

Cartographie génétique des truites des Pyrénées Orientales en vue d'une gestion adaptée

Partie 1

Méta-analyse **PO2016**



La Parcigoule (St Sauveur) à Prats de Mollo © FD66

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**

ISEM, Université de Montpellier, Tél: 04 67 14 37 32, Mél: patrick.berrebi@univ-montp2.fr

Informations écologiques et historiques: **Olivier BAUDIER & Adeline HERAULT**

Fédération Dép. de Pêche des Pyrénées Orientales, Tél: 04 68 66 66 33, Mél: olivier.baudier.fdp66@gmail.com

Analyses moléculaires: **David SCHIKORSKI**

Laboratoire Labofarm-Genindexe, Tél: 02 96 28 63 43, Mél: d.schikorski@genindexe.com



1. Introduction

La gestion actuelle des truites *Salmo trutta* en France nécessite de justifier chaque action. Il est nécessaire d'établir des plans de gestion couvrant plusieurs années dans lesquels la différence de traitement de chaque zone doit être expliquée par les connaissances accumulées par les gestionnaires locaux.

C'est dans ce cadre que la génétique des populations de truites, par une description objective du cheptel, peut aider à faire des choix adaptés. Ainsi une région ou un affluent peuplé de truites ancestrales (celles qui habitaient là avant l'arrivée de l'homme) peut justifier d'une protection énergique (réserve ou limitation des prélèvements par les pêcheurs) et une rivière abritant majoritairement une population d'origine domestique peut justifier la poursuite des rempoissonnements à partir de la production d'une pisciculture.

Le présent rapport organise les résultats d'une méta-analyse (analyse reprenant les résultats de plusieurs autres, donc basée sur un grand nombre de stations) sous trois angles principaux: (i) il fournit une estimation de la proportion de gènes domestiques détectés à chaque station échantillonnée, puis, faisant abstraction de l'apport artificiel (ii) il décrit la structure géographique des différentes lignées génétiques naturelles habitant la zone étudiée, cela permet de mettre en garde contre un mélange de souches naturelles par translocation, considéré comme néfaste au maintien de la biodiversité de l'espèce. Enfin (iii) les paramètres populationnels de la diversité génétique permettent de détecter les populations en difficulté démographique ou ayant subi des mélanges récents.

2. Echantillonnage

Le présent travail est une méta-analyse, réunissant les échantillons et/ou les analyses de plusieurs projets (voir la colonne "Rapports" du Tableau 1).

L'échantillonnage se décline en trois séries (voir colonne "Nombre de locus analysés" du Tableau 1):

- les échantillons (= stations) de truites déjà analysées sur 6 microsatellites donc prêts à servir sans frais supplémentaires;
- les échantillons déjà analysés sur 3 marqueurs et nécessitant d'être complétés sur 3 autres;
- les échantillons nouveaux, complétant l'échantillonnage des précédentes années (analysés sur 6 locus).

La présente méta-analyse est prévue pour deux années et les rapports PO2016 et PO2017 en décriront les résultats. Chaque année, environ la moitié de l'ensemble des échantillons prévus des trois séries seront pris en compte.

Dans le présent travail, 131 nouvelles truites provenant de 11 stations ont été échantillonnées en 2016 (soit 44% du projet global de 300 truites à analyser sur 6 marqueurs) par la Fédération Départementale pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique des Pyrénées Orientales (FD66). Les fragments de nageoire conservés dans l'alcool ont été livrés à l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) situé sur le campus Triolet de l'Université de Montpellier (UM) le 21 novembre 2016. Olivier Baudier et Adeline Hérauld sont les correspondants de la FD66 auprès de l'ISEM.

A ces nouveaux échantillons, 126 truites appartenant à 11 plus anciens échantillons (soit 50% du projet global de 250 truites à analyser sur 3 marqueurs), ont été complétés à 6 marqueurs.

Enfin, 433 truites appartenant à 20 échantillons naturels, déjà analysés sur 6 marqueurs, ont été ajoutées à la méta-analyse, de même que 199 truites constituant 8 échantillons de pisciculture.

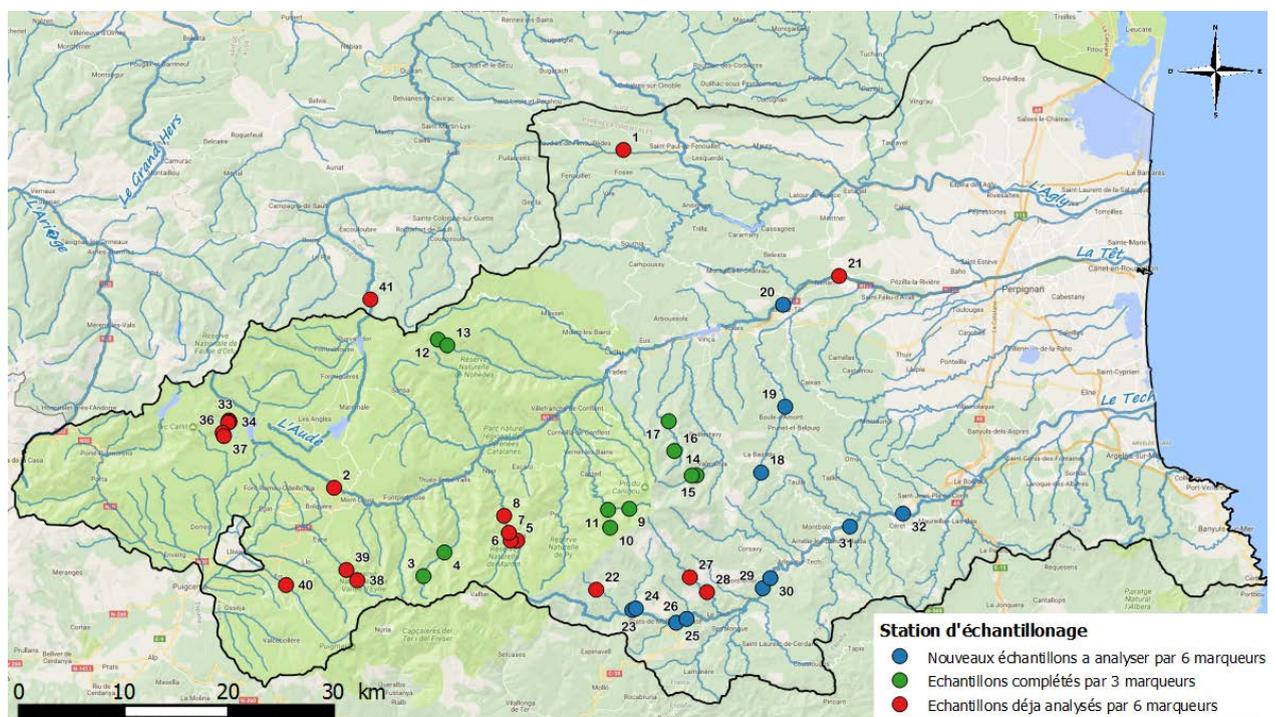


Figure 1: Localisation des stations.

