

Composition génétique des truites des gaves d'Aspe et d'Ossau

Rapport PA3



Gave de Bious © nonosurfeur.canalblog.com

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

Distinguer entre truites sauvages et domestiques est un exercice parfois aisé, mais parfois hasardeux tant la truite naturelle a une robe diversifiée, parfois différente entre deux affluents d'un même sous bassin.

Lorsque la gestion piscicole nécessite l'établissement d'un plan d'action justifié, en particulier quand il faut choisir entre gestion halieutique ou patrimoniale, l'appui de l'analyse génétique est souvent nécessaire. Les analyses génétiques procurent aux gestionnaires deux types d'information: elles établissent la distribution géographique des lignées naturelles différenciées et calcule le niveau d'hybridation entre lignées sauvages et domestiques. La première information permet de prévenir des translocations inappropriées et la seconde permet d'adapter la gestion à l'état du cheptel.

2. Les échantillons analysés

Les 11 échantillons de 1 à 25 truites des gaves d'Aspe et d'Ossau ont été capturés entre 2015 et 2017.

N° carte	Station	Sous bassin	Date	Rapport	N° ISEM des échantillons	N° ISEM des individus
1	Gave de Bioux	Gave d'Oloron	01/06/2017	PA3	L766	T31564-T31588
2	Magnabaigt amont	Gave d'Oloron	24/08/2016	PA3	L767	T31589-T31602
3	Magnabaigt aval	Gave d'Oloron	24/08/2016	PA3	L768	T31603-T31613
4	Espéluenguère amont	Gave d'Aspe	13/09/2016	PA3	L769	T31614-T31625
5	Espéluenguère aval	Gave d'Aspe	13/09/2016	PA3	L770	T31626-T31638
6	Arnousse amont	Gave d'Aspe	13/09/2016	PA3	L771	T31639
7	Arnousse aval	Gave d'Aspe	13/09/2016	PA3	L772	T31640-T31663
8	Baralet amont	Gave d'Aspe	25/08/2015	PA3	L773	T31664-T31673
9	Baralet aval	Gave d'Aspe	25/08/2015	PA3	L774	T31674-T31683
10	Belonce amont	Gave d'Aspe	26/08/2015	PA3	L775	T31684-T31693
11	Belonce aval	Gave d'Aspe	26/08/2015	PA3	L776	T31694-T31703
12	Vert	Vert	18/03/2014	PA2	L570	T26185-T26204
13	Saison	Saison	27/06/2012	GT-PA1	L092	T24731-T24750
14	Bidouze	Bidouze	19/03/2014	PA2	L566	T26125-T26144
15	Gave de Pau (à Luz St S.)	Gave de Pau	09/11/2015	BASTAN	L690	T29123-T29142
16	Pisciculture de Léas-Athas	64	11/02/2014	PA2	L443	T26033-T26052
17	pisciculture d'Isère	38	2008	GSALM2	L266	T16926-T16955

Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. Les lignes jaunes sont les échantillons nouveaux; les blanches sont les références de rivière servant aux comparaisons; les grises les références domestiques.

Ces échantillons (fragments de nageoire dans l'alcool à 95%) ont été livrés 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) des Pyrénées-Atlantiques (FD64). Monsieur Fabrice Masseboeuf est le correspondant de la FD64 auprès de l'ISEM.

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes du présent rapport avec des truites de type connu. Ainsi, ont été rajoutés des échantillons des affluents voisins (Vert, Saison, Bidouze et Gave de Pau) ainsi que des échantillons de pisciculture (l'établissement local de Lées-Athas et une pisciculture nationale en Isère). Cela permettra de décrire l'originalité éventuelle de l'échantillon nouveaux et l'impact des repeuplements. Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1. Leurs localisations sont précisées à la Figure 1.

