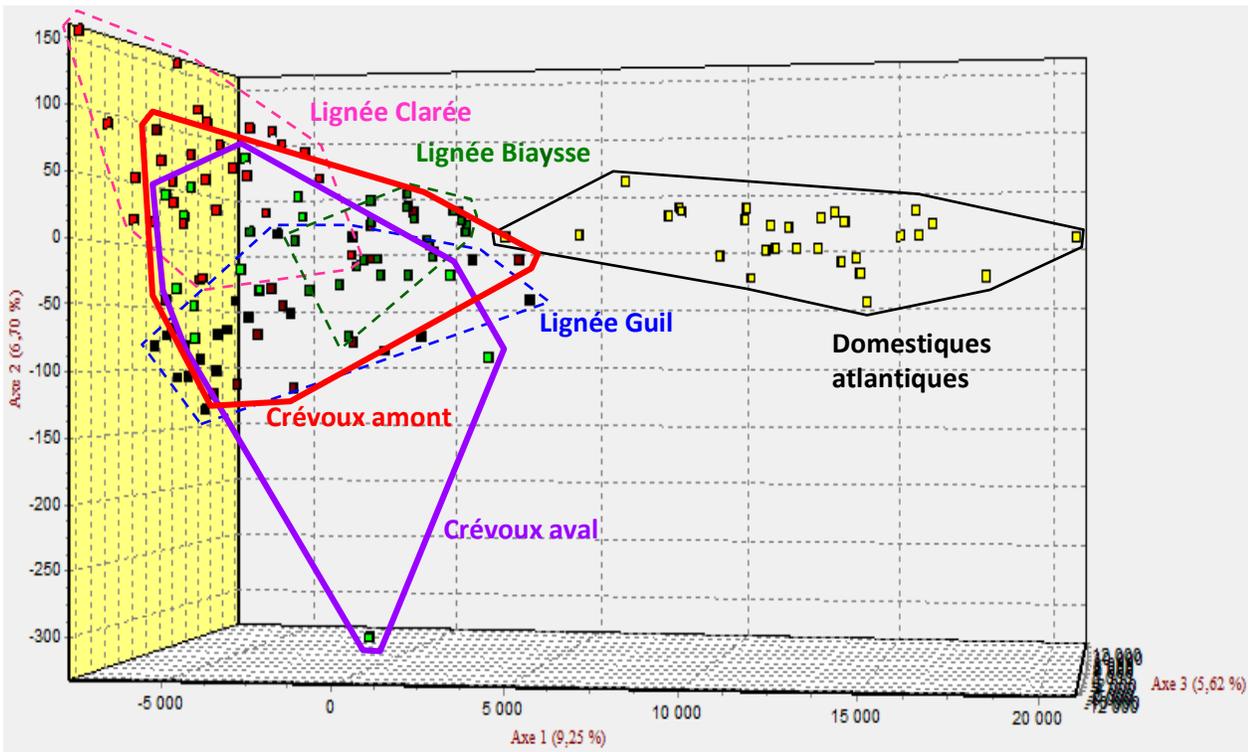


Figure 2f : Même analyse mais présentant chaque truite du Crévoux, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

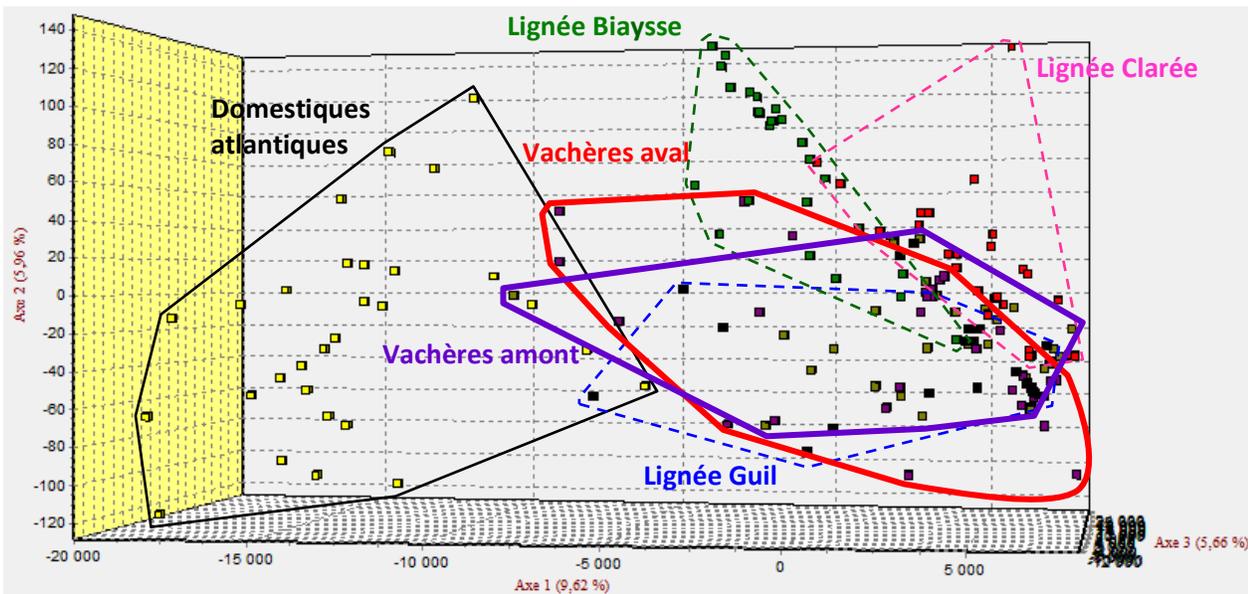


Figure 2g : Même analyse mais présentant chaque truite du Vachères, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

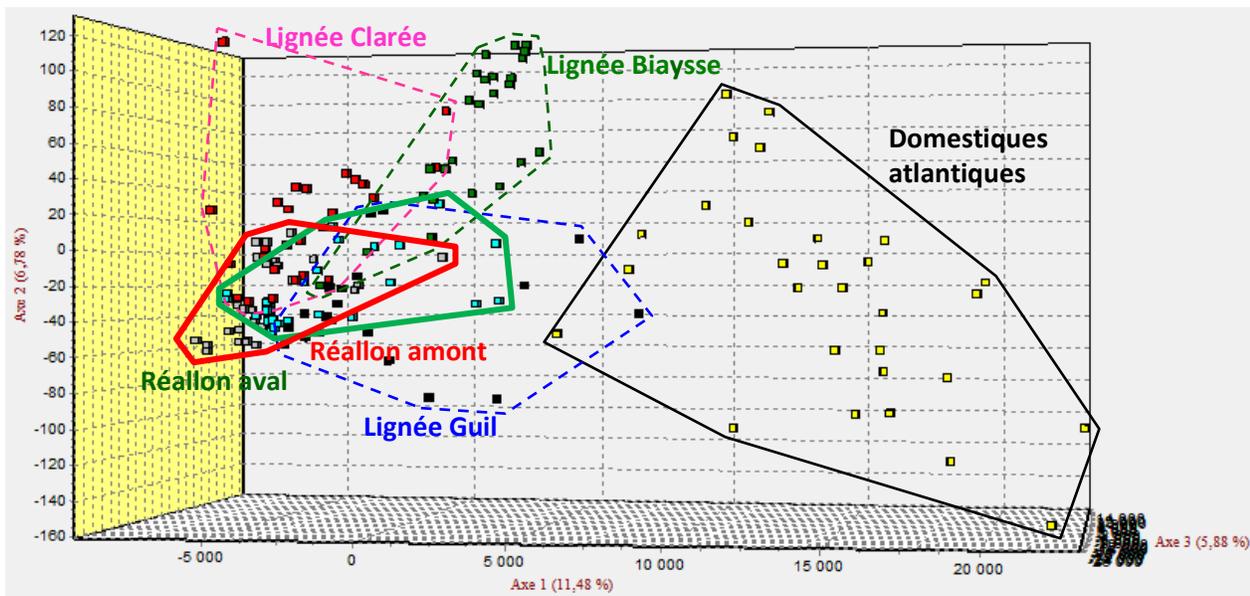


Figure 2h : Même analyse mais présentant chaque truite du **Réallon**, des trois lignées locales et d'une souche domestique atlantique.