La liste des échantillons est précisée au Tableau 1 et leur localisation à la Figure 1. Le nombre total de truites pour cette première année du projet s'élève à 869 appartenant à 50 échantillons.

N° carte	Station	Nbre	Année de capture	Bassin	Nombre de locus analysés	Rapport	N° ISEM échantillons	N° ISEM truites	ADNmt AT	ADNmt ME	ADNmt AD
1	Boulzane (Caudiès)	20	2012	Agly	0	PO7	L547	T24167-T24186	2	3	
2	Têt (Lagoune amont)	15	2010	Têt	0	PO5	L321	T18288-T18302	2		2
3	Carança (réserve amont)	15	2009	Têt	3	PO5	L275	T17222-T17236		5	
4	Carança (passerelle Ras)	14	2009	Têt	3	PO5	L276	T17237-T17251			
5	Ressec	20	2014	Têt	0	MANT	L657	T27970-T27989		5	
6	Alemany	20	2014	Têt	0	MANT	L659	T28020-T28039		5	
7	Mantet	30	2014	Têt	0	MANT	L658	T27990-T28019	3	2	
8	Nyer	28	2014	Têt	0	NYER	L656	T27940-T27969	2	2	
9	Cady (Castell)	8	2008	Têt	3	PO4	L180	T13513-T13520			
10	Llipoudère (amont - parc de contention)	10	2008	Têt	3	PO4	L171	T13426-T13435			
11	Llipoudère (aval - amont confl. Cady)	10	2008	Têt	3	PO4	L170	T13416-T13425	5		
12	Nohède (amont - Pla del Gorg)	10	2008	Têt	3	PO4	L174	T13456-T13465	7		
13	Nohède (aval - Pla del Mitg)	10	2008	Têt	3	PO4	L175	T13466-T13475			
14	Lentilla (Valmanya - amont Los Maos)	10	2008	Têt	3	PO4	L172	T13436-T13445	2	3	
15	Lentilla (Valmanya - passerelle Los Maos)	10	2008	Têt	3	PO4	L173	T13446-T13455	2	3	
16	Mouline	15	2008	Têt	3	PO5	L278	T17267-T17281	3	2	
17	Llech (Estóher)	14	2008	Têt	3	PO5	L277	T17252-T17266		5	
18	Boulès (pont Serralija)	11	2016	Têt	6	PO2016	L750	T30223-T30233			
19	Boulès (pont d'en Xandre)	13	2016	Têt	6	PO2016	L751	T30234-T30246			
20	Têt (pont Illes sur Têt)	30	2016	Têt	6	PO2016	L749	T30193-T30222			
21	Têt (Millas)	28	2015	Têt	0	PO9	L720	T29669-T29696			
22	Grafouil (Ricarèsa)	8	2012	Tech	0	PO7	L544	T24122-T24129			
23	Tech (St Sauveur)	15	2016	Tech	6	PO2016	L741	T30116-T30130			
24	Parcigoule	15	2016	Tech	6	PO2016	L742	T30131-T30145			
25	Tech (camping St Martin)	12	2016	Tech	6	PO2016	L743	T30146-T30157			
26	Tech (la Poullangarda)	16	2016	Tech	6	PO2016	L744	T30158-T30173			
27	Couméjade (amont La Llau)	15	2011	Tech	0	PO6	L399	T19992-T20006			
28	Couméjade (pont Banat)	15	2011	Tech	0	PO6	L400	T20007-T20021	1	4	
29	Tech (Arles amont UHE)	6	2016	Tech	6	PO2016	L745	T30174-T30179			
30	Tech (Can Partere aval UHE)	5	2016	Tech	6	PO2016	L746	T30180-T30184			
31	Tech (Forges de Reynes)	7	2016	Tech	6	PO2016	L747	T30185-T30191			
32	Tech (Cerret)	1	2016	Tech	6	PO2016	L748	T30192			
33	Trib. Dougues	18	2014	Sègre	0	PO8	L705	T29473-T29490			
34	Dougues	24	2014+2015	Sègre	0	PO8	L706+L707	T29491-T29514	6		1
35	Emis. Dougues	8	2014	Sègre	0	PO8	L708	T29515-T29522			
36	Trib. Llat	21	2014	Sègre	0	PO8	L709	T29523-T29543	3		
37	Llat	38	2015	Sègre	0	PO8	L710+L711	T29544-T29581	6		2
38	Eyne (amont Orri de Baix)	30	2010	Sègre	0	EYN1	L294	T17784-T17814	6		
39	Eyne (aval Orri de Baix)	28	2010	Sègre	0	EYN1	L295	T17815-T17843		8	
40	Err (village)	15	2013	Sègre	0	EYN2	L207	T25116-T25130			
41	Aude (Chalet Carcanet)	30	2010	Aude	0	ARI2	L354	T18988-T19017			
42	Harlondo	22	1993	Ebre	0	ADOUR1	F082	T02009-T02030			
43	pisciculture Sahorre géniteurs	15	2010	dept. 66	0	PO5	L273	T17192-T17206			
44	pisciculture Sahorre truitelles	15	2010	dept. 66	0	PO5	L274	T17207-T17221			
45	pisciculture Roquebillière 2001	20	2001	dept. 06	0	MERC1	F218	T05147-T05166			
46	pisciculture Roquebillière 2008	30	2008	dept. 06	0	GSALM2	L156	T13061-T13090	2	3	
47	pisciculture Soueich	30	2011	dept. 31	0	ENSAT3	L495	T22251-T22280			
48	pisciculture Cauterets souche Puntas	30	2008	dept. 65	0	GSALM2	L157	T13091-T13120			5
49	pisciculture Babeau (Cauterets 2014)	29	2014	dept. 34	0	MAE1	L556	T28112-T28140			
50	pisciculture Isère	30	2008	dept. 38	0	GSALM2	L266	T16926-T16955	7		

Tableau 1: Liste des échantillons analysés dans le présent rapport ordonnés selon une logique nord-sud et amont-aval (sauf les références Aude, Ebre et piscicultures). En jaune les nouveaux échantillons constitués en 2016. En bleu les échantillons complétés par 3 nouveaux marqueurs. En gris les 8 références de pisciculture.

Les trois dernières colonnes indiquent les analyses sur l'ADN mitochondrial déjà pratiquées dans le département. AT = atlantiques = domestiques; ME = méditerranéennes et AD = adriatiques (une autre lignée méditerranéenne), ME et AD sont deux lignées sauvages ou domestiques méditerranéennes. Les chiffres donnent le nombre de truites classées dans chacune des trois lignées.

3. Méthodes

3.1. Méthode moléculaire

Chaque truite est caractérisée par son génotype: c'est l'ensemble des variants aux différents gènes (les allèles) légués par son père et par sa mère (donc 2 allèles par gène).