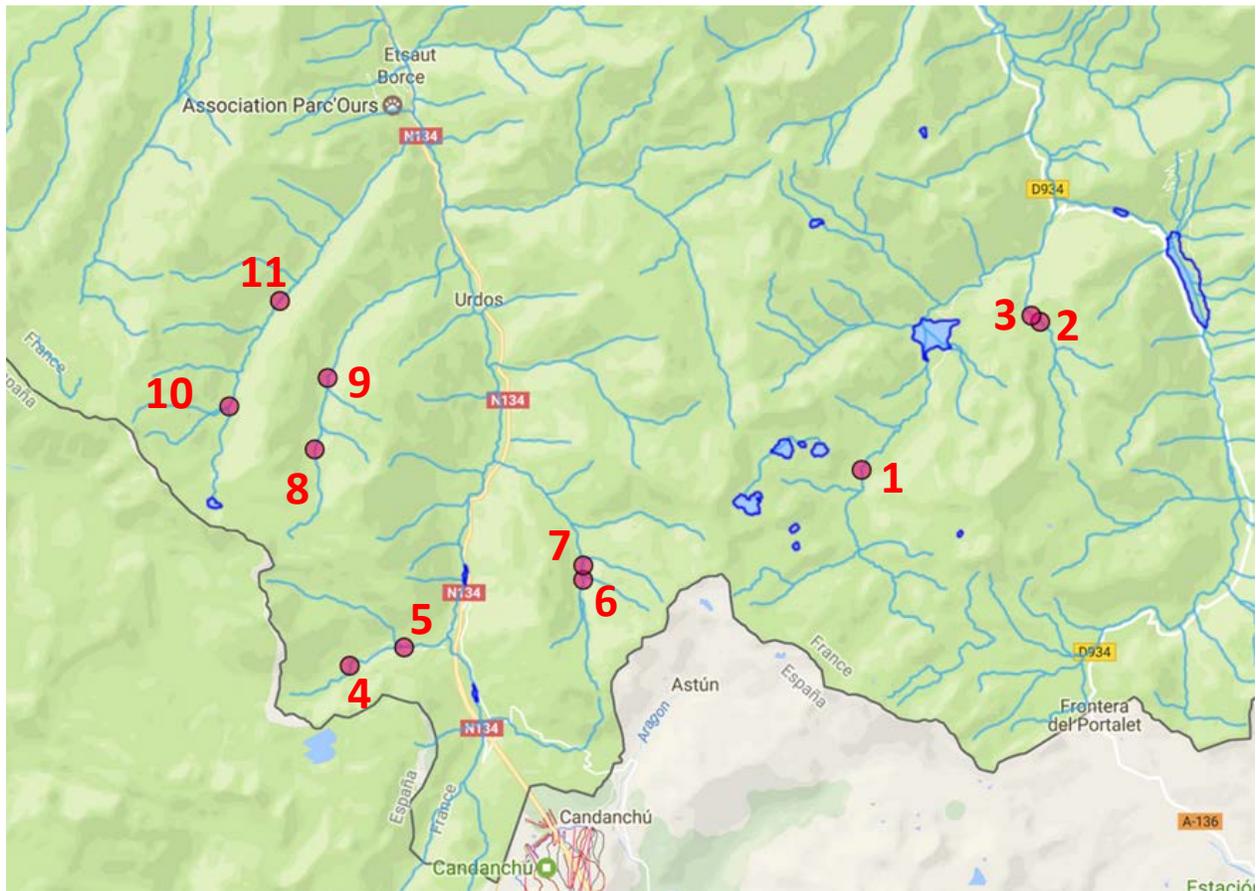


Figure 1 : Positionnement géographique des stations échantillonnées. Les numéros correspondent à la première colonne du Tableau 1.

3. Les méthodes moléculaires

Les techniques biomoléculaires permettent d'extraire l'ADN contenu dans les nageoires. Par amplification et migration sont révélés les variants héréditaires (allèles) portés par chaque truite au niveau d'endroits bien particuliers des chromosomes (les locus). Pour être informatifs, des locus hypervariables sont choisis, les microsatellites. Ici, nous avons choisi 6 locus

microsatellites nommés 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). 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* sont nombreux en génétique des populations. Trois d'entre eux ont été choisis (i) les paramètres de diversité génétique des échantillons (H_{nb} , H_o et A), (ii) un paramètre de panmixie (F_{is} : il teste la panmixie: le 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 (F_{st}).

5. Résultats

5.1. Débroussaillage par AFC

La première image des analyses génétiques, par AFC (Figure 2), montre quatre regroupements dans quatre directions, plus un élément central. Les polygones forment les mêmes regroupements qu'à la Figure 4: l'Arnousse amont (une seule truite) est domestique et se superpose aux deux échantillons de pisciculture, à gauche; le Gave de Bioux et les deux stations du Magnabaigt sont groupés en haut; les deux stations de l'Espélunguère en bas centre-droite; les stations du Baralet et du Belonce à droite.

L'influence des truites domestiques apparaît réduite, sauf pour l'unique échantillon de l'Arnousse amont, truite née en pisciculture.