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.

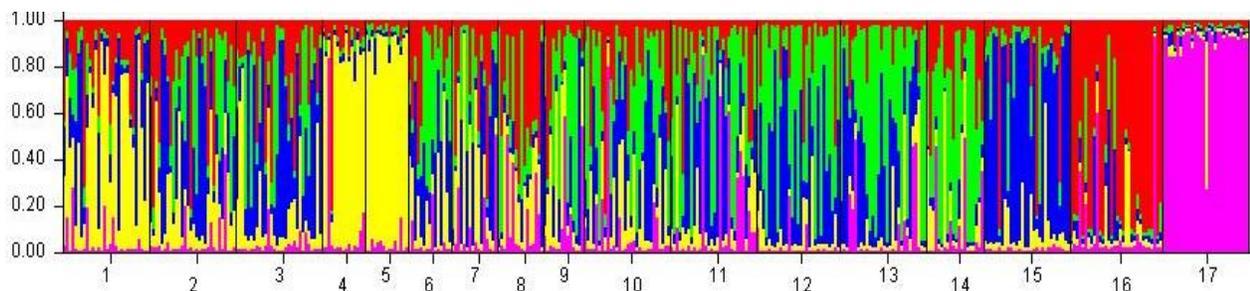


Figure 3 : Histogramme de la composition génétique de chaque truite (fines barres verticales) et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage total en 5 lignées ($K=5$). Les truites domestiques sont en mauve, lignée Couleau en jaune, lignée Clarée en bleu, lignée Guil en vert et la lignée Biaysse en rouge

Les observations faites sur la Figure 2 sont confirmées par cette analyse.

Déterminer le meilleur découpage (en K sous-groupes) est la partie la plus délicate de ces analyses. Le logiciel d'aide à la décision (STRUCTURE HARVESTER) n'a pas été utile puisqu'il indique que la structure la plus forte est obtenue pour $K=2$, puis $K=3$ puis $K=6$.

Visuellement, c'est K=5 qui est le plus pertinent puisque c'est le découpage minimum qui distingue les trois lignées déjà connues de la région: Clarée, Guil et Biaysse.

Une fois justifiée la méthode employée, Figure 3 et Tableau 2 apportent des informations très intéressantes :

- il semble qu'une quatrième lignée naturelle soit présente dans le seul cours d'eau du Couleau,
- l'essentiel des affluents analysés se disputent les lignées Guil et Clarée, parfois presque à égalité,
- les différences amont-aval des mêmes affluents sont généralement faibles,
- la lignée domestique est généralement présente à faible pourcentage (de l'ordre de 4 à 14%).

N° carte	Station	Guil	Clarée	Biaysse	Couleau	domestique atlantique
1	Cerveyrette amont	6	22	19	48	5
2	Cerveyrette aval	21	32	24	19	5
3	Ayes	20	39	21	17	3
4	Couleau amont	3	3	12	73	9
5	Couleau aval	3	4	3	87	4
6	Rabioux amont	30	29	19	18	4
7	Rabioux aval	20	27	20	24	9
8	Crévoux amont	23	11	35	19	12
9	Crévoux aval	35	19	15	20	12
10	Vachères amont	32	26	19	15	8
11	Vachères aval	33	28	15	11	14
12	Réallon amont	44	36	10	7	3
13	Réallon aval	46	30	7	9	8
14	Ville Vieille (type Guil)	51	4	21	15	9
15	Guisane (type Clarée)	11	64	15	8	2
16	Biaysse amont	6	8	70	7	9
17	pisciculture Isère	1	2	3	4	90

Tableau 2 : Chiffrage en pourcentages de la Figure 3. Les entêtes reproduisent les couleurs de la Figure 3. Cellules jaunes: de 20 à 50%; cellules orange: de 50 à 100%.

Les valeurs \leq à 5% (bruit de fond) ne sont pas significatives.

Ce qu'il faut retenir :

- Ces calculs ne dénombrent pas des truites mais des gènes (plus exactement des allèles de gènes). Pour un dénombrement des truites, se reporter au tableau 5.

- Les pourcentages de gènes domestiques présents dans chaque échantillon sont très faibles : entre 4 et 14% (dernière colonne);

5.3. 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 permettent d'obtenir des informations biologiques sur les populations analysées.

Ainsi les paramètres Hnb, Ho et A renseignent sur le polymorphisme de chaque population. Ho est la diversité génétique observée et Hnb 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 Ho et Hnb permet de calculer le Fis qui renseigne sur cette panmixie. Le Tableau 3 donne les résultats obtenus ainsi que leur niveau de significativité.

Les valeurs attendues sont :

- une réduction de la diversité des populations de l'aval vers l'amont, ce qui est souvent le cas et
- panmixie (Fis non significatif) pour les populations non manipulées (sans hybridation), ce qui n'est pas le cas.

N° carte	Station	Hnb	Ho	A	Fis	signific,
1	Cerveyrette amont	0,65	0,55	5,3	0,16	**
2	Cerveyrette aval	0,54	0,51	6,0	0,05	ns
3	Ayes	0,59	0,57	4,8	0,04	ns
4	Couleau amont	0,73	0,68	6,3	0,06	ns
5	Couleau aval	0,65	0,78	5,0	-0,22	**
6	Rabioux amont	0,57	0,43	4,8	0,24	**
7	Rabioux aval	0,70	0,50	5,0	0,29	***
8	Crévoux amont	0,73	0,63	6,0	0,15	**
9	Crévoux aval	0,76	0,64	6,0	0,16	**
10	Vachères amont	0,68	0,60	5,5	0,11	**
11	Vachères aval	0,70	0,61	6,8	0,13	**
12	Réallon amont	0,56	0,46	4,5	0,19	**
13	Réallon aval	0,60	0,49	4,0	0,18	**
14	Ville Vieille (type Guil)	0,62	0,49	5,3	0,22	**
15	Guisane (type Clarée)	0,55	0,44	4,3	0,20	**
16	Biaysse amont	0,50	0,46	5,8	0,08	ns
17	pisciculture Isère	0,67	0,66	5,8	0,02	ns

Tableau 3: Paramètres populationnels donnant des informations sur le polymorphisme (entêtes vertes), et la panmixie (entêtes roses). ns = non significatif (=population en panmixie), ** = populations en déséquilibre, *** = populations en fort déséquilibre panmictique. Les couleurs orange-jaune des cellules désignent les hautes valeurs de polymorphisme et les couleurs bleu clair-foncé les plus forts déséquilibres panmictiques.