Pour des raisons pratiques, les gènes étudiés sont des microsatellites. Pour la présente étude (étendue géographique limitée), il est préconisé d'analyser 6 locus microsatellites. L'expérience passée a permis de choisir les locus suivants: One μ 9, Mst85, SSoSl-311, Omy21Dias, Mst543 et SSoSl-438. L'ensemble des allèles (12) aux locus analysés (6) permet de décrire le génotype de chaque truite.

La génétique des populations appliquée à la gestion des truites nécessite des échantillons de références, généralement déjà analysés par l'ISEM et donc sans frais, de types bien connu (différents types domestiques et sauvages de la région étudiée). Ils permettent de caractériser les nouveaux échantillons par comparaison.

L'ensemble des truites analysées et des échantillons de référence constituent la matrice de génotypes à la base de tous les calculs permettant de comprendre la structure du cheptel étudié.

3.2. Méthodes statistiques

Il est nécessaire de traiter statistiquement la matrice de génotypes pour comprendre la composition, la structure et l'origine des truites nouvellement analysées. Pour cela une suite de trois méthodes est appliquée suivant les travaux scientifiques les plus récents.

3.2.1. L'analyse multidimensionnelle

C'est la première méthode employée car elle permet un débroussaillage global de l'échantillonnage et des références. L'analyse choisie est l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC), traitée par le logiciel GENETIX, qui permet de placer dans un graphique toutes les truites analysées par des points dont la position dépend du génotype: plus deux truites sont génétiquement semblables, plus elles seront proches sur le graphique, plus deux truites sont différentes et plus elles seront éloignées. Les regroupements de points ou "nuages" correspondent aux lignées présentes dans l'échantillonnage. Dans le cas présent, il n'était pas satisfaisant de présenter les 869 truites sur un graphique. Ce sont les centres de gravités de chaque échantillon (50) qui sont représentés (Figure 2)

3.2.2. L'analyse d'assignation

Plus sophistiquée, l'analyse d'assignation utilise l'intelligence artificielle. Par apprentissage, le logiciel (ici c'est STRUCTURE) teste un grand nombre de découpages de l'échantillonnage en K sous-unités (ici 100 000 essais non enregistrés constituent la préparation ou "burn'in" de l'analyse suivis de 200 000 nouveaux essais enregistrés et donc permettant la recherche du meilleur découpage). Sous l'objectif du meilleur équilibre génétique populationnel, le logiciel améliore chaque découpage successif pour aboutir à la meilleure solution, qui correspond aux différentes lignées présentes dans l'échantillonnage. Plusieurs niveaux de partition (K) sont testés (de 2 à 10) et le meilleur nombre de sous-groupe est suggéré par un logiciel d'aide à la décision STRUCTURE HARVESTER. Les autres valeurs de K sont cependant étudiées.

3.2.3. L'analyse des paramètres populationnels

Les paramètres populationnels sont nombreux en génétique des populations. Trois d'entre eux ont été choisis (i) les paramètres de diversité génétique des échantillons (Hnb, Ho et A),

(ii) un paramètre de panmixie (Fis: il teste les fait que les truites d'une population se sont reproduites entre elles, ce qui permet de détecter les immigrations comme lors d'un repeuplement) et (iii) la mesure de différenciation génétique entre échantillon pris deux à deux (Fst).

4. Résultats

4.1. Analyse multidimensionnelle

L'analyse ci-dessous représente les 50 centres de gravités des échantillons. Une logique évidente regroupe des localités situées dans un bassin commun. De nombreux échantillons sortent tout de même de ces enveloppes indiquant des hybridations qui seront précisées par l'analyse d'assignation.

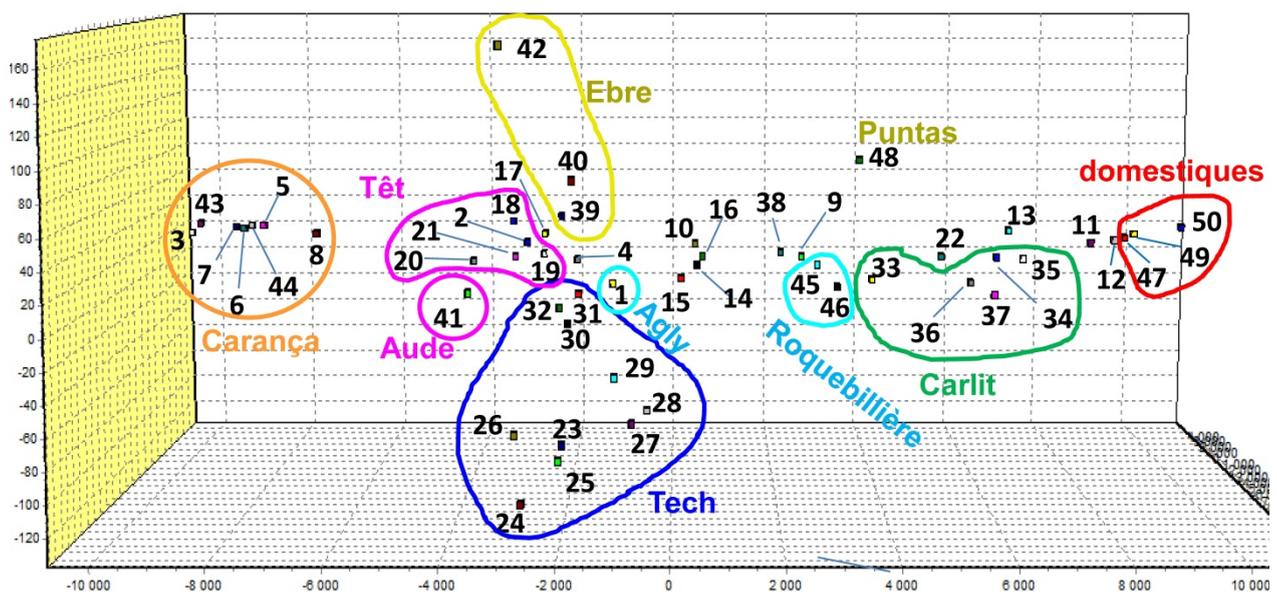


Figure 2: Analyse multidimensionnelle des 50 centres de gravités des échantillons. Lorsque c'est justifié, des enveloppes entourent les stations géographiquement cohérentes reproduisant les couleurs de la Figure 3.

Inertie des axes: axe 1 horizontal: 17,46%; axe 2 vertical: 11,39%; axe 3 en profondeur: 10,78%. Avec 39 axes, l'absence de structure aurait donné environ 2% d'inertie à chaque axe.

4.2. Analyse d'assignation

L'analyse d'assignation est une méthode très fine mais aussi très délicate d'emploi. La première difficulté est de déterminer le nombre de sous-unités (K) que contient l'échantillonnage global. Le logiciel d'aide à la décision suggère dans l'ordre 2, 3 puis 7 sous-unités comme donnant les plus fortes structures par importance décroissante. Le découpage en 2 ou 3 sous-unités ne peuvent pas nous apporter des informations suffisantes. Le découpage en 7 (K=7) est nettement plus intéressant et a été retenu.