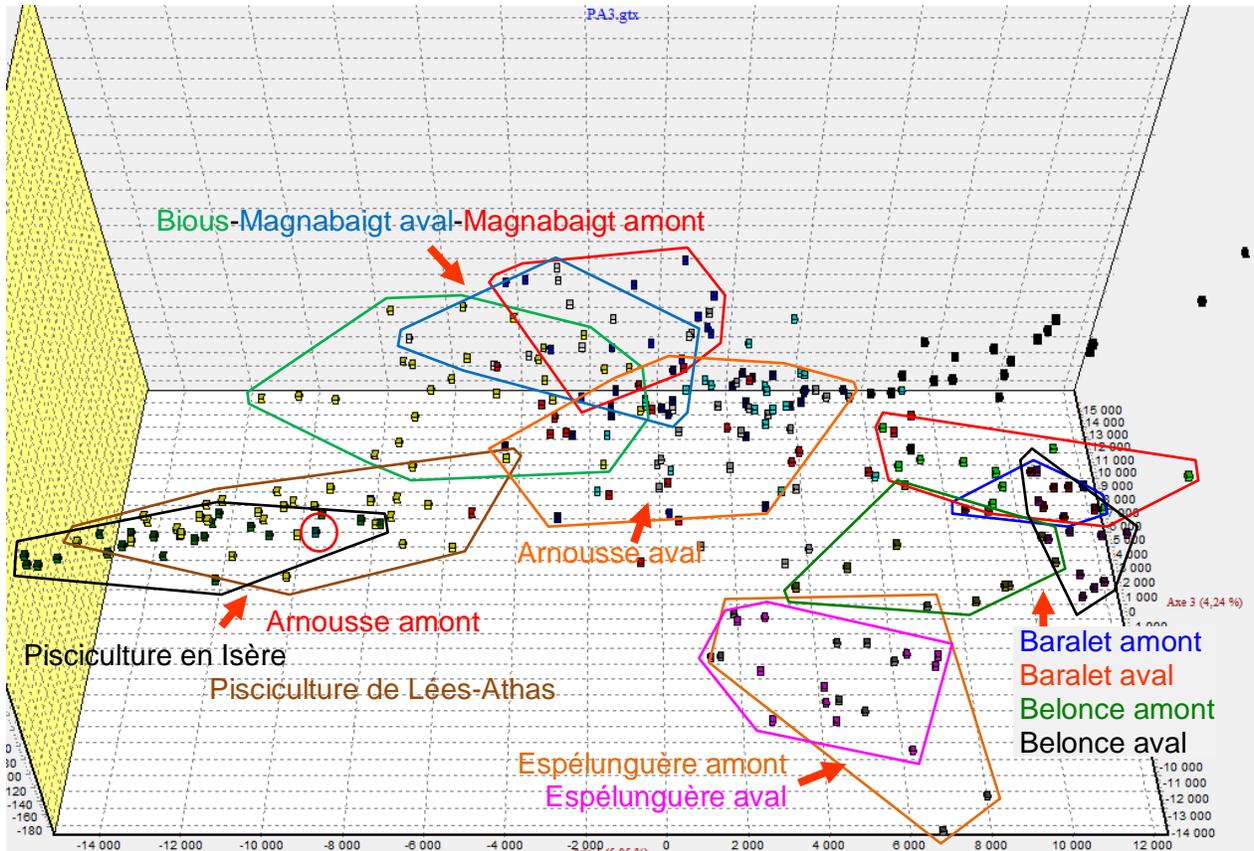


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant toutes les truites considérées d'après leurs caractéristiques génétiques. Pour rendre le diagramme plus lisible, les références naturelles (Vert, Saison, Bidouze et Gave de Pau) ne sont pas entourées.

5.2. Chiffrage par assignation

L'analyse d'assignation (ici 100 000 essais non enregistrés constituent la préparation ou "burn'in" de l'analyse suivis de 200 000 nouveaux essais enregistrés pour aboutir au meilleur découpage) permet de classer et de chiffrer la composition génétique de chaque échantillon. La meilleure représentation est l'histogramme de la Figure 3, car l'aide à l'analyse préconise $K=7$.

Les observations faites sur la Figure 2 sont confirmées par cette analyse (mêmes regroupements).

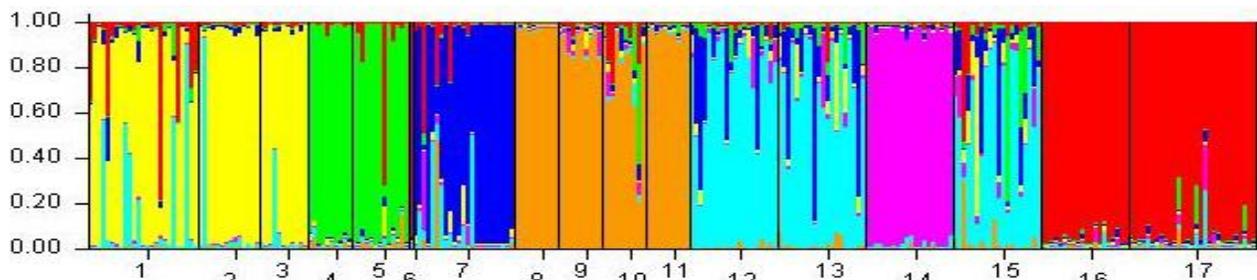


Figure 3: Histogramme de la composition génétique de chaque truite (fines barres verticales) et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage total en 7 lignées ($K=7$). Ce diagramme est transposé en pourcentages au Tableau 2.

K=1	K=2	K=3	K=4	K=5	K=6	K=7	K=8	
					4+5	4+5	4+5	Espéluenguère
	4+5+8+9+10+11+14	4+5+8+9+10+11+14	4+5+8+9+10+11	4+5+8+9+10+11				Baralet + Belonce
			14	14	14	14	14	Bidouze
				1+2+3	1+2+3	1+2+3	1+2+3	Bious + Magnabaigt
		1+2+3+7+12+13+15	1+2+3+7+12+13+15			7	7	Arnousse aval
				7+12+13+15	7+12+13+15		12+15	Gave de Pau + Vert
	1+2+3+6+7+12+13+15+16+17					12+13+15		Saison
		6+16+17	6+16+17	6+16+17	6+16+17	6+16+17	6+16+17	Arnousse amont + P

Figure 4: Même analyse d'assignation, détaillée pour chaque découpage de K=2 à K=8. La représentation en arbre donne une image des relations phylogénétiques entre échantillons. La barre jaune désigne la partition la plus informative.

N° carte	Station	Magna-baigt	Espéluenguère	Arnousse	Baralet	G. Pau	Bidouze	domestique
1	Gave de Bious	69	2	3	1	14	1	11
2	Magnabaigt amont	88	1	2	1	8	1	1
3	Magnabaigt aval	90	1	1	1	5	1	1
4	Espéluenguère amont	1	93	1	2	1	1	1
5	Espéluenguère aval	2	84	1	2	1	1	8
6	Arnousse amont	1	1	1	1	1	1	94
7	Arnousse aval	2	1	78	3	7	3	6
8	Baralet amont	1	1	0	97	1	1	1
9	Baralet aval	2	1	1	91	1	3	1
10	Belonce amont	1	8	3	75	3	2	8
11	Belonce aval	1	1	1	96	1	0	0
12	Vert (Ance)	2	3	16	1	73	3	1
13	Saison	6	4	17	2	66	3	2
14	Bidouze	1	1	1	1	2	94	1
15	Gave de Pau (Luz St Sauveur)	8	9	14	4	55	4	6
16	Pisciculture Léés Athas	1	1	1	1	1	1	95
17	pisciculture Isère	1	2	1	1	2	2	91

Tableau 2: Transposition de l'histogramme de la Figure 3 sous forme de pourcentages (les valeurs correspondent à la moyenne des 5 "runs" d'assignation).

