

Distribution des lignées génétiques des truites du département de l'Indre (36)

Rapport INDR2



La Couarde à SARZAY

Maître d'Ouvrage : **ADAR**, 10 rue d'Olmor, 36400 La Châtre

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**
Genome-Recherche & Diagnostic, 8 rue des tilleuls, 34090 Montpellier
Messagerie: 04 67 52 47 82, Mél: patrick.berrebi@laposte.net
Site web: <https://webself-genome-rd-64.webself.net>

Analyse historique et écologique: **Bruno BARBEY**
FDAAPPMA 36, 19 rue des Etats-Unis, 36000 Châteauroux
Tél : 02-54-34-59-69, Mél: fede.peche.indre@wanadoo.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

Décembre 2019

Avertissement : ce rapport d'étude contenant des données sensibles sur la localisation d'une espèce protégée, il est demandé un devoir de réserve et de non divulgation de son contenu sans l'accord de l'ADAR ou de l'AELB ou de la FDAAPPMA 36.

SOMMAIRE

1. Introduction	3
2. Les échantillons analysés	4
3. Les méthodes moléculaires	6
4. Les méthodes statistiques	6
5. Résultats	7
5.1. Débroussaillage par AFC	7
5.2. Chiffrage par assignation	9
5.3. Paramètres populationnels	11
6. Interprétation et Discussion	12
6.1. Impact des repeuplements	12
6.2. Structure génétique naturelle des truites	13
6.3. Que nous enseignent les paramètres populationnels	15
7. Synthèse générale (génétique, morphologie et repoponnement)	16
7.1 Bassin du Cher	16
7.2 Bassin de l'Indre	18
7.3 Bassin de la Vienne	20
8. Conclusion	22
9. Références bibliographiques	23
10. Annexes	24

1. Introduction

La gestion des truites et l'établissement de projets pluriannuels nécessitent une base objective de connaissances justifiant les décisions à prendre. Les analyses génétiques apportent certaines informations qui aident à ces décisions.

Deux types d'information sont particulièrement utiles: (i) la mesure du **pourcentage d'hybridation** des individus et des populations, le plus souvent entre lignées autochtones et lignées domestiques (on parle d'introgression car les hybrides sont parfaitement fertiles) et (ii) la **délimitation dans le réseau hydrographique de lignées autochtones différentes** selon les sous-bassins (établissement d'une carte des lignées).

Ainsi, la gestion s'adaptera à la présence de truites patrimoniales et évitera le transport de truites entre sous bassins à lignées naturelles différentes.

A ces informations "classiques" peuvent s'ajouter, au cas par cas, d'autres informations utiles : l'évolution d'une année à l'autre après une perturbation (crue, sécheresse), la différence amont-aval d'un barrage, la détection de populations anormalement pauvres en diversité génétique... etc.

Cette étude fait partie d'un projet obtenu par **l'ADAR CIVAM du Boischaut Sud**, dans le département de l'Indre (Association pour le Développement Agricole et Rural adhérente au réseau des Centres d'Initiatives pour Valoriser l'Agriculture et le Milieu rural), à la suite d'un **appel à Initiatives proposé par l'Agence de l'Eau Loire-Bretagne (AELB) pour la Biodiversité** en 2017.

Les objectifs principaux de ce projet sont de participer à la protection, à la préservation et à la restauration du réseau hydrographique de cette région naturelle du sud du département, ainsi que de son peuplement piscicole.

La **Fédération de l'Indre pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique** (FDAAPPMA 36) s'est associée à ce projet d'étude de la génétique des truites en place, notamment pour valoriser la tête du bassin de l'Indre, classée en réservoir biologique. Face à l'intérêt de ce programme, il a été décidé de l'étendre sur tout le département.

L'ensemble des analyses génétiques, ainsi que la rédaction de l'analyse des résultats obtenus a été traité par le **Bureau d'Etude « Génome – Recherche & Diagnostic »**, sous le contrôle de Monsieur BERREBI.

L'AELB est donc le principal financeur du projet « Initiatives pour la Biodiversité », complété par l'ADAR Maître d'Ouvrage dans la région Boischaut Sud et par la FDAAPPMA 36 sur le reste du département (avec l'aide d'une subvention apportée par la Fédération Nationale pour la Pêche en France).

2. Les échantillons analysés

Les truites faisant l'objet du présent rapport (19 échantillons et sous-échantillons de fragments de nageoires conservés dans l'alcool), cumulant **265 truites de l'Indre et de piscicultures** de départements voisins échantillonnées en 2018, ont été livrées à Genome-Recherche & Diagnostic (GRD, directeur Patrick BERREBI) le 25 septembre et le 16 novembre 2018 par la FDAAPPMA 36.

Ce sont ainsi **12 ruisseaux** qui ont été prospectés en 2018, par pêches électriques. A ces résultats ont été associées **2 autres stations** qui ont bénéficié d'une étude similaire en 2015 (la Taissonne et la Gargillesse), ainsi que des prélèvements effectués dans des cours d'eau de la région et dans les **principales piscicultures** qui alimentent les rempoissonnements du département.

N° carte	Rapport	Station	Année	N° ISEM échantillon	Dpt	Date	Nombre d'échantillons	ss bassin	N° ISEM individus
1	INDR2	Nichat (Moulin de Trez)	2018	L853	36	18/09/2018	9	Cher	T33243-T33251
2	INDR2	Nichat (le boug)	2018	L852	36	18/09/2018	2	Cher	T33241-T33242
3	INDR2	Nichat (Min Bouchard)	2018	L851	36	18/09/2018	2	Cher	T33239-T33240
4	INDR2	Nichat (Min Bataillé)	2018	L850	36	18/09/2018	2	Cher	T33237-T33238
5	INDR2	Modon	2018	L849	36	18/09/2018	20	Cher	T33217-T33236
6	GT2015	Petite Sauldre (Ménérol)	2011	L404	18	16/06/2011	20	Cher	T20045-T20064
7	INDR2	Indre (amont Perassay)	2018	L838	36	04/09/2018	15	Indre	T33028-T33042
8	INDR2	Indre (aval Perassay)	2018	L839	36	04/09/2018	5	Indre	T33043-T33047
9	GT-INDR	Taissonne	2015	L669	36	02/09/2015	21	Indre	T28674-T28694
10	INDR2	Palles	2018	L840	36	04/09/2018	25	Indre	T33048-T33072
11	INDR2	Couarde	2018	L841	36	05/09/2018	22	Indre	T33073-T33094
12	INDR2	Vauvre	2018	L842	36	05/09/2018	23	Indre	T33095-T33117
13	INDR2	Pâlis	2018	L854	36	20/09/2018	21	Indre	T33252-T33272
14	GT-letL	Calais	2014	L636	37	08/10/2014	7	Indre	T27576-T27582
15	INDR2	Gourdon	2018	L844	36	06/09/2018	16	Vienne	T33138-T33153
16	INDR2	Bouzane	2018	L843	36	06/09/2018	20	Vienne	T33118-T33137
17	GT-INDR	Gargillesse	2015	L670	36	03/09/2015	21	Vienne	T28695-T28715
18	INDR2	Bouzantin	2018	L847	36	12/09/2018	20	Vienne	T33176-T33195
19	INDR2	Chézeaux (source)	2018	L845	36	11/09/2018	6	Vienne	T33154-T33159
20	INDR2	Chézeaux (confluence Creuse)	2018	L846	36	11/09/2018	16	Vienne	T33160-T33175
21	GT-letL	Rémillon	2014	L637	37	08/10/2014	20	Vienne	T27583-T27602
22	INDR2	Abloux	2018	L848	36	12/09/2018	21	Vienne	T33196-T33216
23	INDR2	pisciculture Talbat	2018	L864	86	13/11/2018	10	86	T33469-33478
24	INDR2	pisciculture du Verger	2018	L865	23	15/11/2018	10	23	T33479-33488
25	MAE1	souche Cauterets	2014	L556	34	16/12/2014	29	34	T28112-T28140
26	GSALM2	pisciculture Isère	2008	L266	38	2008	30	38	T16926-T16955

Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. En jaune les échantillons de l'Indre de 2018 ; en blanc les échantillons naturels de référence ; en gris les références domestiques.

Les analyses statistiques nécessitent ainsi de comparer les génotypes des 265 truites de 2018 avec ceux de truites de type connu. **Aux échantillons de 2018 ont donc été ajoutés 5 échantillons de rivière et 2 souches domestiques nationales.** Enfin, **deux piscicultures locales** (piscicultures du Talbat et du Verger) ayant un grand rôle dans les rempoissonnements du département de l'Indre ont également été ajoutées. Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1. Leurs localisations sont précisées à la Figure 1 suivante.

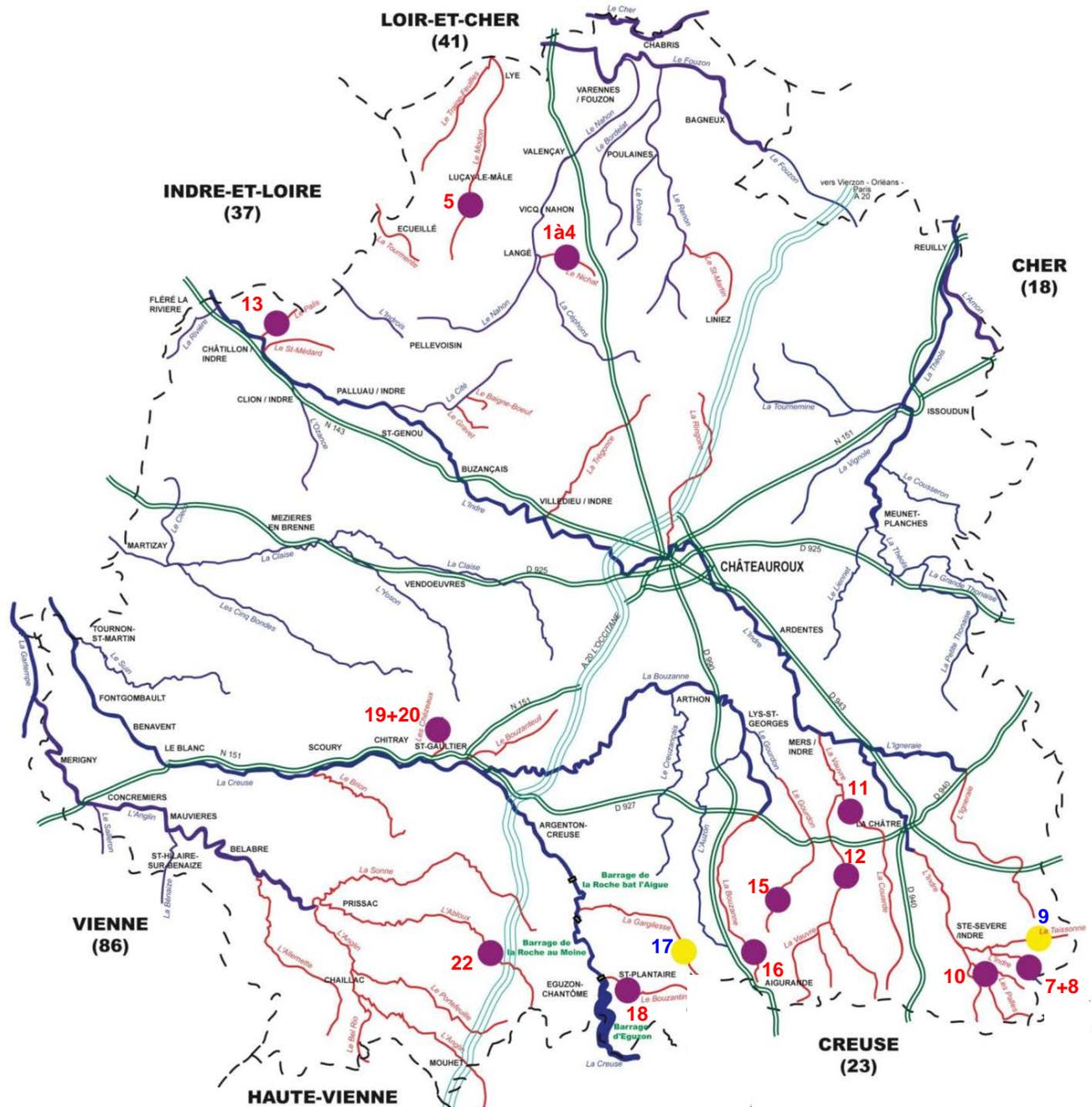


Figure 1 : Position géographique des stations naturelles échantillonnées dans le département de l'Indre en 2018 (ronds violets) et en 2015 (ronds jaunes, rapport GT-INDR). Les chiffres réfèrent à la première colonne du Tableau 1 (la Figure 7 montre toutes les stations prises en compte dans la méta-analyse).

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, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438. **Leurs allèles constituent les génotypes des truites.**

Les génotypages ont été assurés par Genindexe (Labofarm), laboratoire privé en Bretagne. 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 visuelles, pour que le lecteur non spécialiste puisse suivre les résultats et le raisonnement :

- **L'analyse multidimensionnelle** permet de positionner chaque truite sur un graphique 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.** L'analyse d'assignation est effectuée avec le logiciel STRUCTURE. Il a nécessité 100 000 répétitions d'apprentissage, suivi de 200 000 recherches de la meilleure partition pour chaque test (run). Chaque niveau de découpage (K va de 2 à 10) est répété 5 fois. Les pourcentages donnés sont la moyenne des 5 runs pour un K donné. Le nombre objectif de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER (aide à la décision), mais les autres valeurs de K sont explorées également.

- **Diversité génétique et panmixie** : ce sont deux mesures utiles. La bonne santé et donc la survie future d'une population, surtout dans un contexte de réchauffement planétaire, nécessitent une diversité génétique importante afin de s'adapter aux nouvelles conditions écologiques. D'autre part, la mesure de la panmixie qui caractérise une **population en équilibre** dont tous les membres se reproduisent au hasard permet de détecter des immigrations ou des conditions écologiques extrêmes.