N° carte	Station	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	
1	Cerveyrette amont	0	0,08	0,11	0,15	0,18	0,21	0,14	0,24	0,20	0,17	0,13	0,26	0,23	0,31	0,24	0,35	0,31	
2	Cerveyrette aval		0	0,01	0,09	0,15	0,08	0,04	0,09	0,05	0,04	0,02	0,11	0,07	0,17	0,13	0,21	0,22	
3	Ayes			0	0,12	0,17	0,08	0,05	0,15	0,08	0,08	0,04	0,11	0,06	0,22	0,12	0,24	0,26	
4	Couleau amont				0	0,05	0,20	0,13	0,11	0,12	0,13	0,12	0,24	0,20	0,21	0,20	0,20	0,17	
5	Couleau aval					0	0,24	0,17	0,20	0,16	0,19	0,16	0,24	0,22	0,28	0,23	0,32	0,26	
6	Rabioux amont						0	0,00	0,15	0,07	0,14	0,10	0,08	0,11	0,19	0,19	0,27	0,28	
7	Rabioux aval							0	0,09	0,01	0,07	0,05	0,07	0,06	0,14	0,13	0,24	0,21	
8	Crévoux amont								0	0,01	0,04	0,06	0,14	0,10	0,07	0,15	0,19	0,19	
9	Crévoux aval									0	0,02	0,02	0,02	0,03	0,08	0,10	0,23	0,20	
10	Vachères amont										0	0,00	0,09	0,04	0,11	0,10	0,23	0,23	
11	Vachères aval											0	0,07	0,03	0,12	0,11	0,23	0,22	
12	Réallon amont												0	0,05	0,18	0,14	0,33	0,33	
13	Réallon aval													0	0,15	0,10	0,30	0,29	
14	Ville Vieille (type Guil)														0	0,30	0,28	0,28	
15	Guisane (type Clarée)															0	0,29	0,29	
16	Biaissee amont																0	0,20	
17	pisciculture Isère																		0

Tableau 4 : Calcul des Fst (assimilables à des distances génétiques) entre chaque échantillon deux par deux. Les **cellules vertes** correspondent à des Fst non significatif (les deux échantillons comparés sont identiques); les **cellules jaunes** comparent deux échantillons différents mais de moindre significativité que ceux des cellules blanches.

Le calcul des Fst équivaut à mesurer la différence génétique entre chaque paire possible d'échantillon. La meilleure représentation est la matrice triangulaire (Tableau 4). Un Fst n'est jamais parfaitement égal à zéro, c'est pour cela qu'il faut tester sa significativité, c'est-à-dire démontrer qu'il est différent de zéro (significatif = les deux échantillons sont différents) ou assimilable à zéro (les deux échantillons proviennent de la même population).

Sur les 162 comparaisons faites, 9 seulement ne sont pas significatives : les échantillons amont/aval de la Cerveyrette, amont/aval du Rabioux, amont/aval du Crévoux et amont/aval du Vachères sont donc très proches **voire identiques entres elles**.

Identité génétique aussi entre les stations aval d'affluents consécutifs le long de la Durance : Cerveyrette / Ayes, Rabioux / Crévoux, Crévoux / Vachères et Crévoux / Réallon. Il y a aussi des identités moins compréhensibles comme Crévoux aval / Vachères amont et Crévoux aval / Réallon amont.

6. Interprétation et Discussion

6.1. *Structure génétique naturelle des truites des affluents de la Durance amont*

Les analyses génétiques sont basées sur des comparaisons entre les échantillons nouvellement génotypés et les échantillons de lignée connue. Grâce aux échantillons les plus représentatifs des trois lignées naturelles connues de la région, les affluents de la Durance analysés ici montrent un partage parfois équilibré entre les lignées Guil et Clarée; la lignée Biaysse y est moins représentée (respectivement 26, 26 et 17%).

Une nouvelle lignée naturelle est découverte : celle du Couleau qui est bien implantée en amont de la Durance, mais a essaimé un peu partout à raison d'environ 18% de présence hors du Couleau (24% en comptant le Couleau lui-même), soit une présence globale comparable à celle des lignées Guil ou Clarée.

6.2. *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 ici que seule la lignée domestique atlantique nationale avaient pu introgresser les populations naturelles. L'analyse aboutit à une présence domestique (gènes) de 3 à 14% (introgression faible à modérée) dans les populations de ces 7 affluents de la Durance amont avec une moyenne de 7% (Tableau 2).

Sur quelques secteurs, des introductions de truites atlantiques adultes (« surdensitaires ») sont effectuées pour satisfaire la pêche de loisirs. Le caractère provisoire de cette présence domestique est confirmé ici (quasi-absence de truites de pisciculture entièrement atlantiques).

Nous définissons ici les alevinages "récents" comme ceux qui ont été réalisés il y a moins de 3 ans et les alevinages « anciens » de plus de 3 ans et sur des dizaines d'années.

La présence domestique est modeste constituée essentiellement d'hybrides de 1^{ère} et 2^{ème} génération.

Aucune truite domestique (100 % ATL) issue des alevinages récents (surdensitaires) ou plus anciens (résorption de vésicules) n'a été retrouvée dans ces échantillons (301 TRF).

La pénétration des allèles domestiques est systématiquement liée à une introgression ancienne, issue de multiples alevinages. Les truites alevinées récemment, au stade surdensitaire sur certaines stations (Réallon aval, Rabioux, Crévoux...) ont été recapturées ou n'ont pas survécus,

Les résultats de cette étude nous confirment que malgré des alevinages historiques importants (les alevinages au stade résorption de vésicule ou truitelles ont été stoppés en amont du Rabioux sur la Durance et tous ses affluents depuis 2013) ceux-ci n'ont généré aucun intérêt pour la pêche de loisir.

6.3. Analyse détaillée des populations

La richesse génétique est la mieux décrite par le paramètre H_{nb} (Tableau 3). La plupart des échantillons ont une hétérozygotie non biaisée (= pondérée par la taille de l'échantillon) comprise entre 0,65 et 0,75, ce qui est souvent plus élevé que les souches domestiques (0,67) considérées comme très diverses. Les seules exceptions sont la Cerveyrette amont, l'Ayes, le Rabioux amont et le Réallon amont. Une baisse de diversité vers l'amont est attendue, accompagnant une baisse d'effectif.

Quand on regarde le paramètre H_o , des faibles diversités sont observées dans bien plus d'échantillons. Cela signifie qu'il y a moins d'hétérozygotes qu'attendus, ce qui peut s'expliquer par une structure en famille, mais ce n'est nullement démontré : il faudrait faire des investigations complexes pour cela. Ces déficits en hétérozygotes expliquent les valeurs significatives des F_{is} et impliquent les échantillons de la Cerveyrette, de l'Ayes, du Rabioux, du Réallon et dans une moindre mesure de la Vachères.