5.3. Diversité génétique, panmixie et différenciation inter-populations

Le Tableau 3 nous montre que les populations échantillonnées sont globalement en panmixie (ns), ce qui signifie qu'elles n'ont pas été récemment perturbées par des repeuplements ou par des phénomènes climatiques catastrophiques.

Leur diversité génétique est bonne à élevée, sauf les populations du Baralet et de l'aval du Belonce qui sont anormalement pauvres en variants génétiques.

N° carte	Station	Hnb	Ho	A	Fis	signific.
1	Gave de Bious	0,67	0,62	5,8	0,08	ns
2	Magnabaigt amont	0,69	0,65	5,3	0,06	ns
3	Magnabaigt aval	0,72	0,71	4,3	0,01	ns
4	Espélunguère amont	0,65	0,62	4,5	0,06	ns
5	Espélunguère aval	0,68	0,66	5,2	0,03	ns
7	Arnousses aval	0,72	0,72	6,7	-0,01	ns
8	Baralet amont	0,30	0,39	2,2	-0,34	**
9	Baralet aval	0,40	0,40	3,2	0,00	ns
10	Belonce amont	0,61	0,53	4,7	0,14	ns
11	Belonce aval	0,49	0,48	2,3	0,02	ns
12	Vert (Ance)	0,72	0,62	7,8	0,15	**
13	Saison	0,78	0,64	8,2	0,18	***
14	Bidouze	0,60	0,53	5,3	0,11	*
15	Gave de Pau (Luz St Sauveur)	0,75	0,69	8,2	0,08	*
16	Pisciculture Lées Athas	0,63	0,61	4,8	0,04	ns
17	pisciculture Isère	0,66	0,64	6,0	0,04	ns

Tableau 3: Paramètres populationnels donnant des informations sur le polymorphisme (entêtes roses), et la panmixie (entêtes bleues). Les valeurs en orange et jaunes montrent un polymorphisme très élevé ou élevé; les cellules blanches un polymorphisme modéré et les cellules en gris un polymorphisme insuffisant (voir discussion). ns = non significatif (=population en panmixie), *, ** et *** = niveau de significativité ou de sûreté de l'écart à la panmixie. L'échantillon n°6 n'a pas été pris en compte (1 truite).

Station	N° carte	1	2	3	4	5	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Gave de Bious	1	0	0,12	0,05	0,24	0,22	0,15	0,43	0,35	0,28	0,36	0,16	0,12	0,28	0,12	0,18	0,17
Magnabaigt amont	2		0	0,02	0,25	0,24	0,15	0,41	0,35	0,26	0,30	0,16	0,09	0,27	0,11	0,27	0,26
Magnabaigt aval	3			0	0,25	0,23	0,13	0,41	0,35	0,25	0,33	0,12	0,06	0,26	0,08	0,22	0,19
Espélunguère amont	4				0	-0,02	0,23	0,46	0,39	0,27	0,34	0,20	0,15	0,30	0,17	0,29	0,27
Espélunguère aval	5					0	0,21	0,41	0,34	0,24	0,32	0,17	0,14	0,28	0,15	0,25	0,24
Arnousses aval	7						0	0,36	0,30	0,19	0,22	0,07	0,06	0,22	0,06	0,21	0,17
Baralet amont	8							0	0,20	0,35	0,42	0,37	0,32	0,39	0,34	0,46	0,41
Baralet aval	9								0	0,31	0,40	0,31	0,26	0,30	0,30	0,41	0,37
Belonce amont	10									0	0,19	0,21	0,18	0,32	0,20	0,31	0,28
Belonce aval	11										0	0,28	0,25	0,41	0,25	0,41	0,36
Vert (Ance)	12											0	0,03	0,21	0,05	0,23	0,19
Saison	13												0	0,20	0,03	0,21	0,19
Bidouze	14													0	0,20	0,32	0,30
Gave de Pau (Luz St Sauveur)	15														0	0,17	0,14
Pisciculture Lées Athas	16															0	0,04
pisciculture Isère	17																0

Tableau 3: Mesure de la différenciation inter-échantillons par le paramètre Fst. Seules les cellules vertes démontrent une identité entre échantillons (Magnabaigt amont et aval; Espélunguère amont et aval). Toutes les autres comparaisons sont très significatives (cellules blanches) ou à la limite de la significativité (cellules jaunes).

6. Interprétation et Discussion

6.1. Impact des repeuplements

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

L'analyse multidimensionnelle (Figure 2) permettait déjà de soupçonner que la présence domestique était faible dans ces sous bassins.