5. Résultats

5.1. Débroussaillage par AFC

La première image des analyses génétiques par AFC (Figure 2) ne présente que les centres de gravités des 26 échantillons considérés : présenter les 265 truites dans le même graphique le rendrait illisible.

La Figure 2 montre **trois nuages** contenant des échantillons génétiquement proches entre eux : à droite en rouge, ce sont les échantillons de **l'amont de l'Indre** ; en bas en vert, ce sont des échantillons de **l'amont de la Vienne** (divisés en lignées "Vienne-1" et "Vienne-2" par l'analyse d'assignation à la Figure 4) et à gauche un **assemblage disparate** d'échantillons regroupés **autour des références domestiques**. Cette ellipse noire étant confuse, elle est détaillée ensuite à la Figure 3.

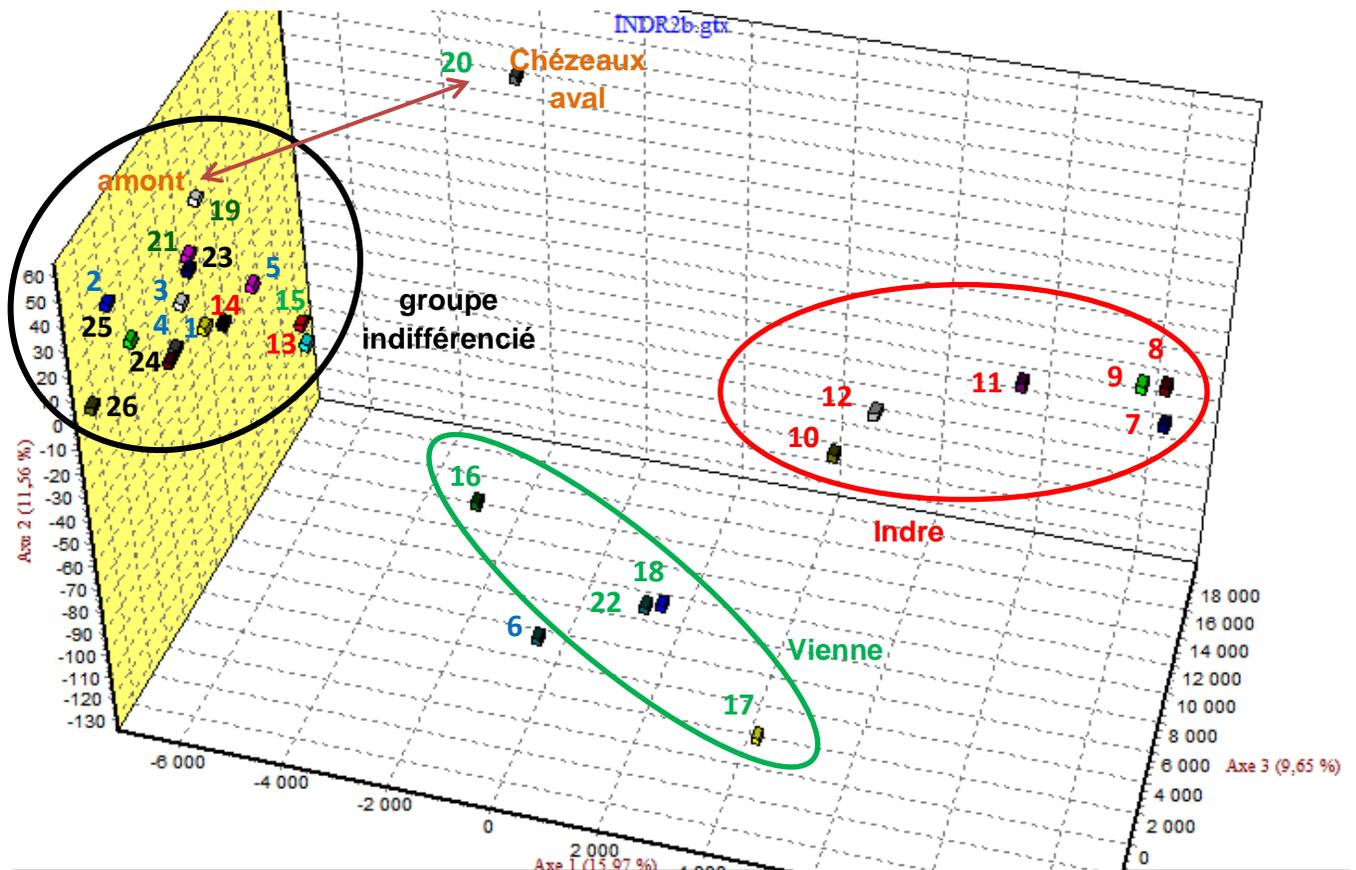


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) présentant les centres de gravité de chaque échantillon. Dans ce graphique, les stations du Cher sont en bleu, celles de l'Indre en rouge, celles de la Vienne en vert et les souches domestiques en noir. Une lignée «Indre» est détectable dans l'ellipse rouge, une lignée «Vienne» dans l'ellipse verte, mais la plupart des échantillons du Cher et plusieurs échantillons des deux autres sous-bassins semblent très proches des souches domestiques (ellipse noire) nécessitant une autre projection (Figure 3).

La seconde image ci-dessous (Figure 3) ne détaille que les échantillons de l'ellipse noire. Sa structure est simple : à gauche les truites domestiques et à droite les truites sauvages.

- Les enveloppes à gauche sont les échantillons de pisciculture (dont les deux nouveaux échantillons de 2018 : Talbat et Verger) et les échantillons fortement ou totalement domestiques (stations Nichat et Calais),

- les enveloppes à droite correspondent à des stations fortement sauvages (Pâlis, Chézeaux aval, Gourdon, Modon)

- entre ces deux extrêmes, plus les enveloppes s'étirent à gauche, plus les échantillons qu'elles représentent comportent d'influence domestique.