Les F_{st} montre des identités génétiques entre certains échantillons (voir chapitre Résultats 5.3) et nous désignent la zone Rabioux-Crévoux-Vachères-Réallon comme assez homogène et s'opposant à la zone plus amont Cerveyrette-Ayes et au Couleau.

Cette subdivision est légère, et traduit plus les possibilités de migrations des truites d'un affluent à l'autre qu'une différence génétique qui n'apparaît pas vraiment sur le test d'assignation (Tableau 2). Le Couleau constitue lui une entité distincte avec des échanges forcément faibles mais non nuls puisque sa lignée a essaimé à raison d'environ 18% dans les autres affluents.

Le tableau 5 ci-dessous récapitule la composition de chaque échantillon en termes de taille et de proportions Sauvages/domestiques.

	Taille	N	Pisc.		HYB		Med	
			N	%	N	%	N	%
Cerveyrette (Bourget = amont)	<200 mm	13	0		2	15%	11	85%
	>200 mm	17	0		3	18%	14	82%
	total	30	0	0%	5	17%	25	83%
Cerveyrette (Terre Rouge = aval)	<200 mm	24	0		3	13%	21	88%
	>200 mm	6	0		1	17%	5	83%
	total	30	0	0%	4	13%	26	87%
Torrent des Ayes	<200 mm	21	0		1	5%	20	95%
	>200 mm	9	0		0	0%	9	100%
	total	30	0	0%	1	3%	29	97%
Couleau	<200 mm	24	0		4	17%	20	83%
	>200 mm	6	0		0	0%	6	100%
	total	30	0	0%	4	13%	26	87%
Rabioux	<200 mm	29	0		6	21%	23	79%
	>200 mm	2	0		0	0%	2	100%
	total	31	0	0%	6	19%	25	81%
Crévoux	<200 mm	21	0		6	29%	15	71%
	>200 mm	9	0		3	33%	6	67%
	total	30	0	0%	9	30%	21	70%
Vachères (amont)	<200 mm	24	0		6	25%	18	75%
	>200 mm	6	0		1	17%	5	83%
	total	30	0	0%	7	23%	23	77%
Vachères (aval)	<200 mm	21	0		7	33%	14	67%
	>200 mm	9	0		1	11%	8	89%
	total	30	0	0%	8	27%	22	73%
Réallon (amont)	<200 mm	23	0		1	4%	22	96%
	>200 mm	7	0		2	29%	5	71%
	total	30	0	0%	3	10%	27	90%
Réallon (aval)	<200 mm	26	0		7	27%	19	73%
	>200 mm	4	0		0	0%	4	100%
	total	30	0	0%	7	23%	23	77%

Tableau 5 : Nombre de truites de chaque type détectées dans chacune des 10 stations des affluents de la Durance amont : *Pisc.* = domestiques nées en pisciculture (90 à 100% atlantiques); *HYB* = hybrides (5 à 90% atlantiques); *Med* = truites sauvages (0 à 5% atlantiques).

Pour chaque type et chaque station sont indiqués le nombre (et le pourcentage) de truites de moins de 200mm, de plus de 200mm, ainsi que le nombre (et pourcentage) total dans la station.

6.4. Une gestion patrimoniale toujours d'actualité

Le bassin de la Durance, comprend beaucoup de stations à truites peu influencées par les repeuplements en truites domestiques. Cette situation n'est pas si fréquente en France et la gestion respectueuse de ces formes naturelles, héritées de milliers d'années de migrations, d'échanges et de sélection naturelle, qui a été mise en place porte ses fruits.

Répartition des types génétiques en fonction de la taille

L'analyse des différents types de truites selon leur âge, station par station, est instructive :

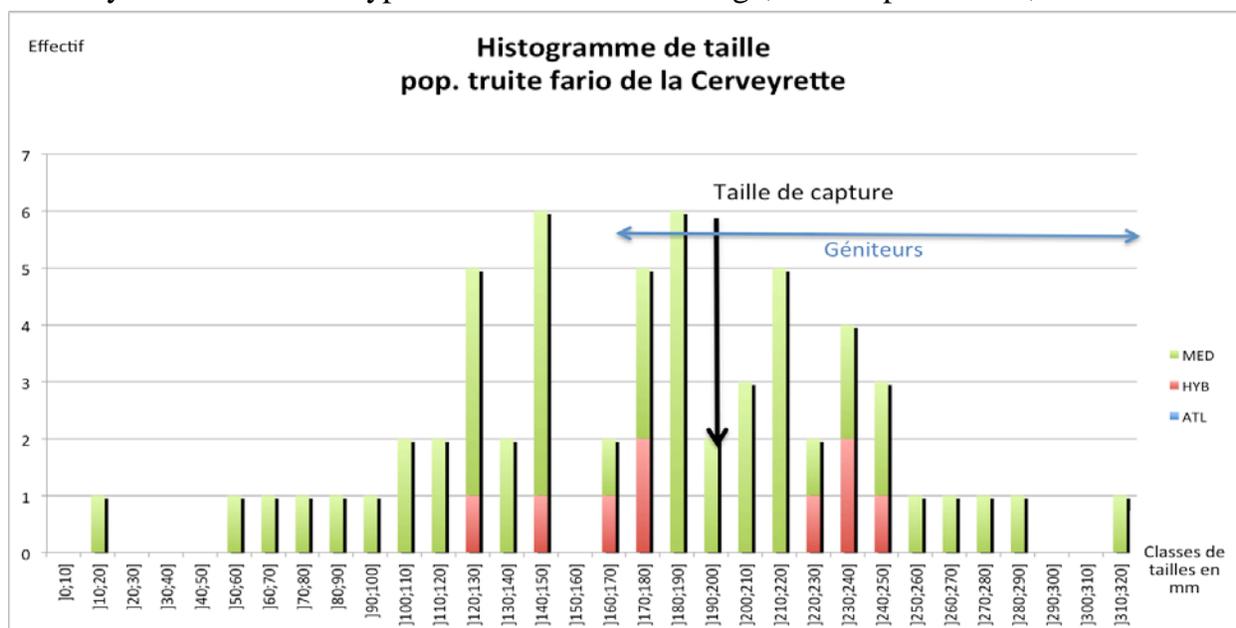


Figure 4 : Stations de la Cerveyrette – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n'a été retrouvée sur cette station. Le nombre d'hybride est relativement limitée : 9 truites sur les 60, ce qui traduit une faible introgression (5%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Compte tenu du bruit de fond technique estimé à 5%, la Cerveyrette peut être considérée comme quasiment indemne de présence domestique.

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c'est à dire faiblement mélangées (21% de gènes ATL).

La Cerveyrette, sur tout son cours, est une rivière peuplée dans une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 83%.

