

Contrôle de la composition génétique des truites de l'Ercu

Rapport **CORS08**



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 des truites de rivières en France et en Europe est une activité complexe au moins pour deux raisons: la complexité naturelle des peuplements dont l'histoire ancienne tourmentée nous a laissé un patchwork de lignées, souvent inextricable; et puis cette gestion doit tenir compte à la fois de l'intérêt des populations de truite (assurer leur maintien dans les meilleures conditions) et des demandes des pêcheurs puisque, globalement, cette gestion est essentiellement financée par ces pêcheurs.

Les analyses génétiques pratiquées sur ces truites depuis de nombreuses années a, peu à peu, dressé un tableau contrasté de leur structure et de leur état. Selon le plan de gestion corse pour les dix prochaines années, en cours de préparation, le bilan actuel démontre, dans certaines zones, un fort taux d'introgression des populations de truites par la souche atlantique domestique. Aussi, mener des actions de réintroduction des lignées corses et méditerranéennes dans certains cours d'eau est peut être un objectif ambitieux mais réalisable à long terme dans des zones qui ne sont pas du tout, voire pas massivement affectées par l'hybridation.

Notons que la gestion des truites corses prend désormais en compte les lignées de truites corses et méditerranéennes qui sont toutes les deux naturellement présentes dans l'île. On parle donc de gestion de la truite de Corse (et non plus de la gestion de la truite corse).

L'action phare du futur plan de gestion ambitionne d'étendre l'aire de répartition des lignées corses et méditerranéennes. Il s'agit de renforcer les populations hybridées et/ou à faible effectif afin d'obtenir dans quelques années des populations à la composition génétique plus proche de la souche sauvage.

Ces futures opérations de réintroduction, à partir de populations saines et pures du même bassin ou sous-bassin, nécessitent la connaissance parfaite du bassin versant (composition génétique des populations potentiellement prélevées ou repeuplées, obstacles à la migration aval vers l'amont,...) afin de pouvoir sélectionner les cours d'eau où auraient lieu les prélèvements et les relâchés des truites capturées dans les populations pures du même bassin. Le nombre de truites pouvant être capturées sera calculé chaque année en fonction des résultats des inventaires.

L'appui de l'analyse génétique est précieux à cette étape. Les analyses génétiques 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. Clairement, l'analyse de la population candidate à un prélèvement de géniteurs est indispensable.

Une opération de ce type est prévue dans l'Ercu, affluent du Golu. Une analyse ancienne d'une station très en amont (2009) détaillée dans le rapport OEC2009 avait conclu à une composition purement sauvage. Les deux nouveaux prélèvements de 2017 ont pour but de savoir jusqu'à où le peuplement reste sauvage à l'aval. Ainsi l'analyse concerne d'abord la population avale, la population plus en amont ne serait analysée que si l'aval était pollué par la lignée domestique.

2. Les échantillons analysés

L'échantillon de 40 morceaux de nageoires dans l'alcool des truites de l'Ercu de 2017 a été livré à l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 6 juin 2017 par la Fédération des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) de Corse (FD20). Monsieur Stéphane Muracciole est le correspondant de la FD20 auprès de l'ISEM.



Figure 1 : Positionnement géographique de la station échantillonnée dans l'Ercu en 2009 et 2017. Celui de 2009 (amont) a déjà été analysé (rapport ORC2009), seul l'Ercu aval de 2017 a été analysé ici.

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des truites des 20 échantillons de 2017 avec des truites de type connu. Ainsi, ont été rajoutés un échantillon amont de l'Ercu de 2009, 2 échantillons du Golu et 2 échantillons domestiques: un de rivière et un de pisciculture continentale.

Repère carte	Station	Bassin	Année de capture	Nbre	Rapport	N° ISEM d'échantillon	N° ISEM d'individus
1	Ercu (aval source)	Golu	2009	18	OEC2009	L201	T15408-T15426
2	Ercu amont	Golu	2017	25	non analysé	L777	T31704-T31728
3	Ercu aval	Golu	2017	20	CORS08	L787	T31729-T31748
-	A Tassineta (aval)	Golu	2012	19	OEC2012	L513	T23311-T23329
-	Golu (amont Albertacce)	Golu	1996	35	CORS06	F128	T03083-T03117
-	Ortolu	Ortolu	1996	20	CORS04	F160	T03800-T03819
-	pisciculture en Isère	dept. 38	2008	30	GSALM2	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : Caractéristiques de l'échantillon analysé (3) et des échantillons de référence. L'échantillon 2 n'a pas été analysé (voir discussion).