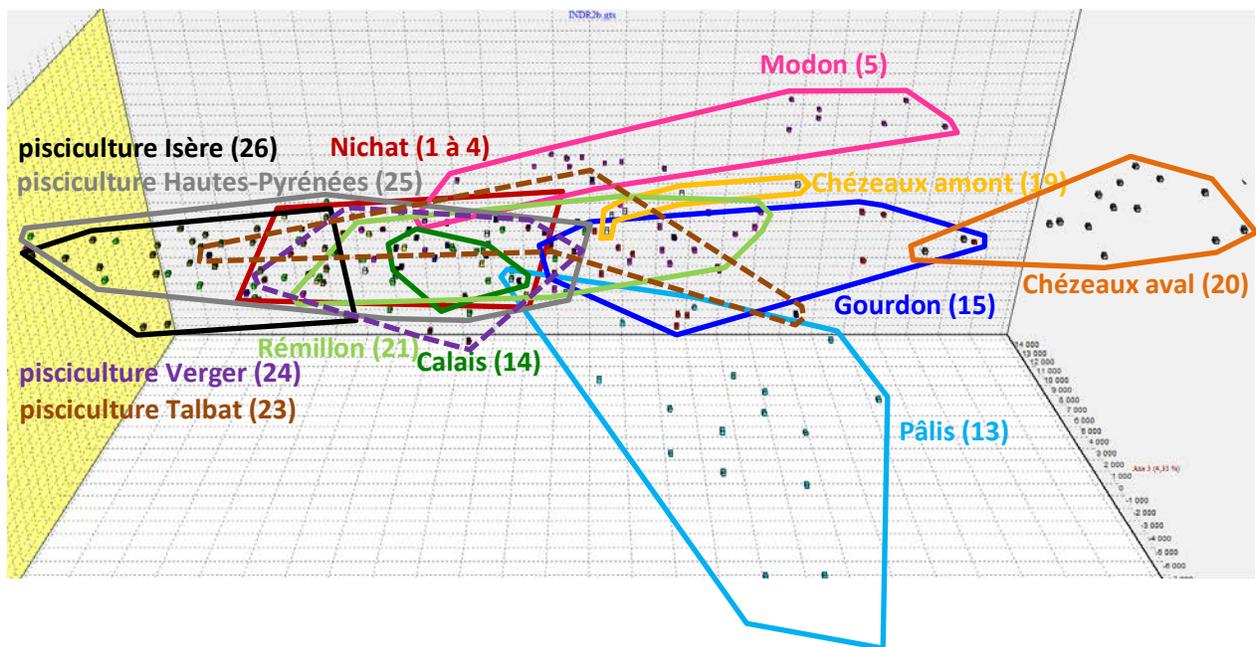


Figure 3 : Il s'agit là de la même analyse présentée à la Figure 2, mais se limitant aux échantillons de l'ellipse noire (+ Chézeaux aval). Les truites domestiques sont à gauche (les deux nouvelles piscicultures sont en pointillés), les truites sauvages sont à droite. Certains échantillons sont confirmés domestiques (Nichat et Calais) mais tous les autres sont plus ou moins influencés par les souches domestiques (c'est-à-dire hybridés) et s'étirent entre sauvages et domestiques. On remarque que la station Chézeaux aval est purement sauvage.

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 découpant l'échantillonnage total en **6 lignées** (le logiciel d'aide à la décision préconise K=2, puis K=6).

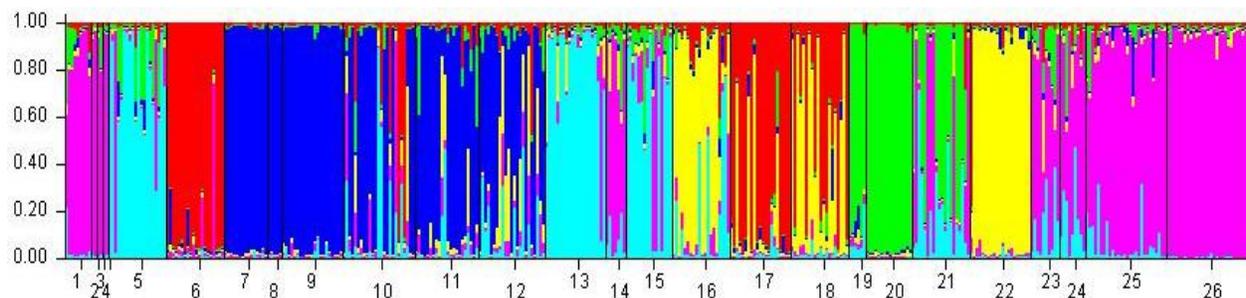


Figure 4: L'histogramme présenté ici, découpant l'ensemble des truites en 6 lignées (K=6), est considéré comme le plus informatif grâce à un logiciel d'aide à la décision. Les autres niveaux de partition sont étudiés ci-dessous.

N° carte	Station	ss bassin	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
1	Nichat (Moulin de Trez)	Cher	4	2	2	3	9	80
2	Nichat (le boug)	Cher	1	1	1	1	2	94
3	Nichat (Min Bouchard)	Cher	1	1	1	2	9	86
4	Nichat (Min Bataillé)	Cher	1	1	1	1	2	95
5	Modon	Cher	72	2	1	2	13	10
6	Petite Sauldre (Ménérol)	Cher	1	3	1	88	1	6
7	Indre (amont Perassay)	Indre	1	96	1	1	1	1
8	Indre (aval Perassay)	Indre	1	96	1	1	1	1
9	Taissonne	Indre	2	94	1	1	1	1
10	Palles	Indre	12	57	6	15	3	8
11	Couarde	Indre	5	77	7	3	5	3
12	Vauvre	Indre	11	61	15	5	3	6
13	Pâlis	Indre	83	1	6	2	2	6
14	Calais	Indre	8	2	7	1	8	74
15	Gourdon	Vienne (Creuse)	64	2	2	2	9	20
16	Bouzane	Vienne (Creuse)	17	2	66	8	2	6
17	Gargillesse	Vienne (Creuse)	2	2	16	77	2	1
18	Bouzantin	Vienne (Creuse)	2	3	48	44	2	2
19	Chézeaux (source)	Vienne (Creuse)	6	3	2	1	85	3
20	Chézeaux (confluence Creuse)	Vienne (Creuse)	1	1	1	1	96	1
21	Rémillon	Vienne	17	1	2	2	49	29
22	Abloux	Vienne	1	2	89	5	1	2
23	pisciculture Talbat	86	14	1	6	3	11	64
24	pisciculture du Verger	23	17	1	4	4	6	68
25	souche Cauterets	34	7	3	2	1	4	84
26	pisciculture Isère	38	1	1	2	1	1	94

Tableau 2: Transposition de l'histogramme de la Figure 4 sous forme de pourcentages. Les cellules en orange et jaune indiquent les lignées dominantes dans chaque échantillon. Les valeurs de 5% et moins ne sont pas significatives (bruit de fond de la méthode).

K = 1	K = 2	K = 3	K = 4	K = 5	K = 6	K = 7	K = 8	K = 9	K = 10	AFC	Groupes	
								6	6		Petite Sauldre	
		6 + 16à18 + 22	6 + 16à18 + 22		6 + 17à18	6 + 17à18	6 + 17à18	6 + 17à18		17à18	17à18	Vienne
				13 + 16 + 22	16 + 22	16 + 22	16 + 22	16 + 22	16 + 22	16 + 22	16 + 22	
	6à12 + 17à18 + 22											
		7à12	7à12	7à12	7à12	7à12	7à12	7à12	7à12	7à10	11à12	Indre amont
					19 + 20	19 + 20	20	20	20	20	20	Chézeaux
			5 + 13 + 15 + 19à21	5 + 15 + 19à21			5	5	5	5	5	Modon
					5 + 13 + 15 + 21							
						13 + 15 + 21	13 + 15 + 21	13 + 15 + 21	13 + 15 + 21	13 + 15 + 21	13 + 15 + 21	?
	1à5 + 13à15 + 19à21 + 23à26	1à5 + 13à15 + 19à21 + 23à26										
								23à25 + 1 + 4 + 14 + 19	23à25 + 1 + 4 + 14 + 19	23à25 + 1 + 4 + 14 + 19	23à25 + 1 + 4 + 14 + 19	domestiques
			1à4 + 14 + 23à26	1à4 + 14 + 23à26	1à4 + 14 + 23à26	1à4 + 14 + 23à26				26 + 2 + 3	26 + 2 + 3	26 + 2 + 3

Figure 5: Arbre reproduisant les subdivisions d'assignation depuis K=2 jusqu'à K=10. Chaque échantillon représente sa **lignée dominante** telle que dans le Tableau 2. La colonne jaune figure le niveau de partition le plus significatif, après K=2 et contenant les **6 lignées** retenues au Tableau 3. La colonne "AFC" reproduit les couleurs des ellipses de la Figure 2. Les chiffres en rouge (13 et 19) sont les échantillons instables qui "sautent" d'une branche à l'autre (phénomène généralement dû à l'hybridation sauvage/domestique).