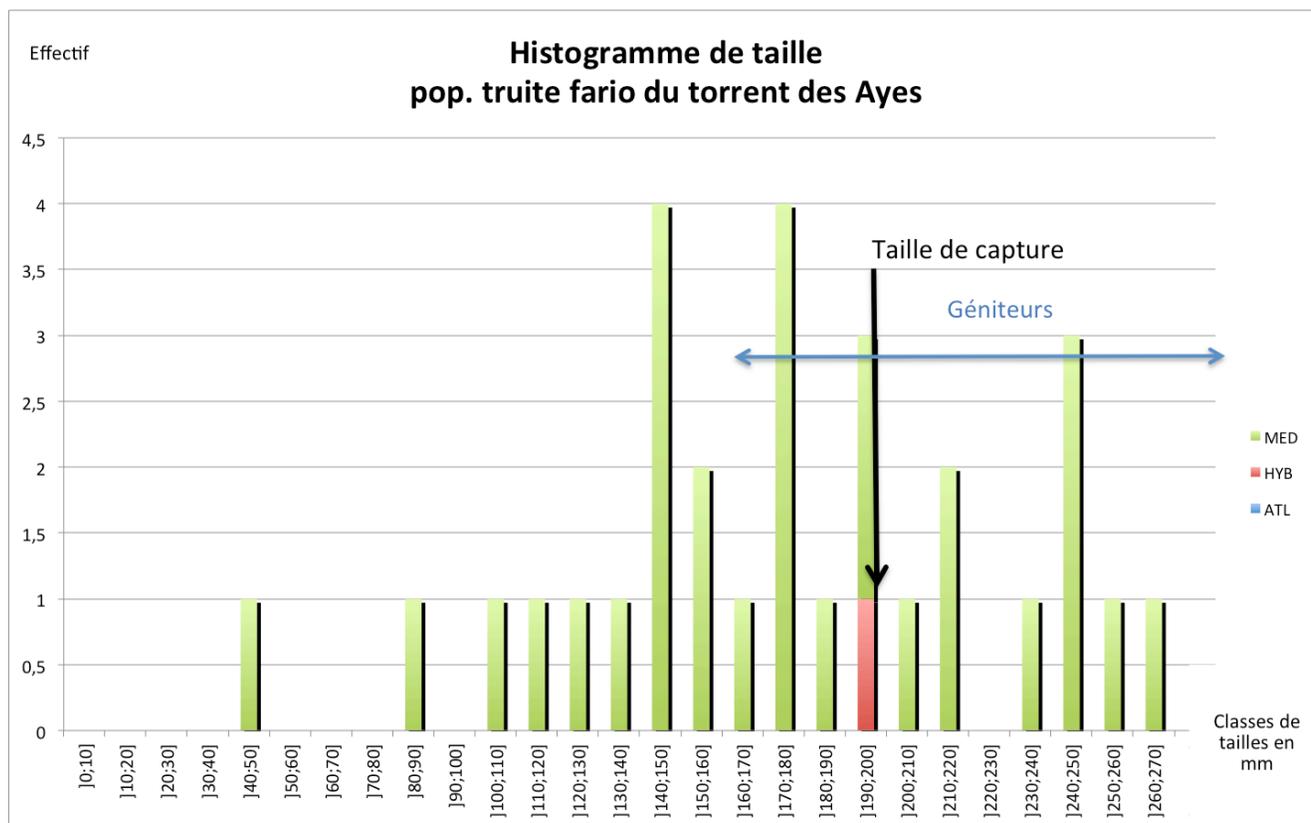


Figure 5 : Station torrent des Ayes – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur cette station. Le nombre d’hybride est très faible : 1 truite sur les 30, ce qui traduit une introgression négligeable (3%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Compte tenu du bruit de fond technique estimé à 5%, le torrent des Ayes est indemne de présence domestique.

Le torrent des Ayes est peuplé quasi exclusivement de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 97%.

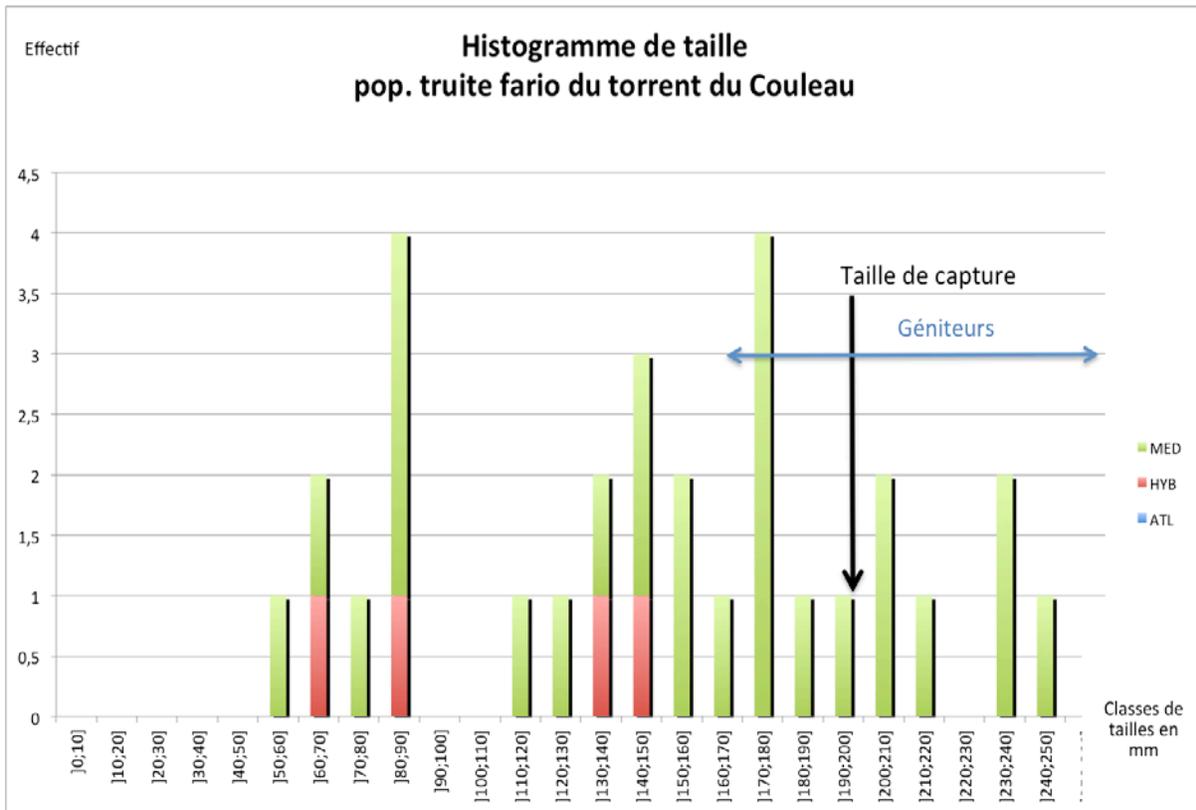


Figure 6 : Stations Le Couleau – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur ces stations. Le nombre d’hybride est relativement limitée : 4 truites sur les 30, ce qui traduit une faible introgression (7%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c’est à dire faiblement mélangées (32% de gènes ATL).

Le Couleau, sur tout son cours, est une rivière peuplée dans une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 87%.