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 Oneµ9, Mst85, SsOSL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438. Leurs allèles constituent les génotypes des truites.

Les génotypages sont assurés par Genindexe (Labofarm), 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", correspondent aux 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).

5. Résultats

5.1. Débroussaillage par AFC

La première image des analyses génétiques, par AFC (Figure 2), montre à gauche les truites sauvages du Golu, droite les truites domestiques, et au centre en haut les truites de l'Ercu.

Cette proximité Ercu-domestiques est testée dans la Figure 3: c'est la même analyse présentant les positions relatives des truites de l'Ercu et des truites domestiques. Dans cette configuration, il n'y a pas de chevauchement entre les ellipses sauvages et domestiques.

Globalement, cette analyse multidimensionnelle nous montre que,

- dans le bassin du Golu, chaque affluent a sélectionné des truites génétiquement différentes, les deux échantillons de 2009 et 2017 de l'Ercu sont très semblables;

- les truites domestiques, bien que similaires (à droite des projections des analyses), sont également différenciées.

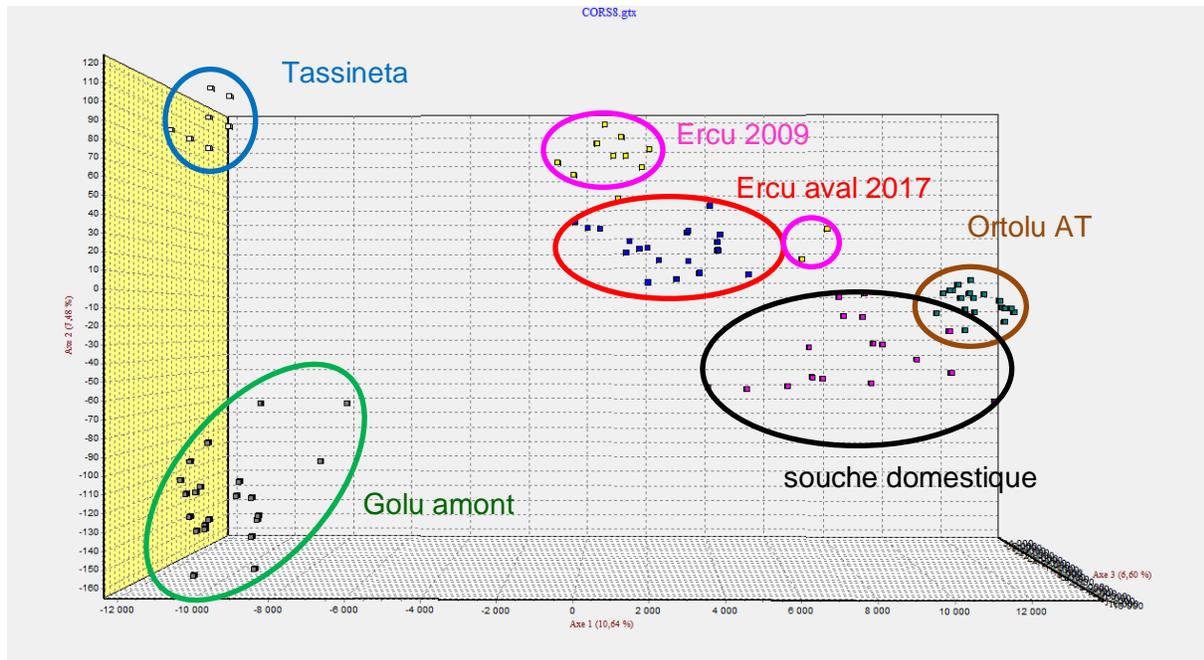


Figure 2 : Première analyse globale de l'Ercu aval de 2017 en rouge, avec, outre l'Ercu de 2009 en rose, deux échantillons du Golu (amont en vert + Tassineta en bleu) et deux échantillons domestiques atlantiques, dans une population de rivière dans l'Ortolu en marron et d'une pisciculture du continent en noir.