C'est l'analyse d'assignation et son chiffrage en pourcentage (Tableau 2) qui détermine cette présence avec certitude. Cette méthode ne garantit la présence d'une lignée qu'au-dessus de 5% : en dessous il y a risque que ce ne soit que du "bruit de fond". C'est pourquoi les pourcentages de 5% et inférieurs sont représentés en gris dans le tableau. Parmi les 10 échantillons analysés des gaves d'Aspe et d'Ossau seuls 4 échantillons sont hybridés de façon certaine sur 10, celui du Gave de Bious dépasse 10%, les échantillons de l'Espéluenguère aval, de l'Arnousse aval et du Belonce amont présentent entre 6 et 8% de gènes domestiques. On peut considérer ces hybridations comme très modérées. L'unique truite capturée en amont de l'Arnousse et née en pisciculture constitue le 11ème échantillon (n°6). C'est le seul individu capturé sur 100 m de linéaire, zone séparée de l'aval par 2 chutes infranchissables.

6.2. Structure génétique naturelle

Les analyses précédentes avaient décrit les truites du bassin de l'Adour comme distinctes de celles de la Garonne mais relativement homogènes entre elles en dehors de la Souye d'un côté et du groupe Harambelzko et Hestapeko erreka de l'autre. Cette homogénéité se retrouve dans les caractéristiques génétiques communes entre les échantillons des rivières Vert, Saison et Gave de Pau de la présente analyse (Tableau 2).

Cependant, dès qu'on échantillonne les affluents plus isolés, on découvre une richesse génétique importante, que seuls des centaines de prélèvements pourraient correctement décrire : ici, les quatre lignées "Bious + Magnabaigt", "Espéluenguère", "Arnousse" et "Baralet-Belonce" montrent un peu de cette diversité.

La Figure 5 ci-dessous positionne ces lignées. La seule surprise est la ressemblance entre l'Arnousse et la lignée Gave de Pau (voir le Tableau 2), lignée appelée "Piémont" dans le rapport PA2.

6.3. Equilibres populationnels

La seule particularité est le faible à très faible polymorphisme génétique des stations du Baralet (amont et aval) et du Belonce (aval seulement). Le faible polymorphisme du Baralet n'est pas surprenant car il y a des affleurements de gypse qui augmentent fortement la conductivité et la "salinité" de l'eau surtout vers l'amont en plus d'une forte pression d'élevage (brebis, mais aussi cochons pour recycler le petit lait) et d'une forte discontinuité écologique naturelle. Cela peut réduire la densité de poissons dans cet affluent. Par contre, pour le Belonce, il y a clairement problème puisque l'amont, forcément de surface limitée, est normalement polymorphe (peut-être dû aux 8% de truites domestiques), alors que l'aval, forcément plus large, montre un faible polymorphisme (sans trace de truite domestique). C'est assez surprenant car la population y est abondante et semble fonctionnelle malgré peut-être un léger déficit en 0+ l'année de

l'échantillonnage par rapport à la station amont... les paramètres qui diffèrent d'avec le Baralet sont une conductivité normale, une discontinuité écologique moindre mais un assèchement annuel du lit (pertes naturelles + prises d'eau EDF) près de 1,5 km en aval...

6.4. En conclusion

Les truites de la zone étudiée sont remarquablement préservées de l'hybridation avec les formes domestiques. Elles sont également, sauf quelques exceptions, bien pourvues en variants génétiques, ce qui les renforce pour résister à tout changement écologique futur.

Les populations étudiées méritent donc amplement une protection par une gestion patrimoniale.

Enfin, une étude détaillée de l'influence de la pisciculture de Cauterets est proposée en annexe.