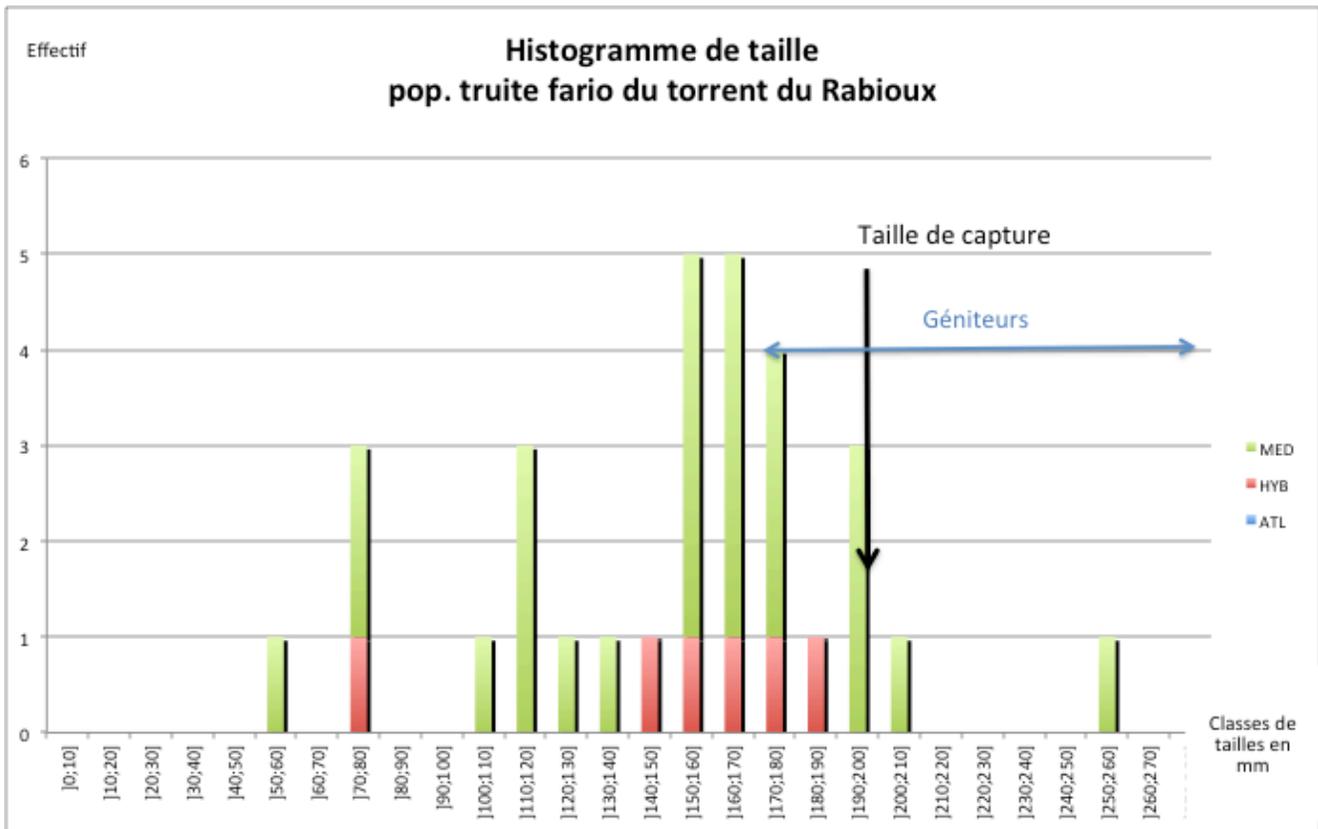


Figure 7 : Stations Le Rabioux – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur ces stations. Le nombre d’hybride est relativement limitée : 6 truites sur les 30, ce qui traduit une faible introgression (7%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c’est à dire faiblement mélangées (26% de gènes ATL).

Le Rabioux, sur tout son cours, est une rivière peuplée dans une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 81%.

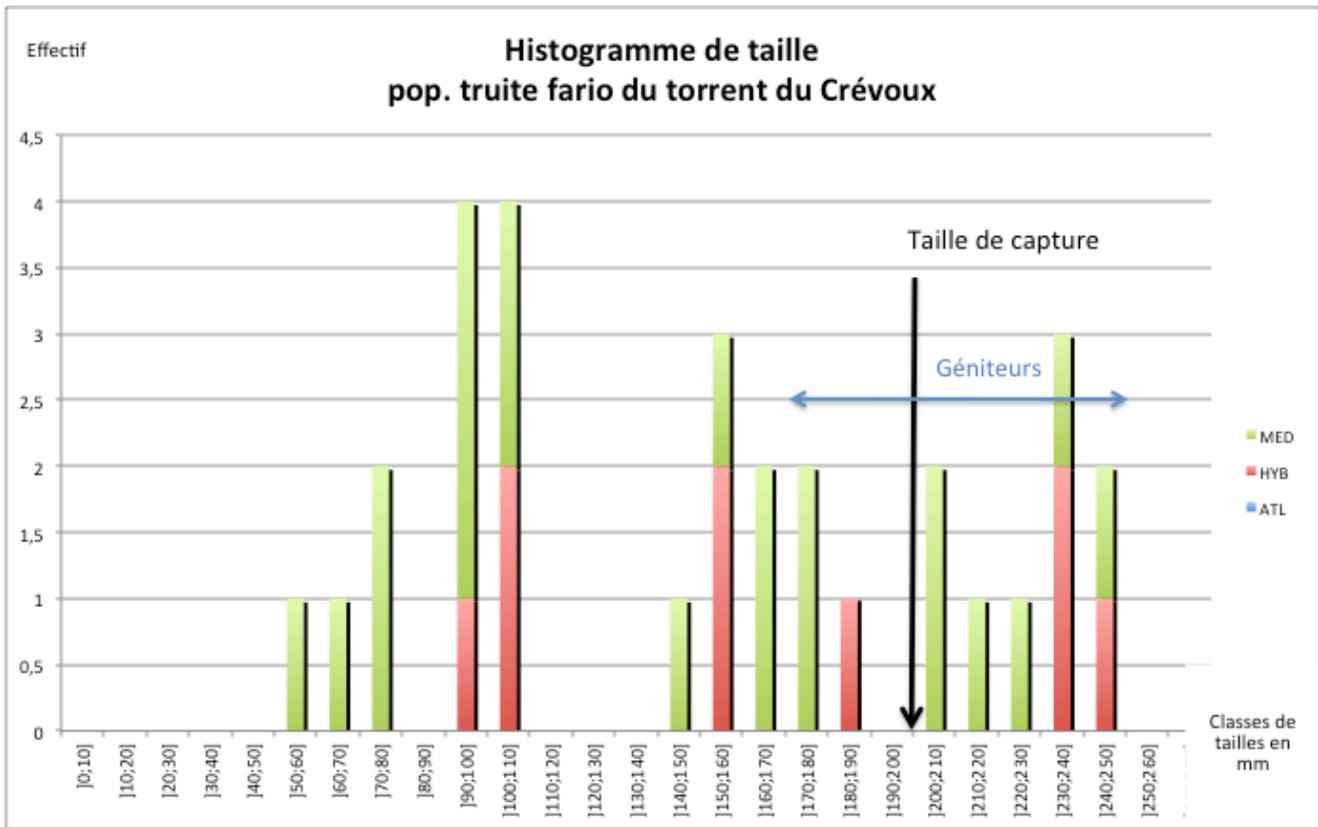


Figure 8 : Stations Le Crévoux – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur ces stations. Le nombre d’hybride est significatif : 10 truites sur les 30, ce qui traduit une introgression modérée (12%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c’est à dire faiblement mélangées (26% de gènes ATL).