L'histogramme (Figure 4) est transposé en pourcentages (Tableau 2). Les échantillons du **Nichat** (n° 1 à 4) et du Calais (n° 14) sont **presque uniquement domestiques** (en rose).

→Côté formes naturelles, 5 lignées hydrographiques ont donc été reconnues : lignées aval (= Loire?), Indre, Vienne 1 et 2 et Chézeaux.

L'arbre de la Figure 5 rend compte de l'évolution du découpage d'assignation quand K croît de 2 à 10.

5.3. Paramètres populationnels

La génétique des populations propose une multitude de paramètres populationnels, caractérisant globalement chaque population ou échantillon (l'individu disparaît dans sa population).

Les deux familles de paramètres (diversité génétique et panmixie) sont les plus parlants dans notre cas (Tableau 3). La couleur des cellules désigne les **déséquilibres observés**.

N° carte	Station	Diversité génétique			Panmixie	
		Hnb	Ho	A	Fis	signif.
1	Nichat (Moulin de Trez)	0,74	0,83	4,8	-0,13	ns
2	Nichat (le boug)	0,75	0,83	2,7	-0,18	ns
3	Nichat (Min Bouchard)	0,78	0,83	2,8	-0,11	ns
4	Nichat (Min Bataillé)	0,67	0,83	2,3	-0,43	ns
5	Modon	0,57	0,48	3,8	0,16	**
6	Petite Sauldre (Ménérol)	0,57	0,53	5,2	0,06	ns
7	Indre (amont Perassay)	0,45	0,41	3,3	0,09	ns
8	Indre (aval Perassay)	0,41	0,48	2,3	-0,20	ns
9	Taissonne	0,41	0,43	3,5	-0,05	ns
10	Palles	0,67	0,56	7,2	0,17	ns
11	Couarde	0,52	0,45	5,7	0,14	**
12	Vauvre	0,64	0,47	6,2	0,26	ns
13	Pâlis	0,70	0,75	6,2	-0,07	ns
14	Calais	0,64	0,50	3,5	0,23	*
15	Gourdon	0,69	0,66	5,3	0,06	ns
16	Bouzane	0,64	0,62	6,0	0,04	ns
17	Gargillesse	0,60	0,60	5,5	0,00	ns
18	Bouzantin	0,65	0,65	5,5	0,00	ns
19	Chézeaux (source)	0,42	0,47	2,5	-0,15	ns
20	Chézeaux (confluence Creuse)	0,51	0,55	2,8	-0,08	ns
21	Rémillon	0,70	0,62	6,8	0,12	*
22	Abloux	0,74	0,73	7,2	0,02	ns
23	pisciculture Talbat	0,77	0,70	5,5	0,12	ns
24	pisciculture du Verger	0,65	0,65	4,7	0,00	ns
25	souche Caoterets	0,78	0,76	7,7	0,03	ns
26	pisciculture Isère	0,66	0,64	6,0	0,04	ns

Tableau 3: Les entêtes vertes désignent les paramètres de diversité génétique, les entêtes bleues ceux de panmixie. Les cellules jaunes montrent les valeurs élevées de diversité et les cellules gris-bleues les valeurs faibles. Les cellules vertes correspondent à un **déséquilibre panmictique** marqué, et les cellules grises un déséquilibre léger. Ns = non significatif (la population est en équilibre panmictique), * = faible déséquilibre panmictique, ** = déséquilibre moyen (il n'y a pas de fort déséquilibre panmictique).

6. Interprétation et Discussion

6.1. Impact des repeuplements

Les analyses génétiques ne sont compréhensibles que par comparaison des truites de rivière, de nature inconnue (celles qui font l'objet de cette étude), avec les truites de référence connue. La présence de truites domestiques est détectée par ressemblance 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.

Dans le cas présent, le mode de gestion des rivières nous conduit à rechercher la présence de truites domestiques atlantiques. La principale pisciculture ayant fourni ici des œufs et des alevins de repeuplement, et des sub-adultes, est historiquement la **Salmoniculture du Verger**, établie dans la Creuse. Cette pisciculture produisait depuis les années 80 à partir d'une souche danoise. Depuis quelques années, des truites "limousine" de Haute-Vienne sont à l'origine de leur stock. Presqu'aussi importante pour la gestion de la zone étudiée, la **Pisciculture du Talbat**, dans le département de la Vienne. Le site web de cette pisciculture signale l'élevage d'une souche "Couze-Pavin", donc dérivée de géniteurs sauvages de cet affluent gauche de l'Allier dans le Puy-de-Dôme (63) et proche d'Issoire. Il est aussi possible que cette pisciculture produise des "demi-sang" avec des truites de la Vienne au niveau de Poitiers.

Ces deux piscicultures ont été prélevées et analysées du fait de leur impact probable sur les peuplements de truite de l'Indre. Le Tableau 2 nous montre que les piscicultures appartenant au grand réseau d'échange national de la souche domestique principale sont à environ 90% homogènes (lignée domestique atlantique) tandis que les deux piscicultures locales élèvent des truites manifestement issues de mélanges: elles sont cependant majoritairement composées de la lignée domestique nationale (environ 65%). Le reste de leur composition génétique est diffus avec beaucoup de la lignée aval (environ 15%) et un peu des lignées Chézeaux et Vienne-1.

Ce Tableau 2 (dernière colonne) nous montre que certaines populations naturelles ont été quasi remplacées par la souche domestique nationale dans le **Nichat** et le **Calais (dépt 37)** ; d'autre part que l'hybridation (ou introgression) avec ces truites domestiques est marquée (20-30%) dans le **Gourdon** et le **Rémillon (dépt 37)** et faible (6-10%) dans les rivières **Modon, Palles, Vauvre, Pâlis** et **Chézeaux amont**.

Dans 9 des rivières analysées, la présence domestique est négligeable (5% et moins : **Indre, Taissonne, Couarde, Bouzanne, Gargillesse, Bouzantin, Chézeaux aval**, et **Abloux**).

Ces interprétations sont en cohérence avec l'analyse multidimensionnelle présentée en Figure 3 : plus les enveloppes s'étirent vers la gauche, plus le taux d'hybridation est fort.

Les analyses moléculaires sont basées sur des comparaisons, sur des recherches de similitudes génétiques. En conséquence, il est possible que des analyses des mêmes populations (ici Calais et Rémillon en Indre-et-Loire, Gargillesse et Taissonne en

Indre) analysées lors de projets antérieurs conjointement avec des jeux de populations différents, présentent des aspects différents de leur structure.