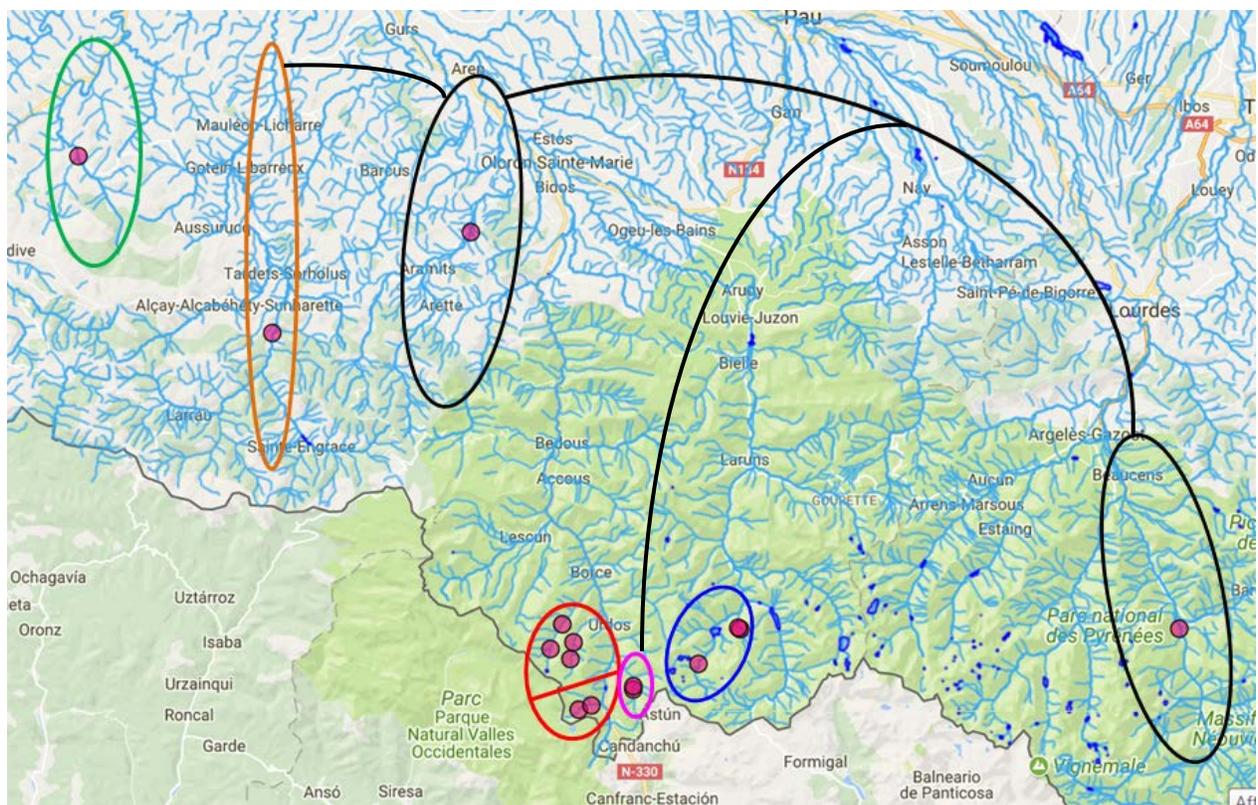


Figure 4: Représentation à large échelle de la structure naturelle des truites de l'Adour. Les ellipses représentent les zones de ressemblance génétique et les lignes courbes les ressemblances à longue distance.

Fait à Montpellier le 6 août 2017

7. Annexe

La pisciculture de Cauterets a eu une influence importante dans l'ouest des Pyrénées. Elle élève essentiellement deux souches:

- une souche "classique" ou "cheptel", issue des échanges fréquents entre piscicultures françaises après la sélection de la souche INRA-SEMII dans les années 90 enrichie par des apports divers de géniteurs capturés dans les rivières du département (1/2 sang) et

- une souche locale dite "Puntas", issue du gave du Marcadau, affluent amont de Gave de Cauterets d'où ont été tirées les géniteurs fondateurs de la souche;

(les souches "Estaing 1" et "Estaing 2" et "Espagne", analysés lors du rapport ADOUR1 de 1997 (échantillonnage en 1993) ont été abandonnées par la pisciculture).

Il était tentant de tester l'influence de ces souches sur les populations analysées dans la présente étude. Pour cela une analyse multidimensionnelle (AFC) a été effectuée avec les échantillons du Tableau 1 et de la Figure 2, auxquels ont été ajoutés les échantillons de Cauterets-Puntas (n°18) et Cauterets-classique (n°19).

La Figure 5 rend compte des liens génétiques entre toutes ces populations et souches.

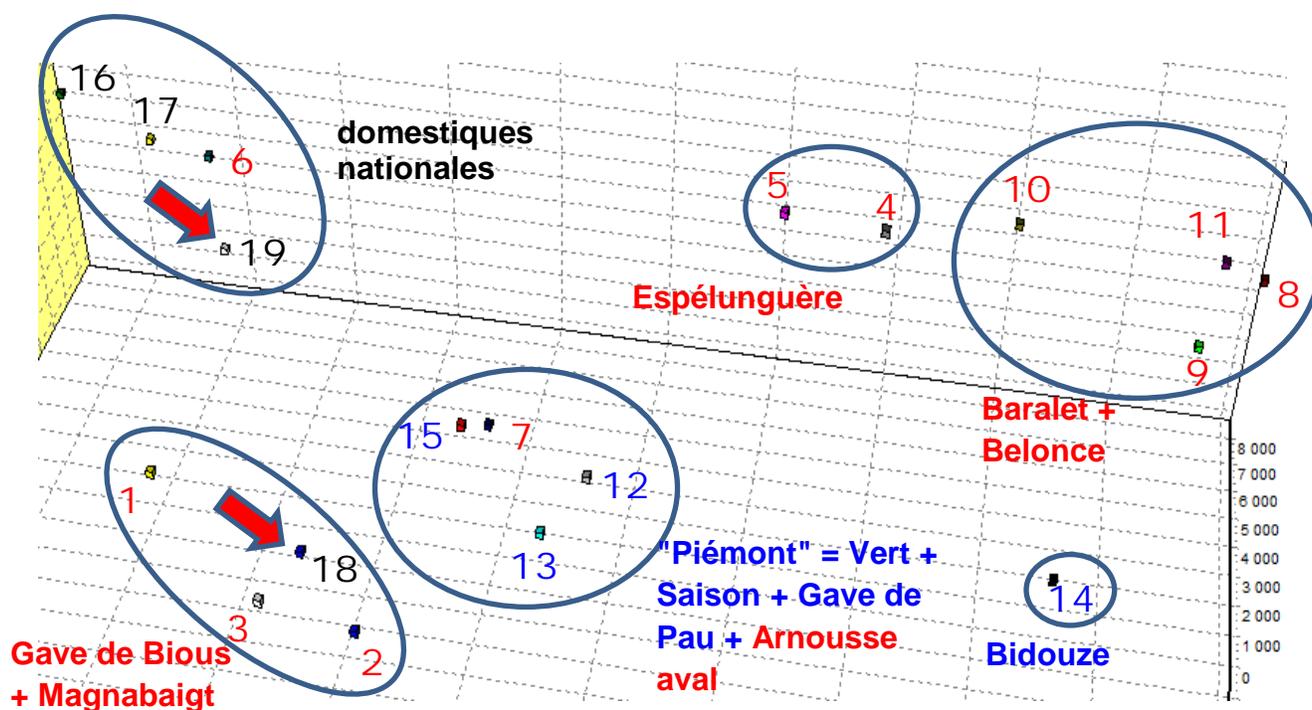


Figure 5: Analyse multidimensionnelle des échantillons pris en compte dans la première partie de ce rapport, augmentés par les deux souches de Cauterets (flèches rouges): Puntas (n°18) et classique (n°19). Les ellipses reprennent les groupes déjà observés dans les analyses du présent rapport. Cauterets-classique se place très normalement parmi les souches domestiques et Cauterets-Puntas dans le groupe du gave d'Oloron amont.