Le Crévoux, sur tout son cours, est une rivière peuplée d’une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 70%.

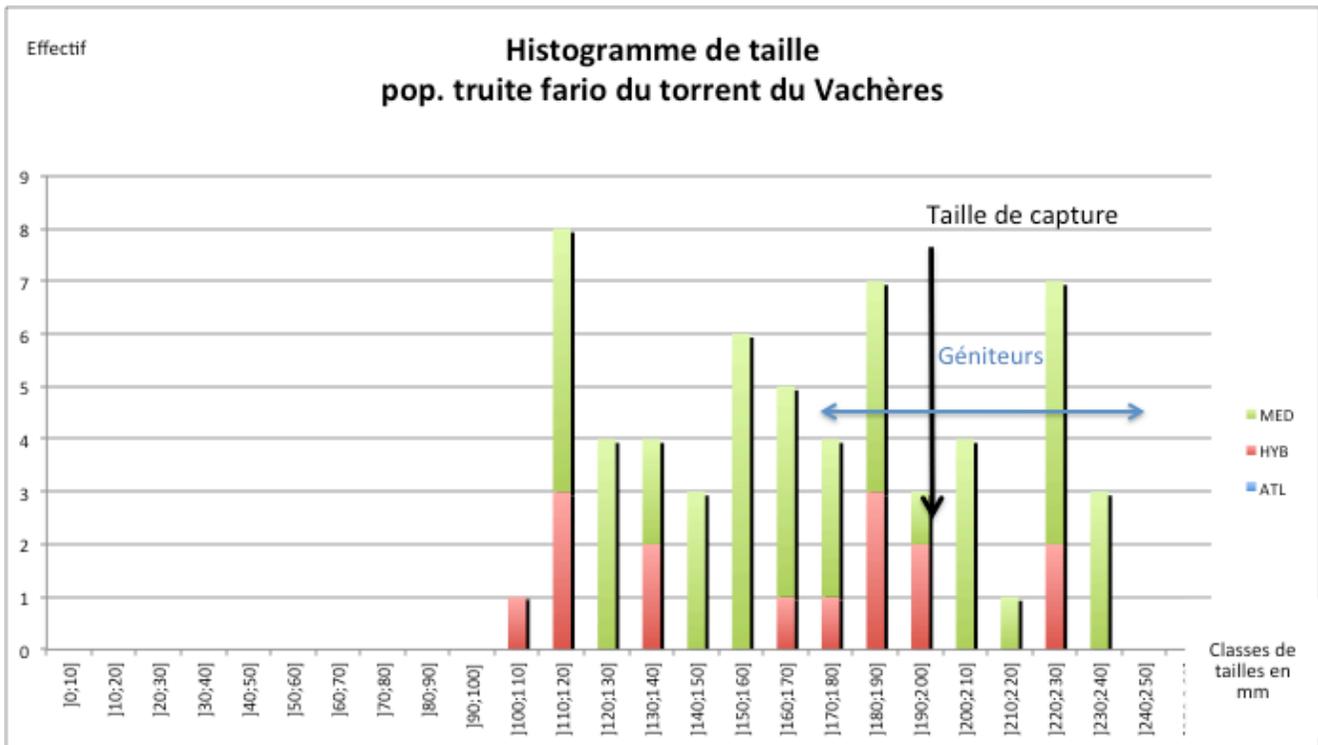


Figure 9 : Stations Le torrent des Vachères – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur ces stations. Le nombre d’hybrides est relativement modéré: 15 truites sur les 60, ce qui traduit une introgression modérée (11%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c’est à dire faiblement mélangées (36% de gènes ATL).

Le torrent des Vachères, sur tout son cours, est une rivière peuplée d’une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 75%.

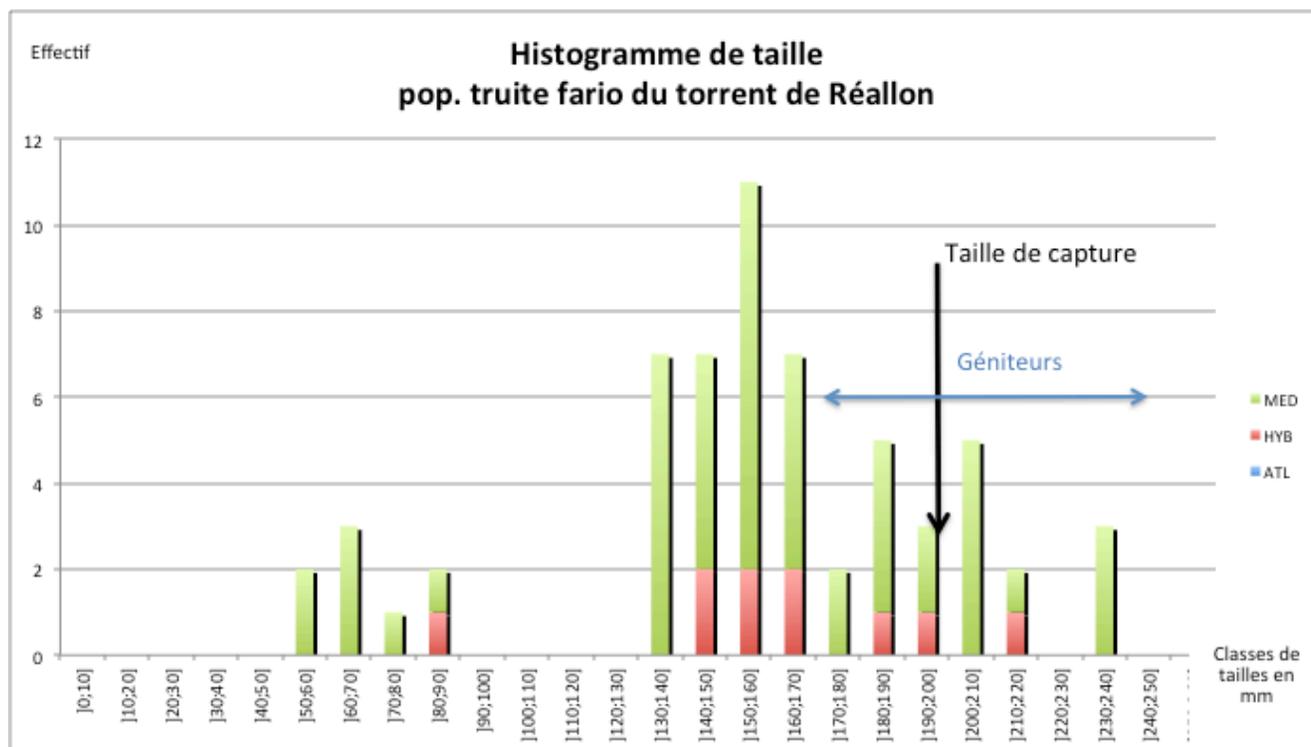


Figure 10 : Stations Le Réallon – Aucune truite atlantique (née en pisciculture) n’a été retrouvée sur ces stations. Le nombre d’hybrides est relativement modéré : 10 truites sur les 60, ce qui traduit une faible introgression (6%) due à des repeuplements anciens (antérieurs à 2011).