Il y a cohérence avec certaines analyses passées. Quatre stations de référence ont été analysées dans le rapport GT-INDR (2016) et présentaient les mêmes résultats (Figure 6).

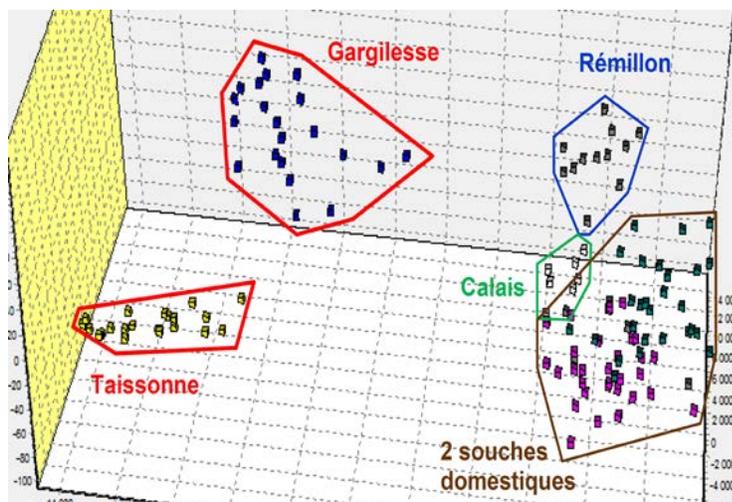


Figure 6: Dans la Figure 2 du rapport GT-INDR de 2016, les 4 échantillons comparatifs étaient positionnés comme dans la présente étude : Gargillesse et Taissonne sont indemnes de présence domestique tandis que Rémillon et Calais sont un peu ou très impactés par les truites domestiques.

Dans le rapport GT2015 (de 2016), les échantillons Rémillon et Calais ont été débarrassés des truites domestiques qu'ils contenaient, les résultats ne peuvent donc pas être comparés.

Enfin, dans le rapport GT-letL (de 2015), les analyses concluaient à une absence d'introggression domestique dans le Rémillon et le Calais, ce qui est en contradiction avec la majorité des résultats obtenus depuis. Cela peut s'expliquer par la précision des résultats obtenus dans une analyse se limitant à deux échantillons de rivière. Il est aussi possible que ces échantillons soient introgressés, mais par une souche domestique distincte des souches de référence de la présente étude.

6.2. Structure génétique naturelle des truites des affluents de la Loire dans le 36

Les structures tirées des analyses multidimensionnelles (Figure 2) et d'assignation (Figure 4) permettent de distinguer plusieurs lignées naturelles, mais il y a des anomalies.

→ La **lignée Indre** (en bleu marine dans la Figure 7) est la plus cohérente, occupant le haut de l'Indre, avec une présence domestique de 0 à 8% (une valeur de 1 à 5% pour la lignée domestique ne démontre pas sa présence, on est en dessous du niveau de sensibilité de la méthode).

→ La **lignée Chézeaux** est aussi logique : cette rivière est probablement isolée de la Creuse et ses truites ont pu développer des particularités génétiques originales. Seule la partie amont (les sources) a subi des perturbations avec une introgression

domestique imperceptible par assignation (3% selon le Tableau 2, mais nette selon l'analyse multidimensionnelle de la Figure 3). Cette lignée est fortement présente dans l'échantillon Rémillon (n°21). C'est peut-être la marque d'une plus vaste distribution de cette lignée dans le passé, éliminée depuis par compétition, sauf dans les Chézeaux à cause de son isolement.

→ L'amont de la Vienne (Creuse et Gartempe) est complexe sans vraie cohérence géographique, on y trouve trois lignées : la **lignée "aval"** (en bleu clair, le Gourdon n°15), la **lignée "Vienne-1"** (en jaune, la Bouzanne n°16, l'Abloux n°22) et la **lignée "Vienne-2"** (en rouge, la Gargillesse n°17). Enfin, la population du Bouzantin est partagée à égalité entre ces deux dernières lignées.

La Figure 7 ci-dessous schématise cette structuration naturelle.