Toutefois, le découpage en 8 (K=8) a été réalisé et distingue deux lignées domestiques anciennes (différentes de la souche commerciale actuelle): une "nord" telle qu'on la trouve dans la Nohède et dans le Carlit, et une "sud" telle qu'on la trouve dans les piscicultures de Cauterets et Soueich (la souche commerciale est légèrement différente de ces souches dites anciennes).

Enfin, un découpage en 9 sépare la station Têt à la Llagonne (n°2) des autres de la Têt.

Ces découpages en 8 et 9 donnent des structures moins sûres et n'apportent rien d'important dans la compréhension des truites des Pyrénées Orientales.

N° carte	Station	Nbre	Date	Carenaça	Têt	Tech	Ebre	Roquebillière	Dom. Ancien	Dom. National	sauvage	dom AT+ME	dom AT	dom ME
1	Boulzane (Caudiès)	20	2012	20	24	8	4	28	10	6	36	64	16	48
2	Têt (Lagonne amont)	15	2010	10	75	1	2	1	3	7	78	22	10	11
3	Carança (réserve amont)	15	2009	94	2	1	1	1	1	1	99	2	1	1
4	Carança (passerelle Ras)	14	2009	29	2	2	2	63	1	1	35	65	2	63
5	Ressec	20	2014	87	2	1	1	2	1	5	4	96	6	90
6	Alemaný	20	2014	79	13	1	1	4	2	1	15	85	3	83
7	Mantet	30	2014	83	9	1	1	2	2	2	11	89	4	85
8	Nyer	28	2014	50	39	1	2	2	3	3	43	57	6	51
9	Cady (Castell)	8	2008	4	27	4	7	5	34	19	38	62	53	9
10	Llipoudère (amont - parc de contention)	10	2008	38	2	3	1	2	50	3	7	93	53	40
11	Llipoudère (aval - amont conf. Cady)	10	2008	1	1	1	2	11	66	20	3	97	86	11
12	Nohède (amont - Pla del Gorg)	10	2008	1	1	1	4	3	87	3	6	94	90	4
13	Nohède (aval - Pla del Mitg)	10	2008	10	2	2	2	7	7	71	6	94	78	16
14	Lentilla (Valmanya - amont Los Maos)	10	2008	8	22	10	8	26	15	11	40	60	26	34
15	Lentilla (Valmanya - passerelle Los Maos)	10	2008	1	35	4	11	33	12	4	50	50	15	34
16	Mouline	15	2008	22	8	2	4	32	17	14	14	86	31	55
17	Llech (Estoher)	14	2008	42	14	2	11	5	13	13	27	73	26	47
18	Boulès (pont Serralija)	11	2016	54	4	1	3	12	18	9	7	93	27	66
19	Boulès (pont d'en Xandre)	13	2016	8	73	2	1	2	4	10	76	24	14	10
20	Têt (pont Illes sur Têt)	30	2016	12	64	4	8	5	4	3	76	24	7	17
21	Têt (Millas)	28	2015	3	78	2	5	5	4	3	85	15	7	8
22	Grafouil (Ricarèsa)	8	2012	7	8	4	2	5	60	14	14	86	74	12
23	Tech (St Sauveur)	15	2016	2	3	83	2	5	3	2	89	11	5	7
24	Parcigoule	15	2016	1	2	90	1	1	2	1	94	7	4	3
25	Tech (camping St Martin)	12	2016	2	2	86	1	1	8	1	88	12	9	3
26	Tech (la Poullangarda)	16	2016	5	3	81	3	2	2	2	88	12	5	8
27	Coumélade (amont La Llau)	15	2011	1	4	79	1	4	6	5	84	16	11	5
28	Coumélade (pont Banat)	15	2011	2	7	71	4	4	9	4	81	19	13	6
29	Tech (Aries amont UHE)	6	2016	10	3	62	3	7	3	12	68	32	15	17
30	Tech (Can Partere aval UHE)	5	2016	8	19	47	15	4	5	3	81	19	8	12
31	Tech (Forges de Reynes)	7	2016	28	14	32	2	5	12	7	47	53	20	33
32	Tech (Ceret)	1	2016	1	69	19	1	3	3	3	90	10	6	5
33	Trib. Dougnes	18	2014	8	3	4	3	36	42	5	10	90	46	44
34	Dougnes	24	2014+2015	1	1	1	2	29	62	3	4	96	66	30
35	Emis. Dougnes	8	2014	1	1	1	4	14	72	7	6	94	79	15
36	Trib. Llat	21	2014	1	3	5	3	23	56	9	11	89	64	24
37	Llat	38	2015	1	3	8	4	11	65	8	15	85	73	12
38	Eyne (amont Orri de Baix)	30	2010	15	4	3	5	36	33	5	11	89	38	51
39	Eyne (aval Orri de Baix)	28	2010	22	5	1	61	5	4	1	68	33	5	27
40	Err (village)	15	2013	1	4	4	82	3	5	1	89	11	6	4
41	Aude (Chalet Carcanet)	30	2010	11	58	8	9	11	1	1	76	24	2	22
42	Harlondo	22	1993	1	1	1	92	2	1	1	95	5	2	3
43	pisciculture Sahorre géniteurs	15	2010	96	1	1	1	1	0	0	2	98	1	97
44	pisciculture Sahorre truitelles	15	2010	90	2	1	1	2	3	2	4	96	5	91
45	pisciculture Roquebillière 2001	20	2001	2	3	2	4	83	2	4	9	91	6	85
46	pisciculture Roquebillière 2008	30	2008	1	1	2	1	90	2	3	3	97	5	91
47	pisciculture Soueich	30	2011	1	2	1	2	2	34	58	4	96	93	3
48	pisciculture Cauterets souche Puntas	30	2008	2	3	2	49	2	5	37	55	45	41	4
49	pisciculture Babeau (Cauterets 2014)	29	2014	1	1	1	2	1	11	83	4	96	94	2
50	pisciculture Isère	30	2008	1	1	1	1	1	2	94	2	98	97	2

Figure 3: Histogramme et pourcentages d'assignation pour K=7. Le découpage est simplifié dans le sous-tableau de droite en sauvages/domestiques (deux premières colonnes du sous-tableau de droite). Les chiffres en bleu sont les pourcentages de lignées domestiques. AT = atlantique; ME = méditerranéenne. Les cellules en orange signalent les pourcentages des lignées majoritaires (>50%) et en jaune les lignées dominantes (<50%).