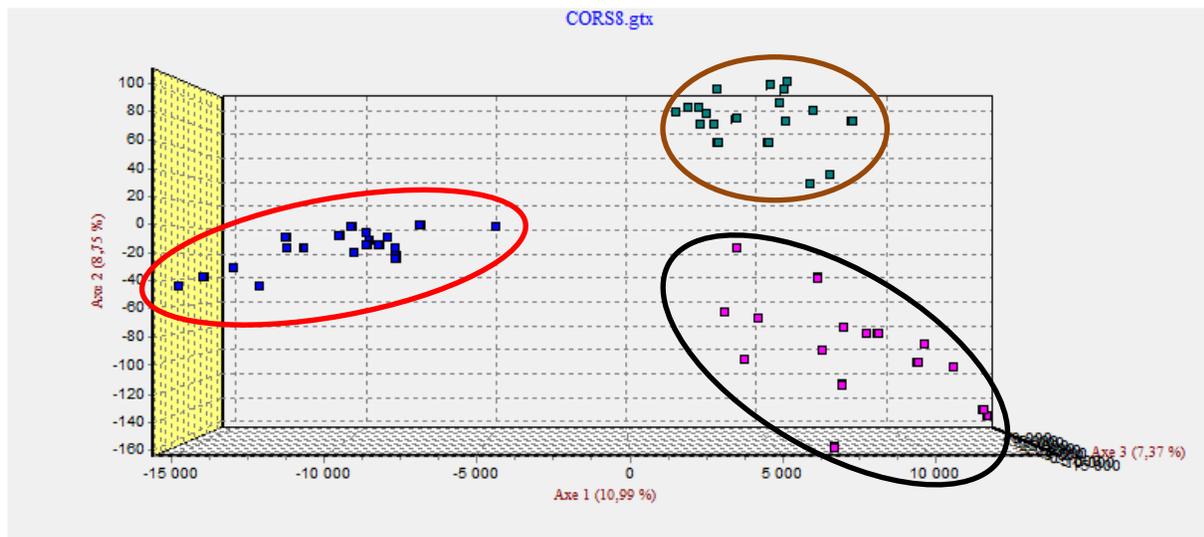


Figure 3: Seconde analyse opposant simplement Ercu aval 2017 et domestiques.

5.2. Chiffrage par assignation

La détermination automatique du nombre de sous-groupes contenus dans l'analyse d'assignation (logiciel STRUCTURE HARVESTER) donne K=3. La Figure 4 détaille les découpages obtenus de K=2 à K=6. La structure la plus forte (K=3) nous montre que les truites des deux

stations diachroniques de l'Ercu constituent une lignée homogène, bien que l'échantillon de 2009 présente environ 8% d'introggression atlantique. Dans le rapport OEC2009, elles avaient été diagnostiquées comme entièrement sauvages, mais la remarque suivante avait été faite: "*Ces truites avaient un bel aspect sauvage sauf deux ou trois d'entre elles qui étaient totalement différentes (pas retrouvées dans les données génétiques)*". D'autre part, dans le rapport OEC2010, le même échantillon Ercu 2009, analysé par assignation avec d'autres échantillons, présentait 6% de formes atlantique.

Le découpage ultérieur montre que les truites domestiques ne sont pas homogènes (pour $K=4$), puis que l'Ercu 2009/2017 présente des différences (pour $K=5$), enfin que les deux références du Golu ne sont pas identiques (pour $K=6$). Plus on s'éloigne de la structure majeure ($K=3$) et plus les différences observées sont faibles.