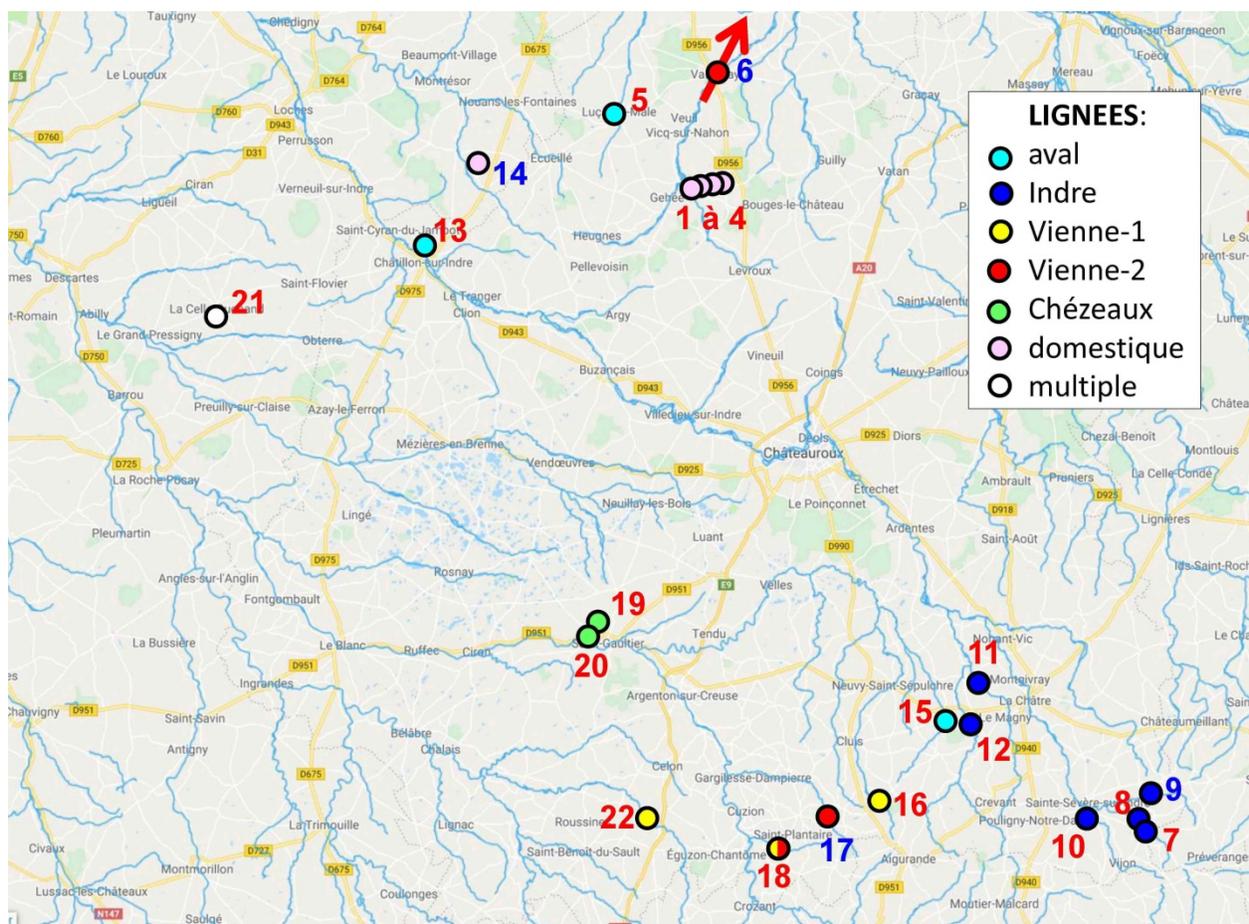


Figure 7: Positionnement géographique des 5 lignées détectées dans le département de l'Indre selon le code de couleurs de la Figure 4 (ne sont indiquées que la lignée dominante dans chaque échantillon). La station Petite Sauldre est hors champ et localisée par la flèche rouge. La population Rémillon (n° 21), de composition multiple (49% Chézeaux, 17% aval et 29% domestique), est en blanc.

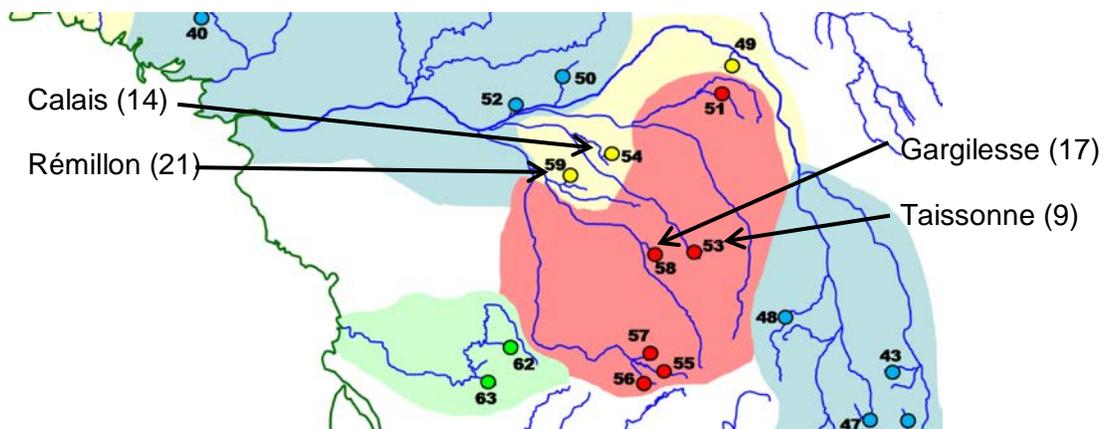


Figure 8: Carte extraite de la Figure 10 du rapport national GT2015. Ce qui nous intéresse est la frontière entre les stations Rémillon-Calais (jaune) et Taissonne-Gargillesse (rouge).

Quatre de ces échantillons avaient été réunis pour l'étude nationale Genetrutta (2013-2015). La Figure 8 présente une "frontière" entre la zone jaune et la zone rouge qui **coupe de façon altitudinale les affluents gauche de la Loire** qui nous intéressent. Cette frontière coïncide, dans la présente étude, avec l'opposition de la lignée "aval" vis-à-vis de toutes les autres lignées.

6.3. Que nous enseignent les paramètres populationnels

La région étudiée est globalement riche en variants génétiques. Les souches domestiques sont réputées fortement polymorphes. Les valeurs obtenues dans les piscicultures peuvent donc servir de référence pour considérer les valeurs comme élevées : 0,6 à 0,8 pour les deux paramètres d'hétérozygotie (H_{nb} et H_o en jaune) et plus de 6 pour A , le nombre moyen de variants (ou allèles).

Le Tableau 3 nous montre que **la plupart des populations de rivière ont une forte diversité génétique.** De façon globale, 44% des populations naturelles analysées présentent un fort polymorphisme, 39% un polymorphisme moyen et 17% un polymorphisme nettement en dessous de la moyenne. **Les stations à faible diversité génétique sont l'Indre amont, la Taissonne et les Chézeaux amont.** Ces stations sont très en amont, donc d'effectifs faibles à cause du volume disponible dans le cours d'eau, ce qui explique aisément ce faible polymorphisme.

L'écart à la panmixie est parfois démontré pour **le Modon et la Couarde** (= Fis significatifs, Tableau 3), ce qui nous indique que ces populations **ne sont pas en équilibre** : tous les reproducteurs ne se sont pas reproduit au hasard dans les générations récentes. Cela peut être dû à l'introduction de truites domestiques (les parents des truites sauvages et ceux des truites domestiques ne se sont pas croisés), ce qui est plausible pour les populations du Calais, du Rémillon et peut-être du Modon. Par contre, la Couarde présente une absence de présence domestique mais un déséquilibre marqué.

Il y a quelques explications trouvées dans la littérature scientifique, mais il n'est pas possible de faire un choix ici : soit ces populations ont subi une immigration de truites venant des affluents, soit les jeunes stades ne vivent pas avec les adultes, soit une forte sélection s'est exercée sur ces truites... Ce cours d'eau tarissant relativement facilement sur sa partie médiane, il s'agit sans doute de l'ensemble de ces raisons.

7. Synthèse générale (génétique, morphologie et repoissonnement)

L'étude génétique des peuplements de truites du département de l'Indre (15 stations) fait apparaître un faible impact des repeuplements passés (de 0 à 30%, moyenne 6,5%), à l'exception du Nichat dont les truites ont été remplacées à environ 90% par des truites domestiques.

La présente analyse permet de détailler précisément les caractéristiques de chaque population et de les confronter à ce qui est connu de leur histoire de gestion.

7.1 Bassin du Cher

→ Le Nichat

Il s'agit d'un petit ruisseau salmonicole de qualité faible à moyenne, car historiquement isolé du reste de son bassin versant (Céphons, Nahon) par des barrages infranchissables liés à d'anciens moulins et présentant une capacité biogénique limitée.

Depuis 2017, un programme de restauration du lit (recharges granulométriques), des berges (ripisylve) et de la continuité (aménagement des seuils) se déroule dans un objectif d'amélioration de l'état écologique à court terme.

Soutenu par des repoissonnements annuels en truites depuis plus de 40 ans, une interrogation se pose sur l'origine des truites plus petites et surtout des truitelles présentes (non analysées) issues de reproduction naturelle (en faible effectif). De 2008 à 2013, ces repoissonnements (60 à 120 kg/an) provenaient de la pisciculture de grossissement DOYON (41 Romorantin, souche scandinave ou INRA). Depuis 2014, le déversement annuel de 100 kg de TRF (taille > 25 cm) provient de la salmoniculture du Talbat.

Les résultats de cette étude montrent que **la population de truite fario est à environ 90% domestique**, à forte diversité génétique (H d'environ 0,8 ce qui est très élevé) et sans doute d'origine domestique, et sans déséquilibre panmictique du fait de son origine homogène. **Les truitelles sont donc probablement issues de la reproduction naturelles de truites domestiques.**

Il sera intéressant de refaire d'autres analyses génétiques dans quelques années, quand le programme de restauration sera terminé et quand la circulation piscicole (de montaison surtout) sera rétablie.