4.3. Analyse des paramètres populationnels

N° carte	Station	Nbre	Année de	Hnb	Ho	A	Fis	Signific.
1	Boulzane (Caudiès)	20	2012	0,72	0,60	7,2	0,18	***
2	Têt (Llagonne amont)	15	2010	0,53	0,51	5,3	0,04	ns
3	Carança (réserve amont)	15	2009	0,26	0,30	1,8	-0,15	ns
4	Carança (passerelle Ras)	14	2009	0,69	0,50	5,7	0,28	***
5	Ressec	20	2014	0,23	0,19	3,7	0,18	*
6	Alemaný	20	2014	0,40	0,36	3,5	0,10	ns
7	Mantet	30	2014	0,39	0,31	4,0	0,22	***
8	Nyer	28	2014	0,54	0,52	4,7	0,04	ns
9	Cady (Castell)	8	2008	0,79	0,77	6,2	0,03	ns
10	Llipoudère (amont - parc de contention)	10	2008	0,70	0,54	4,3	0,24	**
11	Llipoudère (aval - amont confl. Cady)	10	2008	0,76	0,74	6,7	0,03	ns
12	Nohède (amont - Pla del Gorg)	10	2008	0,77	0,77	6,3	0,01	ns
13	Nohède (aval - Pla del Mitg)	10	2008	0,71	0,82	4,7	-0,16	ns
14	Lentilla (Valmanya - amont Los Maos)	10	2008	0,78	0,77	6,8	0,01	ns
15	Lentilla (Valmanya - passerelle Los Maos)	10	2008	0,68	0,59	5,7	0,13	*
16	Mouline	15	2008	0,79	0,70	8,3	0,12	*
17	Llech (Estoher)	14	2008	0,67	0,51	6,8	0,24	***
18	Boulès (pont Serralija)	11	2016	0,60	0,49	4,8	0,20	**
19	Boulès (pont d'en Xandre)	13	2016	0,68	0,65	5,7	0,03	ns
20	Têt (pont Illes sur Têt)	30	2016	0,67	0,62	8,2	0,07	ns
21	Têt (Millas)	28	2015	0,67	0,60	6,8	0,12	**
22	Grafouil (Ricarèsa)	8	2012	0,83	0,67	6,3	0,20	**
23	Tech (St Sauveur)	15	2016	0,58	0,48	5,3	0,18	**
24	Parcigoule	15	2016	0,42	0,28	3,7	0,35	***
25	Tech (camping St Martin)	12	2016	0,49	0,39	4,2	0,22	**
26	Tech (la Poullangarda)	16	2016	0,55	0,48	5,8	0,14	*
27	Coumélade (amont La Llau)	15	2011	0,65	0,62	6,7	0,04	ns
28	Coumélade (pont Banat)	15	2011	0,67	0,58	6,3	0,14	*
29	Tech (Arles amont UHE)	6	2016	0,64	0,50	4,0	0,23	*
30	Tech (Can Partere aval UHE)	5	2016	0,61	0,57	4,0	0,08	ns
31	Tech (Forges de Reynes)	7	2016	0,72	0,57	4,8	0,22	*
32	Tech (Ceret)	1	2016	0,83	0,83	1,8	0,00	ns
33	Trib. Dougnés	18	2014	0,82	0,72	8,8	0,13	**
34	Dougnés	24	2014+2015	0,81	0,72	10,5	0,12	**
35	Emis. Dougnés	8	2014	0,84	0,77	7,3	0,09	ns
36	Trib. Llat	21	2014	0,82	0,71	10,2	0,13	***
37	Llat	38	2015	0,82	0,73	11,2	0,11	***
38	Eyne (amont Orri de Baix)	30	2010	0,79	0,64	9,3	0,20	***
39	Eyne (aval Orri de Baix)	28	2010	0,62	0,60	6,8	0,02	ns
40	Err (village)	15	2013	0,68	0,56	5,5	0,19	**
41	Aude (Chalet Carcanet)	30	2010	0,64	0,54	5,8	0,16	***
42	Harlondo	22	1993	0,59	0,61	5,7	-0,05	ns
43	pisciculture Sahorre géniteurs	15	2010	0,13	0,11	1,8	0,13	ns
44	pisciculture Sahorre truitelles	15	2010	0,20	0,19	2,8	0,04	ns
45	pisciculture Roquebillière 2001	20	2001	0,74	0,56	7,0	0,25	***
46	pisciculture Roquebillière 2008	30	2008	0,67	0,63	6,0	0,07	ns
47	pisciculture Soueich	30	2011	0,80	0,78	9,2	0,03	ns
48	pisciculture Cauterets souche Puntas	30	2008	0,79	0,68	10,0	0,13	***
49	pisciculture Babeau (Cauterets 2014)	29	2014	0,78	0,76	7,7	0,03	ns
50	pisciculture Isère	30	2008	0,66	0,64	6,0	0,04	ns

Tableau 2: Paramètres populationnels calculés sur les 50 échantillons de l'étude: entêtes rose = paramètres de diversité génétique; entêtes bleues = paramètres de panmixie. Les couleurs des cellules informent sur le niveau de polymorphisme: jaune = normal, orange = élevé, orange foncé = très élevé; blanc = faible, gris = anormalement bas (sauf si très petite population). Echantillon 32: un seul poisson.