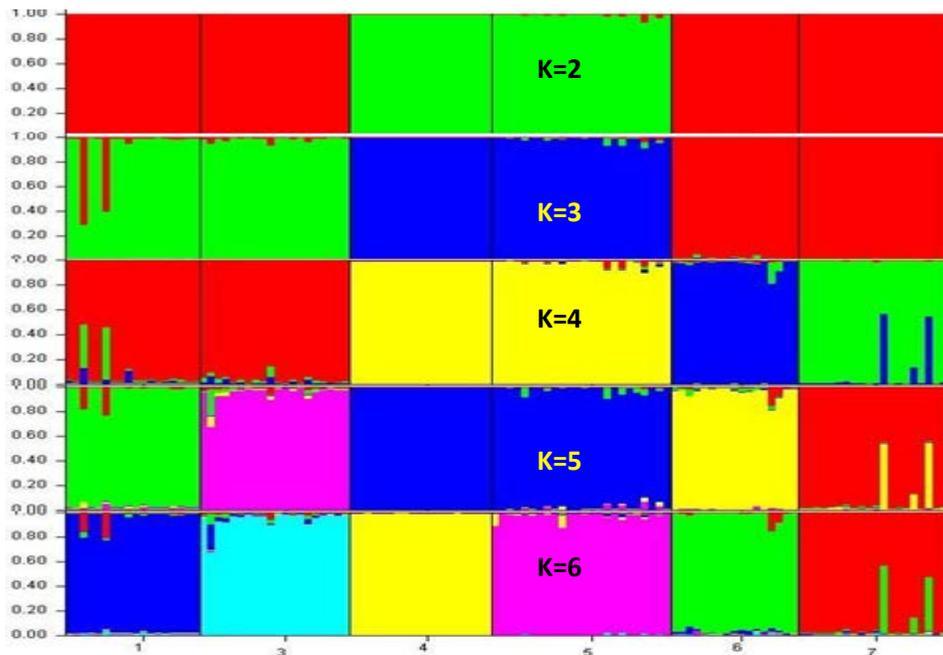


Figure 3: Histogramme de la composition génétique de chaque truite (fines barres verticales) et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage (K) de 2 à 6. $K=3$ est la principale structure contenue dans les données.

6. Interprétation et Discussion

6.1. Sauvage ou domestique?

L'analyse de l'échantillon aval de l'Ercu montre qu'à cet endroit, les truites sont encore presque totalement sauvages. L'analyse de l'échantillon amont de 2017 est inutile (bien qu'il ait pu être modifié par un lâcher local, très peu probable).

Dans le cadre d'un repeuplement d'une population du même affluent présentant une faiblesse démographique, la population Ercu aval 2017 peut donc être utilisée pour des prélèvements de géniteurs, dans la mesure où une analyse démographique est utilisée pour déterminer le nombre raisonnable de truites à déplacer.

6.2. Corse ou méditerranéen?

Le peuplement de la Corse a été étudié par divers chercheurs. La synthèse la plus aboutie est celle de Gauthier et Berrebi, 2007. La truite méditerranéenne seraient venue du continent il y a 10 à 15000 ans, s'hybridant avec la truite corse tout autour de l'île. Il y a donc logiquement des populations hybrides naturelles à l'aval de quasiment tous les fleuves corses.

Le Golu est une exception: la truite méditerranéenne a quasiment éliminé la forme ancestrale, du moins au niveau des allozymes et de l'ADN mitochondrial. Au niveau des microsatellites, la truite du Golu est plus riche que la truite méditerranéenne continentale, démontrant là encore son origine hybride.

Ne disposant ni de marqueurs allozymiques ni de marqueurs mitochondriaux pour l'échantillon de l'Ecu 2017, une analyse multidimensionnelle réunissant des échantillons déjà démontrés comme corses ou méditerranéen a été tentée. Le résultat est décevant (Figure 4).

Heureusement, l'Ercu 2009 a été analysé au niveau de 5 truites: toutes ont présenté l'haplotype AD caractéristique de la lignée corse (rapport CORSMT2).

Il est donc très probable que Ercu aval 2017 soit de lignée corse pure.