Selon cette analyse, la principale production de la pisciculture de Cauterets, souche dite "classique" ou "cheptel" est très semblable à ce qui a été appelé ici "domestiques" (dernière

colonne du Tableau 2), c'est à dire la souche domestique commerciale atlantique la plus distribuée en France. Cela ne modifie donc pas les conclusions de l'étude PA3.

La souche "Puntas" se montre très semblable aux échantillons du Gave de Bioux et du Magnabaigt (amont et aval). Cette ressemblance entre la souche domestique Puntas et une population sauvage habitant un petit affluent pyrénéen a déjà été observé avec le ruisseau de Cot, appartenant au sous-bassin du Gave de Pau (ruisseau de Cot -> ruisseau de Maillet -> gave de Héas -> gave de Pau), dans le rapport TROUM. Dans cette étude de 2016, il n'a pas été possible de choisir entre deux hypothèses principales: ressemblance fortuite ou introduction de la souche Puntas. Mais l'observation similaire d'une ressemblance entre Puntas et les affluents amont du gave d'Oloron (présent rapport) décrédibilise la première hypothèse, poussant à plutôt considérer un lien direct entre Puntas, Cot et Oloron!

Pour avancer, il nous faut bien connaître cette souche Puntas et son emploi dans la gestion. Cette souche est issue récemment (entre 1990 et 1995) de géniteurs sauvages d'une population vivant dans le Gave de Marcadau, (capturés au lieu-dit « le Puntas »), dans le bassin du Gave de Pau. Notons que cette souche est enrichie tous les 2 à 3 ans en moyenne par de nouveaux géniteurs sauvages locaux.

Un échantillon sauvage capturé en 1992 dans le gave de Marcadau (Puntas) a été analysé par allozymes lors du rapport ADOUR1 de 1997. Avec les allozymes, cette population a été considérée comme hybridée avec la lignée méditerranéenne, de même que les populations d'Arratille-lac et Gaube (lac des Huas, même bassin hydrographique du gave de Caunterets) (placés dans le groupe c1).

Un échantillon de 2008 de la souche domestique Puntas a été analysé lors de l'étude nationale Genesalm (2006-2009). Le rapport GSALM2 a montré, comme à la Figure 5, qu'elle était très différente de la souche classique nationale. Ce même échantillon de 2008 a été réutilisé dans l'étude nationale Genetrutta (2013-2015). Comparée à de nouveaux échantillons dans le rapport GT2015, elle s'est montrée proche de plusieurs souches domestiques méditerranéennes: celle de Roquebillière (souche d'origine Doubs à 85%) et Chauvey dans le Doubs (souche demi-sang).

La question de savoir si la souche Puntas est méditerranéenne se pose: seule l'analyse de l'ADN mitochondrial peut donner un résultat fiable. Cette analyse a été effectuée (Chat et al. 2015): la souche semble appartenir à la lignée AD présente dans les cours d'eau méditerranéens d'Espagne (il semblerait que la truite naturelle de l'amont de l'Ebre soient de la lignée AD, et celle d'aval de la lignée ME). Selon ce rapport, les truites de Gaube et leur micro ponctuation suggèrent fortement la lignée méditerranéenne. Dans l'étude de Chat et al. (2015), la distribution des haplotypes dans les échantillons qui nous intéressent est la suivante:

- Gave du Marcadau (11 juvéniles) : 10 haplotypes AD et 1 haplotype ME;
- Ebre (16 juvéniles de Iratiko Erreka et Egurgy) : 14 haplotypes AD et 2 haplotypes AT;
- Caunterets "Puntas" (32 individus) : 17 haplotypes AT et 15 haplotypes AD;
- Caunterets "cheptel" (30 individus) : 29 haplotypes AT et 1 haplotype AD.

Ces résultats confirment la nature méditerranéenne (ici lignée AD) de la souche Puntas. La présence de la lignée atlantique (AT) pour la moitié des truites analysées montre que des géniteurs probablement locaux ont été rajoutés.

D'où vient l'influence méditerranéenne dans la souche Puntas ? Captures de cours d'eau espagnols? Transferts anciens de truites par les bergers (il y avait beaucoup d'échanges avec les bergers espagnols provenant de la vallée du Rio Gallego par le passé)? Ces échanges pastoraux avec le secteur de Caunterets seraient plus précisément originaires du Rio Caldarès, secteur de

Panticosa. Entre le Marcadau et le Quignon de Panticosa, des transhumances anciennes via les cols de la Bernatoire, de la Fache ou d'Arratille sont connues (1). Entre Troumouze (ici le ruisseau de Cot) et l'Espagne, c'est moins évident (pas de col). Les travaux en cours de Didier Galop à l'Université de Toulouse confirment l'existence de ces échanges entre Espagne et France (2). L'hypothèse d'une capture naturelle de cours d'eau est contredite par le nombre de cas indépendants observés: en amont du gave d'Oloron (rapport PA3) et du gave de Pau (rapport TROUM). L'hypothèse d'une translocation ancienne de truites de l'Ebre dans ces deux zones concernées, plus peut-être les lacs analysés par allozymes (Arratille et Gaube) semble plus plausible. Il est probable que bien d'autres petits affluents aient aussi reçu ces apports.