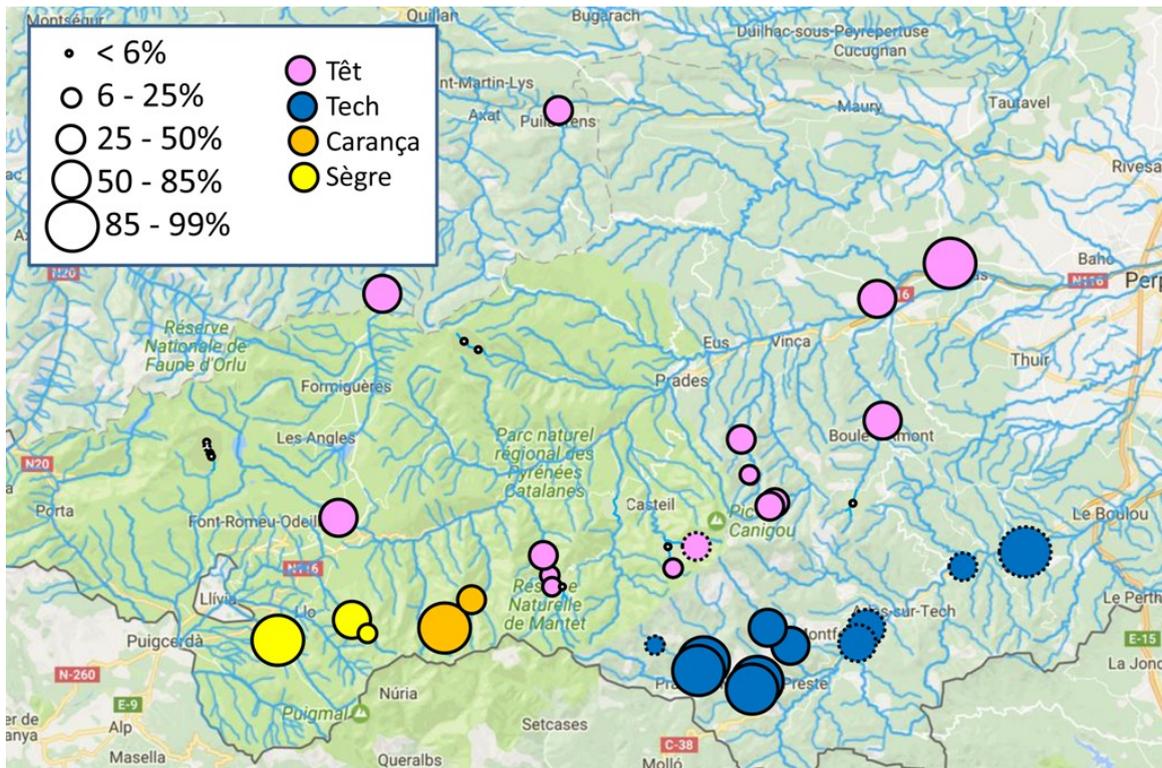


Figure 4: Distribution des 4 lignées autochtones des Pyrénées Orientales (couleur correspondant à la Figure 3). La taille des ronds renseigne sur l'abondance des truites sauvages par rapport aux domestiques. Les échantillons de moins de 10 truites sont indiqués en pointillés.

Par exemple, une lignée très souvent citée ici est celle de la Carança du fait de la création de la souche du même nom à la pisciculture de Sahorre. Ce traitement est particulier à cette rivière à cause de l'importance qu'elle a prise dans la gestion. Rien ne nous dit qu'en explorant les nombreux affluents de la Têt et du Tech, nous ne trouverions pas de population aussi différenciée du cours principal.

La carte proposée ci-dessus est donc dépendante des échantillons analysés et sera donc forcément améliorée lors de la seconde année de cette étude (futur rapport PO2017).

5.3. Autres questions importantes

Les paramètres populationnels permettent d'apporter d'autres précisions qualitatives sur les populations analysées:

Le polymorphisme populationnel est ici mesuré par trois paramètres: Hnb (le plus intéressant parce qu'il intègre un correctif compensant un peu les différences de taille d'échantillons), Ho et A.

- Le tableau 2 nous montre que Hnb est d'environ 0,65 pour la Têt entre Illes-sur-Têt et Millas, mais que l'amont (au niveau de la Llagonne) dépasse à peine 0,5. Une baisse de polymorphisme est attendue pour des petites populations. C'est surtout le cas de la Carança amont qui a servi et sert de réserve de géniteurs pour la souche de Sahorre et qui est très pauvre en polymorphisme (Hnb=0,26).

- Le Tech montre également une valeur d'environ 0,65 dans les populations peu hybridées, mais l'amont ou certains affluents dépassent à peine 0,5, voire 0,42 pour la Parcigoule.

Seule une étude démographique déterminant le nombre d'adultes de la population pourrait dire si leur petite taille peut expliquer le faible polymorphisme de certaines populations d'aval

- L'Eyne tourne aussi autour de $0,62 < H_{nb} < 0,79$.

Il n'existe pas de référence universelle pour estimer qu'une population possède un polymorphisme génétique normal, faible ou fort. Cette mesure dépend des marqueurs utilisés et de la taille de la population. Cependant la souche nationale domestique de type atlantique, très échangée entre piscicultures, a montré un polymorphisme stable et fort quelle que soit la pisciculture. Elle peut donc servir de repère de fort polymorphisme, sauf pour les très petites populations. Ainsi, au tableau 2, les souches de Soueich et Caunterets représentent un fort polymorphisme (H_{nb} autour de 0,8 en orange clair et foncé). La couleur jaune (0,65) est légèrement en dessous et peut être qualifiée de polymorphisme moyen. Le blanc (en dessous de 0,6) et surtout le gris (en dessous de 0,5) présentent des polymorphismes faibles.

La panmixie est un équilibre populationnel atteint quand tous les géniteurs d'une population se reproduisent ensemble. Tout repeuplement (avec des truites nées en pisciculture) détruit cet équilibre. Une population est à l'équilibre panmictique quand le F_{is} est non significatif ($ns =$ assimilé à zéro). Le Tableau 2 nous montre que si certaines populations très majoritairement sauvages étaient à l'équilibre (ex: Têt à Millas, Coumelade à La Llau et Coumelade au pont de Banat), une majorité était en déséquilibre (parmi les nouveaux échantillons, il s'agit surtout Parcigoule, mais aussi de Boulès au pont de Serramija, le Tech à St Sauveur et au camping St Martin). Il est difficile d'expliquer ces déséquilibres dans des populations homogènes sauvages et deux hypothèses peuvent être avancées:

- La sélection peut être une cause de déséquilibre du F_{is} : quand les jeunes stades vivent dans un milieu différent de celui des adultes (les 0+ et 1+ préféreraient les très petits affluents), ils subissent une sélection différente de celle que subissent les adultes (vivant dans le cours principal). Le retour des jeunes (sélectionnés ailleurs) dans la rivière principale peut provoquer une hétérogénéité mesurée par le F_{is} .

- Une autre perturbation peut mêler des truites ayant vécu dans des milieux différents, et donc aboutir à un échantillon non panmictique: les crues (Annexe 2). Si le prélèvement est fait peu après la crue ou si les truites sont incapables de remonter à leur rivière d'origine après dévalaison forcée, le paramètre F_{is} nous donnera un écart à la panmixie..

Pour finir, il faut signaler les limites d'une telle méta-analyse. Il y a d'abord le nombre de marqueurs qui est juste suffisant: plus la diversité est grande (ici 7 lignées détectées), plus le nombre de marqueur doit être élevé (le projet national Genetrutta nécessitait 12 marqueurs, là encore à la limite du nécessaire, voir le rapport GT2015).

Un autre biais statistique possible, qui nous suggère la prudence, est la faible taille de certains échantillons. La Figure 5 nous montre comment le nombre de variants augmente avec la taille de l'échantillon. Cela signifie que les petits échantillons (disons autour de 10, indiqués en pointillés à la Figure 4) ne sont pas suffisants pour décrire toute la richesse génétique d'une population et les comparaisons avec les échantillons plus importants (disons 25) sont faussées.