Les hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c’est à dire faiblement mélangées (26% de gènes ATL).

Le Réallon, sur tout son cours, est une rivière peuplée d’une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes), globalement à 84%.

6.5 - Discussion

Malgré des alevinages importants et réguliers de truites domestiques pendant des années - même si ces alevinages au stade résorption de vésicule ou truitelles ont été stoppés en amont du Rabioux sur la Durance et tous ses affluents depuis 2013 – les nombreux affluents du bassin de la Durance amont : Cerveyrette, Torrent des Ayes, Couleau, Rabioux, Crévoux, Les Vachères et le Réallon, sont peuplés dans une large majorité de truites sauvages autochtones (méditerranéennes).

Le schéma de la présence domestique est caractéristique de repeuplements anciens qui ne correspondent pas à une implantation durable.

✓☐ Tous ces torrents, malgré l'aménagement pour certains de leur cours (seuil de l'Orceyrette, Pont Baldy, Pallon, seuils de Cervières, centrales hydroélectriques, seuils RTM, endiguements....) sont des rivières dont les fonctionnalités sont encore préservées, avec des populations de truites dynamiques, une reproduction efficace, qui ne permettent pas aux individus domestiques de s'implanter durablement.

Le peuplement sauvage, sûrement abondant et bien équilibré, s'est imposé sur des poissons domestiques fort peu adaptés aux conditions naturelles sélectives du milieu.

Ainsi, les poissons domestiques ne sont pas parvenus à se maintenir et ont disparu presque totalement de ces rivières (Figures 4 à 10). Les poissons introduits, quel que soit leur stade de développement, peu adaptés aux conditions hydrologiques de ces cours d'eau, ne parviennent pas à s'implanter et subissent la concurrence des poissons sauvages parfaitement adaptés à leur environnement.

✓☐ Surtout ces torrents, les poissons domestiques, qui étaient régulièrement déversés, se sont développés un certain temps pendant 1, 2 voire 3 années puis ont disparus de la population, généralement avant de pouvoir se reproduire. Cette tendance à la dévalaison s'ajoute à la mauvaise adaptation des truites domestiques pour expliquer leur faible implantation.

✓☐ Cependant, même si on ne les retrouve plus aujourd'hui, quelques truites domestiques ont pu participer, il y a quelques années (plus de 3 ans) à la reproduction au sein de la population naturelle (introgression ancienne) et transmettre leurs gènes ce qui explique la présence de 3 à 30% d'hybrides selon ces torrents.

Même si les alevinages se sont révélés être inefficaces, les quelques hybrides qui ont été générés « perdurent » longtemps au sein des peuplements car cette introgression ancienne est commutative et peut s'étaler sur des dizaines d'années. Il est normal d'en retrouver car, contrairement aux individus domestiques, les survivants sont adaptés aux conditions sélectives du milieu (présence de gènes méditerranéens).

La forte représentation d'hybrides au sein du peuplement de la Durance (études 2010 et 2014) peut s'expliquer par le rôle important joué par les populations de truite des affluents. En effet, la Durance est le réceptacle des migrations par dévalaison de truites de ses affluents, qui étaient pour certains très alevinés, et dont les individus hybrides, plus mobiles, ont dévalé pour venir s'y accumuler.

✓☐ La représentation d'hybrides au sein des différents peuplements de truite de ces 7 affluents de la Durance amont va de 3 (insignifiant) à 30% (présence modérée). Ces hybrides sont majoritairement des truites « sauvages hybridées » c'est à dire faiblement mélangées (21 à 36% de gènes ATL) ce qui traduit une introgression ancienne.

6.6 - Conclusion

✓☐ Ces 7 affluents du bassin versant de la Durance amont comprennent exclusivement des stations à truites peu influencées par les repeuplements en truites domestiques. Cette situation n'est pas si fréquente en France et une gestion respectueuse de ces formes naturelles, héritées de milliers d'années de migrations, d'échanges et de sélection naturelle, est nécessaire.

Les populations de truites des stations Cerveyrette, Ayes, Couleau, Rabioux et Réallon peuvent être considérées comme quasiment pures : truites méditerranéennes pures.

Les populations de truites du Crévoux et des Vachères présentent des pourcentages faibles de gènes atlantiques. Cette présence domestique va probablement se réduire de par l'arrêt des alevinages, sans toutefois revenir à leur situation initiale à cause des gènes neutres ou avantageux issus de la forme atlantique.

✓☐ Il y a lieu de conforter les actions de préservation et de réhabilitation du milieu pour favoriser le développement et la pérennité d'un peuplement de truites sauvages sur le bassin versant de la Durance amont.

✓ En ce qui concerne la gestion piscicole et les pratiques d'alevinage, il faudra continuer à ne plus introduire de truites domestiques à grande échelle (résorptions, alevins, truitelles, etc...) et limiter les déversements à la satisfaction de la demande halieutique immédiate : truites adultes (fario et/ou arc-en-ciel qui sont connues pour ne jamais survivre à l'hiver suivant et interférer avec les populations en place) sur des parcours spécifiques : les parcours attractifs.

✓☐ Il est tout aussi impératif d'optimiser les échanges de population entre la Durance et ses affluents, mais aussi au sein même des affluents et notamment par dévalaison, indispensables à la préservation de la dynamique de ces peuplements au maintien de ces formes naturelles différenciées et adaptées exclusivement à l'écologie locale.

Les populations naturelles de truites de la Cerveyrette, du torrent des Ayes, du Réallon, du Rabioux et du Couleau sont fortement dépendantes de leurs zones de recrutement situées sur les secteurs les plus amont de ces torrents qui devront impérativement être préservées

Fait à Montpellier le 19 septembre 2016

7. Références bibliographiques

- Berrebi P., Lasserre B. 2005. Analyse génétique de la population de truite sur le bassin versant du Guil - Rapport final, 16 p., Université Montpellier 2. ([DUR1](#))
- Berrebi P., Dubois S. 2007. Etude génétique du peuplement de truites fario de la Biaysse - Rapport de décembre 2007. Rapport d'étude pour la Fédération 05 - 10p. ([DUR3](#))
- Berrebi P., Doucende D., Collet A. 2008. Structure génétique des peuplements de truites de la Durance - Le lac de Serre-Ponçon, p. 4. Université Montpellier 2. ([DUR4](#))
- 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., Reynaud N., Cherbonnel C. 2011. Analyse génétique des truites fario de la Durance en amont de Sere-Ponçon. Rapport de septembre 2011, contrat avec la Fédération de Pêche des Hautes-Alpes, 29p. Université Montpellier 2. ([DUR6](#))
- Berrebi P., Genindex. 2013. Analyse génétique des truites d'un affluents de la Durance : la Guisane - Projet [DUR7A](#) - Rapport de janvier 2013: Rapport d'analyse pour la FD05, Université Montpellier 2. 8p.
- Berrebi P., Shao Z. 2014. Analyse génétique de la population de truites de la Durance en amont de Serre-Ponçon - Campagne 2013 - Projet [DUR8](#): Rapport pour la FD05, Université Montpellier 2. 7p.