(1) De nombreux passages par des cols peuvent être envisagés. Le col de la Bernatoire relie l'Espagne et le ruisseau de Lourdes, affluent du gave d'Ossoue qui a été échantillonné en 2016 (rapport GAVA) et pour lequel, une similarité a été observée entre la population sauvage présente au niveau de la confluence avec le Lécadé et la souche Puntas également. Il en est de même pour le gave des Tourettes (Gavarnie amont) qui est en liaison avec l'Espagne via Port Boucharo. Pour le Troumouze (l'affluent Cot est proche de la souche Puntas), c'est plus compliqué car il n'y a pas de col ou passage facile. On peut rajouter l'Estaubé (affluent gauche du Gave d'Héas) correspondant à un passage vers l'Espagne via la brèche de Tuquerouye.

(Texte modifié d'après un échange avec Sylvain Rollet)

(2) Sur la présence de souches méditerranéenne en versant nord cela n'est pas surprenant quand on considère :
a) que les sources d'approvisionnement des piscicultures en œufs embryonnés étaient multiples jusqu'aux années 60. Vers 1875, une pisciculture aragonaise installée à Piedra près de Saragosse envoyait des œufs à la société d'acclimatation de France qui elle-même les renvoyait aux gestionnaires français. Bien sûr les piscicultures, dès les années 20-30, cherchaient déjà à privilégier les souches locales par le prélèvement de géniteurs dans les cours d'eau locaux abritant peut-être des truites mélangées, résultats d'alevinage plus anciens puisqu'ils démarrent dans les années 10-20.

b) plus anciennement encore et le fait est avéré jusque dans les années 20, il y a du "commerce" de truites sauvages entre l'Espagne et les centres de consommation du versant nord (Cauterets, Luchon etc.) où la demande était telle que les ressources halieutiques locales ne suffisaient plus. Plusieurs documents relatent le colportage de poissons. Certains professionnels mettaient des truites en attente dans de petits lacs pour les reprendre plus tard lors des périodes de fermeture pour les exporter plus tard. La translocation de truites d'un cours d'eau vers un lac ou d'un lac vers un autre est très souvent mentionnée et est une évidence. Les lacs étaient des viviers d'élevage et de grossissement.

(Texte modifié d'après un échange avec Didier Galop)

La rédaction de cette annexe prospective s'est nourrie des confidences de Fabrice Masseboeuf (FD64), Didier Galop (Université de Toulouse), Marc Delacoste (FD65), Joëlle Chat (INRA, Pau) et Sylvain Rollet (PNP).

8. Références bibliographiques citées

La plupart des rapports cités peuvent être trouvés sur le site <https://data.oreme.org/trout/home> dans l'onglet "Liste des rapports" (cliquez sur "France" puis sur les départements concernés). Pour les options cartographiques du site, **utilisez Firefox**.

- 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., Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p. (**GSALM2**)
- Berrebi P, Genindex. 2013. Analyse génétique de truites du département des Pyrénées Atlantiques (Luy de France, Saison et Bidouze) dans le cadre du programme national Genetrutta (12 microsattellites) - Projet **GT-PA1** - Rapport de mai 2013: Etude pour la FD 64, Université Montpellier 2. 10p.
- Berrebi P, Schikorski D, Masseboeuf F. 2015. Composition génétique des truites de la Bidouze - Étude complémentaire au rapport Genetrutta de 2013 dans les Pyrénées-Atlantiques - Rapport **PA2**: Rapport d'analyse pour la FD64, Université de Montpellier. 9p.
- Berrebi P, Schikorski D. 2016. Etude génétique des truites du cirque de Troumouse: ruisseaux des Touyères, du Cot et du Maillet (sous bassin du Gave de Pau) - Rapport **TROUM**: Rapport d'étude pour la FDAAPPMA65, Université de Montpellier. 12p.
- Berrebi P, Delacoste M, Schikorski D. 2016. Structure génétiques des truites du Bastan et de 3 de ses affluents (rus de La Glère, Dets Coubous et Bolou) dans le cadre du suivi de sa recolonisation après la crue de juin 2013 - Rapport **BASTAN**: Rapport d'analyse pour la FDAAPPMA65, Université de Montpellier, 9p.
- Berrebi P, and Schikorski D. 2016. Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA Rapport final 3/3 (**GT2015**). Rapport d'étude final pour la FNPF, Université de Montpellier. 18p.
- Chat, J., Manicki, A., Guéraud, F., Lepais, O. 2015. Continuité écologique et conservation de la diversité génétique et écotypique d'un grand migrateur (*Salmo trutta*): Université de Pau et des Pays de l'Adour, INRA Science et Impact. 55p.
- Lascaux, J. M., Firmignac, F., Lagarrigue, T. 2005. Analyse de la variabilité morphologique des truites des cours d'eau du territoire du Parc National des Pyrénées: ECOGEA. 54p.