6. Littérature citée

- Berrebi P. 1997. Biodiversité génétique des truites fario des bassins de l'Adour, la Nivelle et l'Untxin. Marqueurs allozymiques. Rapport de contrat TFP, CH, CSP et BRG, janvier 1997, 27p. ([ADOUR1](#))
- Berrebi P. 2002. Etude génétique de la truite commune (*Salmo trutta*) dans quelques sites du Parc national du Mercantour (marqueurs allozymiques). Rapport de contrat, Université Montpellier II, 19 p. + annexe. ([MERC1](#))
- 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., Reynaud N. 2010. Rapport d'analyse des truites des Pyrénées Orientales - microsatellites et séquençage de la Dloop - mai 2010, 10p. Université Montpellier 2. ([PO4](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C., Shao Z. 2011. Analyse génétique des truites des Pyrénées Orientales - Etape 2 - Têt, Carança, Llech, Prat d'En Salze - Rapport de juin 2011: 14p. Université Montpellier 2, Rapport d'analyses pour la Fédération de Pêche 66 et l'ONF. ([PO5](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C. 2011. Etude génétique de l'origine des truites de l'Eyne, rivière des Pyrénées Orientales, dans la Réserve Naturelle d'Eyne - Rapport de février 2011: 14p. Université de Montpellier 2. ([EYN1](#))
- Berrebi P, and Genindexe. 2012. Caractéristiques génétiques des truites de la pisciculture de Soueich et de Garonne amont croisées avec l'étude ENSAT sur la scalimétrie: Rapport d'étude pour l'ENSAT, Université Montpellier 2. 8p. ([ENSAT3](#))
- Berrebi P., Shao Z., Cambon D., Baudier O. 2012. Analyse génétique des truites des Pyrénées Orientales - Etape 3 - Tech (Coumelade, Las Illas, Tassia) - Rapport de mars 2012. Rapport d'étude pour la FD66 et l'ONF. 14p. Université Montpellier 2. ([PO6](#))
- Berrebi P., Cherbonnel C., Garmendia L. 2012. Etude génétique des truites communes de 10 stations du sous-bassin de la Bruyante et de ses affluents (rus de Paillère, du Laurenti et de Quérigut). Département de l'Ariège. Rapport d'étude de juillet 2012 pour la Fédération de Pêche de l'Ariège. Université Montpellier 2. 10p. ([ARI2](#))
- Berrebi P, and Shao Z. 2013. Analyse génétique des 4 échantillons de truites des Pyrénées Orientales (Tech et Agly) - Projet [PO7](#) - Rapport de mai 2013: Université Montpellier 2, 13p.
- Berrebi P, and Genindex. 2013. Analyse génétiques des truites de la Réserve Naturelle d'Eyne - Seconde campagne - Projet [EYN2](#) - août 2013: Rapport d'analyse pour la Réserve Nationale de Vallée d'Eyne, Université Montpellier 2. 14p.
- Berrebi P, and Schikorski D. 2015. Analyse génétique des truites de la Nyer / Mantet dans le périmètre de la Réserve Naturelle Nationale de Mantet, recherche de patrimonialité - Rapport [MANT](#): Etude pour la FD66, Université de Montpellier. 10p.
- Berrebi P, and Schikorski D. 2015. Patrimonialité des truites et effet du fractionnement causé par le fonctionnement du seuil de prise d'eau du canal de Nyer - Rapport [NYER](#): Etude pour la FD66, Université de Montpellier. 9p.
- 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, and Schikorski D. Sous presse 2016. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA Rapport final 3/3. Rapport d'étude final pour la FNPF, Université de Montpellier. 18p. ([GT2015](#))
- Berrebi P, Schikorski D. Sous presse 2016. Origine génétique des truites des lacs et rivières du Massif du Carlit. Recherche de souches distinctes - Projet [PO8](#): Rapport d'étude pour la FD66, Université de Montpellier, 8p.
- Berrebi P, Schikorski D. en préparation 2016. Origine génétique des truites capturées en seconde catégorie piscicole de la Têt - Rapport [PO9](#). Etude pour la FD66, Université de Montpellier. 8p.

7. Annexes:

Annexe 1: Origine des résultats divergents

Il arrive fréquemment que des pourcentages d'assignation du même échantillon varient d'un rapport à l'autre (ici entre la méta-analyse de ce rapport et les analyses plus anciennes et localisées).

Les variations de pourcentages de lignées entre les mêmes échantillons dans l'analyse globale (Figure 4) et l'analyse partielle (Figure 5) du présent rapport sont inhérentes à la méthode relative utilisée (il n'y en a pas d'autres): ces pourcentages ne sont obtenus que par comparaison (méthode relative) et dépendent des autres truites mises dans l'analyse (= références). Les truites analysées ensemble dans les deux analyses d'assignation ont changé, les pourcentages aussi.

Voici deux images permettant de comprendre:

1 - On vous donne 10 truites de 10-12 cm et 10 truites de 20-22 cm et on vous demande de les classer en petites et grandes: vous le faites sans problème.

On rajoute 10 truites de 30 à 32 cm et on vous demande de classer l'ensemble en petites et grandes: après une petite hésitation vous placez les 30-32 dans les grandes et les autres dans les petites.

Donc en rajoutant d'autres échantillons, les 20-22 sont passées de grandes à petites!

2 - On vous montre les portraits de 10 suédois (yeux bleus et cheveux blonds) et de 10 italiens (yeux bruns et cheveux bruns) et on vous demande d'en faire deux catégories: vous le faites sans hésitation: un groupe du nord et un groupe du sud.

Je rajoute 10 portraits de sénégalais (peau noire, yeux bruns et cheveux bruns) et on vous demande d'en faire deux catégories: vous allez hésiter entre opposer les suédois à tous les autres (su/it+se) et opposer les sénégalais à tous les autres (su+it/se) mais probablement allez choisir le second découpage

Donc en rajoutant les portraits des sénégalais, les italiens changent de groupe et passent du groupe sud au groupe nord.

C'est la même chose avec les méthodes multidimensionnelle et d'assignation: les positions ou pourcentages changent parce que les échantillons analysés ont été changées. Les classements des truites sont bien sûr bien plus complexes que les deux exemples donnés car la génétique des truites est basée sur une multitude de marqueurs et de variants.

Pour résoudre ce genre de contradictions, on considère :

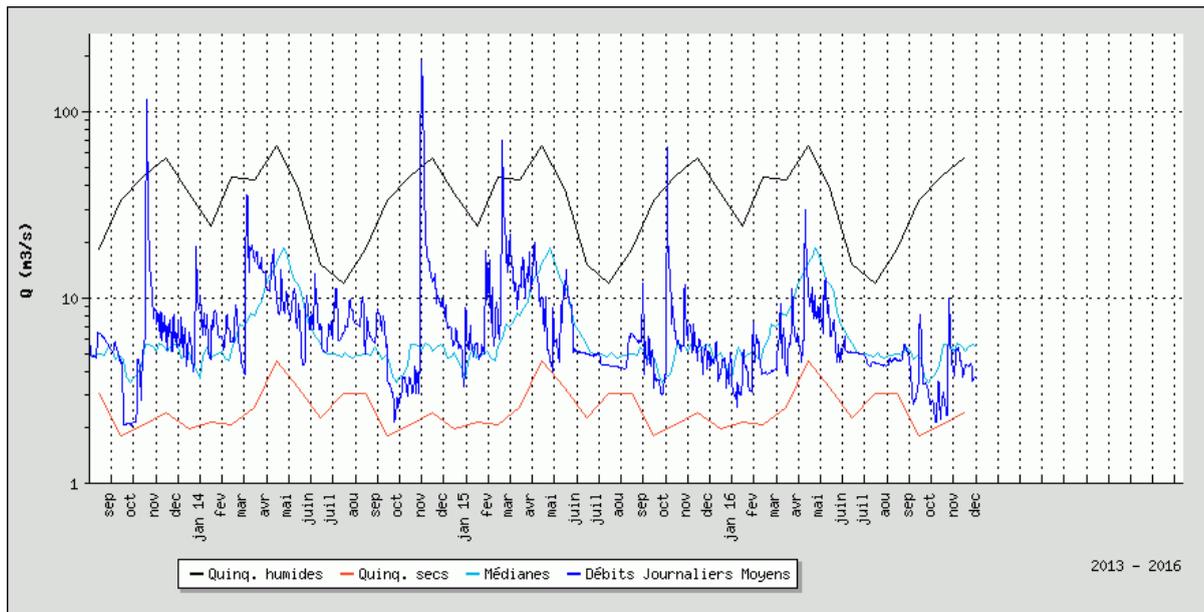
- que **l'analyse impliquant le plus d'échantillons est la plus sûre;**
- que **l'analyse impliquant le plus de marqueurs est la plus sûre.**