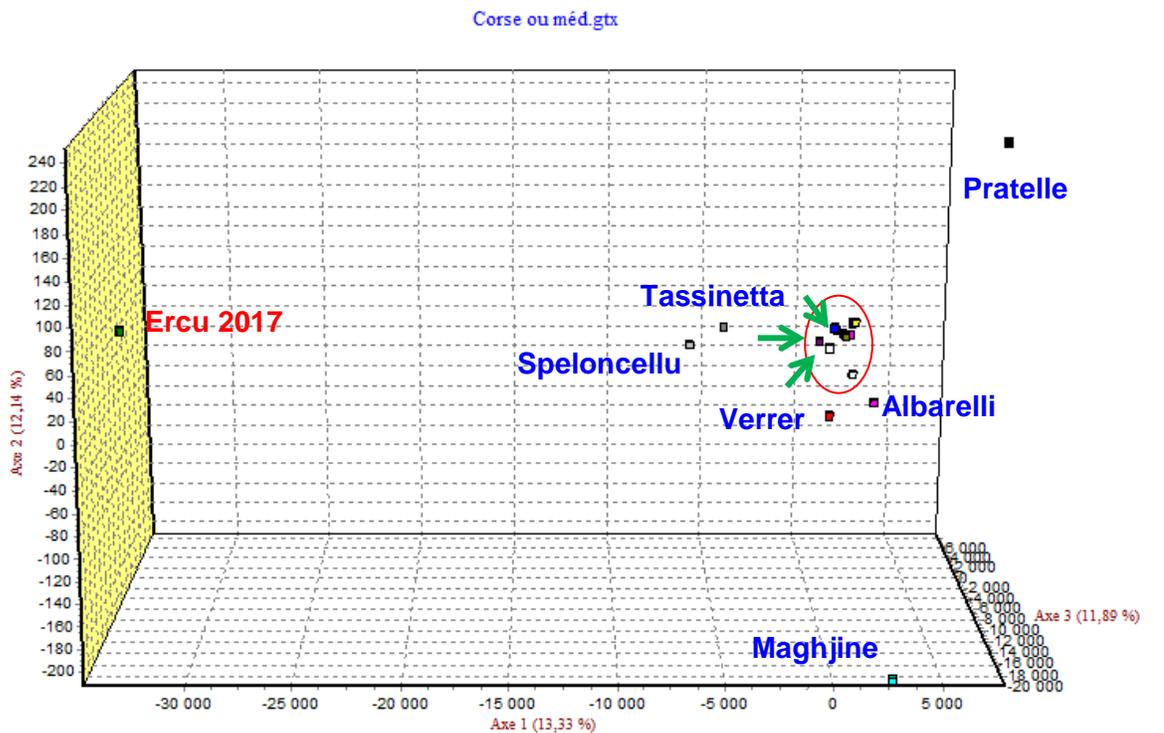


Figure 4: Cette analyse globale de 21 échantillons de Corse, basée sur 6 microsatellites, montre que l'Ercu héberge une population différente de toutes les autres. Ce n'est pas la seule population dans ce cas, l'isolement pouvant aboutir à une forte modification de la génétique, surtout après réduction d'effectif (goulot d'étranglement) historique. C'est aussi le cas de Furcone (non analysé ici), Pratelle ou Maghjine.

Cependant, nous constatons que, contrairement aux allozymes et à l'ADN mitochondrial, les microsatellites sont très insuffisants pour distinguer la lignée corse et la lignée méditerranéenne (les flèches vertes sont les seuls échantillons montrant un ADN mitochondrial méditerranéen).

Fait à Montpellier le 11 juillet 2017

7. Références bibliographiques citées

- Berrebi P. 1996. Analyses allozymiques des truites corses dans le cadre du protocole n°1165 du CSP (8° délégation) : Etude de deux cours d'eau corses dévastés par les crues : la Solenzara et l'Ortolo. Suivi de la recolonisation par les populations de truite. Rapport décembre 1996, Université Montpellier II. ([CORS04](#))
- Berrebi P. 1998. Structuration génétique des truites de Corse - Rapport 1998. Rapport de contrat, Université Montpellier II, 11 p. + annexes. ([CORS06](#))
- Gauthier A., Berrebi P. 2007. La colonisation de l'île par différentes souches de truite. In : Guide de gestion de la truite macrostigma, 4-10.
- Berrebi P., Cherbonnel C., Muracciole S., Recorbet B. 2009. Rapport intermédiaire OEC1 (3 décembre 2009) - Etude génétique de 18 échantillons 20 truites de Corse sur 4 marqueurs microsatellites. Université Montpellier 2. ([OEC2009](#))
- 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. 2012. Analyse génétique des 5 échantillons de truites de Corse - Ultimi, Asinao, Castagnu, Tassineta et Maghjine - Projet [OEC2012](#) - Rapport de décembre 2012, p. 7p. Rapport d'analyse pour l'OEC. Université Montpellier 2.
- Tougaard C. 2013. Détermination de l'origine des lignées de truites de Corse par le biais de l'analyse phylogénétique d'un marqueur mitochondrial (région de contrôle) - Novembre 2013: Université Montpellier 2. 25p. ([CORSMT2](#))