Dans notre cas nous avons utilisé 4 marqueurs microsatellites au début (jusqu'à 2012 et le rapport PO6) puis 6 marqueurs depuis. Dans le présent rapport tous les échantillons sont égalisés à 6 marqueurs (pour se conformer au standard national de 6 marqueurs, 3 des 4 d'avant 2012 ont été complétés par 3 autres) et aucune autre analyse n'a impliqué autant d'échantillons: les pourcentages d'assignation obtenus pour PO2016 sont donc les plus sûrs.

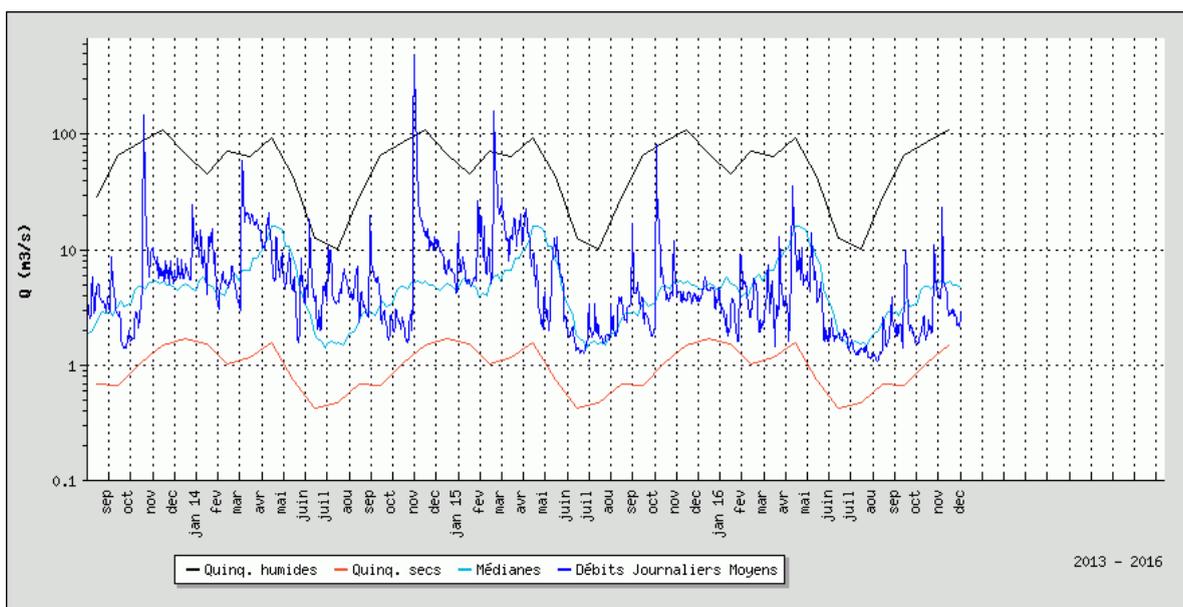
Ambiances hydrologiques sur la Têt aval 2014-2016

Source : Banque Hydro
(<http://www.hydro.eaufrance.fr/>)

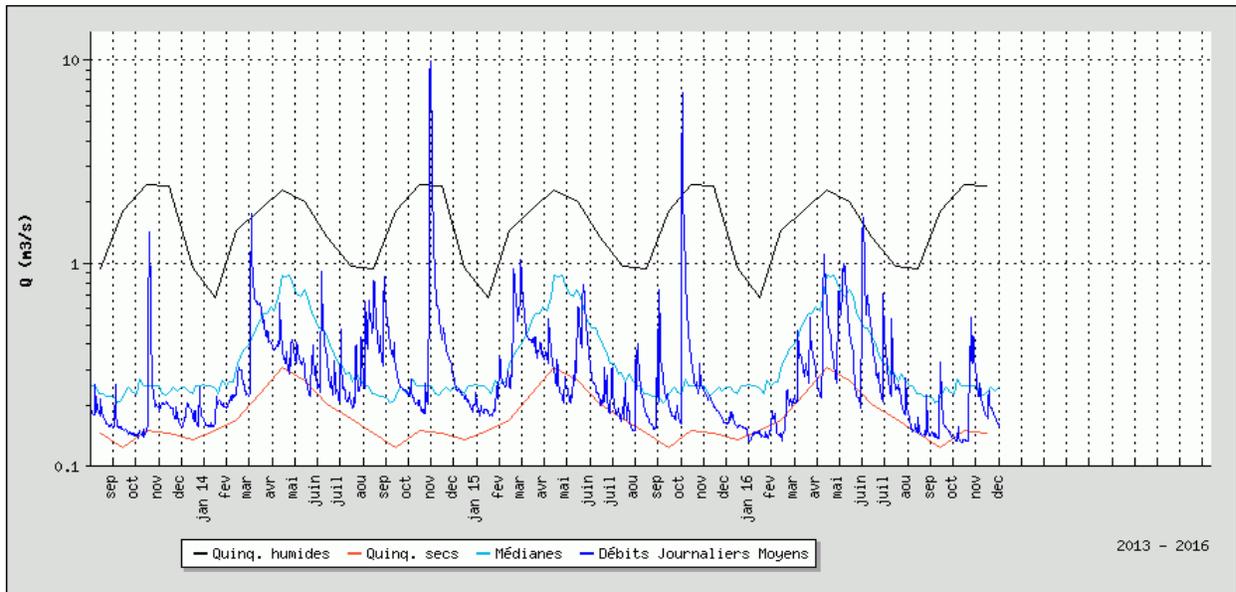
La Têt [partielle] à Rodès



La Têt [partielle] à Perpignan



Le Tech à Prats-de-Mollo-la-Preste [La Preste]



Le Boulès à Ile-sur-Têt