→ Le Modon

Ce petit cours d'eau (environ 20 km de longueur) du nord ouest du département, affluent du Cher, a connu de lourds travaux hydrauliques dans les années 70-80 (curage, recalibrage, redressement) complétés par la mise en place de nombreux barrages à clapet, qui ont fortement dégradé la qualité de son biotope. Cependant, depuis une dizaine d'années, un programme de restauration hydromorphologique s'est développé ; il a commencé par supprimer quelques barrages infranchissables par la faune piscicole sur la partie amont du Modon, complété par des recharges en granulométrie (2013-2015).

Dès le 1^{er} automne suivant ces travaux, de nombreuses frayères à truite ont été observées et de nombreuses truitelles ont ensuite été capturées lors d'inventaires par pêches électriques.

Mais comme en parallèle, de nombreux soutiens piscicoles avaient été effectués par des rempoissonnements en truites adultes ou juvéniles depuis plusieurs décennies (50 à 150 kg/an, pisciculture du Talbat depuis 2008), une interrogation se posait sur l'origine des truites en place et surtout des truitelles issues de reproduction naturelle.

L'analyse génétique montre que **le Modon est essentiellement habité par des truites de lignée "aval"**, c'est-à-dire d'influence Loire, sans doute à cause de sa proximité avec le grand fleuve. Cette population s'est donc régénérée toute seule ou presque (10% de présence domestique). Cependant, la diversité génétique est encore faible (H environ 0,5) avec un net déséquilibre panmictique, marque de plusieurs influences non encore homogénéisées (rares remontées de l'aval, rempoissonnements...). L'annexe 1 met en évidence 2 poissons d'origine domestique, ils sont effectivement de taille similaire (34 cm) et proviennent d'un rempoissonnement. A noter par ailleurs que la 1^{ère} truite capturée (annexe 1, n°16), totalement sauvage, a été la plus grosse mesurée dans le cadre de cette étude (58 cm, 2 245 g).

Ces très bons résultats, inespérés initialement, confirment si besoin était l'efficacité des travaux de restauration (milieu aquatique et continuité), ainsi que l'inefficacité des rempoissonnements pour la pérennité des populations autochtones.

Les chantiers déjà initiés doivent être soutenus, densifiés sur le Modon et élargis aux affluents. Par ailleurs, les éventuels rempoissonnements futurs ne devraient être que dans un but halieutique et sur la base de truites arc-en-ciel sur quelques points déterminés.

7.2 Bassin de l'Indre

→ L'Indre amont (Pérassay)

Si les rempoissonnements en truite sont bien présents sur l'Indre en aval de Ste-Sévère (10 km en aval), ils sont variables et très limités en amont. Plusieurs expériences ont été menées à partir d'œufs, de truitelles et d'adultes, provenant historiquement de la pisciculture du Verger, mais aussi du Talbat entre 2011 et 2017, mais sans résultats probants et ils sont stoppés depuis 2 ans.

Par ailleurs, de nombreuses frayères peuvent être observées chaque année sur cette tête de bassin, même si la granulométrie favorable est parfois limitée. Ce bassin a ainsi été proposé en gestion patrimoniale dans le PDPG validé en 1997.

L'analyse génétique est cohérente : aucune présence domestique, diversité génétique faible de l'ordre de 0,4 (normal pour les petites populations de « montagne ») et panmixie en équilibre (= pas de mélange de lignées).

A noter que le point fragile de ce bassin est sans doute sa ressource hydrologique limitée (substrat cristallin) et des conditions d'étiage très sévères. En été 2019, l'Indre a ainsi complètement tari sur ce secteur.

→ Le ruisseau des Palles

Similaire à l'Indre amont dont il est l'affluent principal sur la tête de bassin, le ruisseau des Palles bénéficie toutefois de bonnes sources qui le soutiennent de manière pérenne. De nombreuses frayères sont observées chaque année et le bassin a été proposé en gestion patrimoniale dans le PDPG depuis 1997.

Localement, des rempoissonnements réguliers et récents en truites ont été réalisés par l'association de pêche (historiquement avec des œufs, des alevins et des adultes, provenant de la pisciculture du Verger). A noter également le déversement de 4000 alevins en 2016, provenant de la pisciculture de la fédération du Puy-de-Dôme.

Ces quelques rempoissonnements ont provoqué une introgression domestiques de 8% (l'annexe 1 montre aussi 1 poisson totalement d'origine domestique, le n°116). La diversité génétique est plutôt élevée (0,6) avec un léger déséquilibre panmictique non significatif.

Il importe de protéger ce bassin versant à tout niveau : occupation des sols, drainage agricole, étangs, ressource en eau, seuils, et d'arrêter les rempoissonnements en truites fario.

→ La Vauvre et la Couarde

Le secteur aval étudié est rempoissonné tous les ans en truites adultes (pisciculture du Verger depuis 2009, de Ligugé antérieurement – souche scandinave ou INRA), notamment par une association locale (FARIOTS Boischaut Sud), malgré des recommandations de gestion patrimoniale proposée par la Fédération depuis le PDPG en 1997.

Des observations de reproduction naturelle sont annuellement constatées sur la Vauvre, depuis sa zone de sources sur Aigurande jusqu'en aval, ainsi que sur la Couarde (très en amont ou surtout sur son linéaire aval).

Cette gestion a provoqué une introgression génétique faible (6% pour la Vauvre, 3% pour la Couarde). Là encore, la diversité génétique est plutôt élevée (de l'ordre de 0,5) avec un déséquilibre panmictique, léger et non significatif sur la Vauvre (peu de poissons concernés) mais par contre assez marqué pour la population de la Couarde. On note qu'aucun poisson d'origine déversée n'a été capturé, malgré les rempoissonnements effectués (annexe 1).

L'intérêt de ce bassin versant en tant que réservoir biologique devra être rappelé, protégé et suivi.

→ Le Pâlis

Le ruisseau du Pâlis est un très petit affluent de l'Indre aval, salmonicole de qualité, préservé et méconnu. En gestion patrimoniale depuis le PDPG en 1997, aucun rempoissonnement n'y est pratiqué depuis plus de 20 ans. Sans obstacle recensé, les truites peuvent descendre dans l'Indre pour grossir et remonter si besoin pour leur reproduction.

Les résultats sont intéressants, les truites de ce petit bassin appartiennent donc à la lignée « aval » (liée au critère altitude) et la population montre une forte diversité génétique (0,7) et un équilibre panmictique.

A noter qu'on a cependant décelé une faible présence domestique (6 à 7%) difficile à expliquer si ce n'est par des remontées de l'Indre (annexe 1, poisson adulte n°186).

7.3 Bassin de la Vienne

→ La Bouzanne

Important affluent rive droite de la Creuse, le bassin de la Bouzanne et de ses affluents (le Gourdon) présente de belles caractéristiques salmonicoles sur leurs parties amont située sur les 1ers contreforts du Massif Central (région granitique puis cristalline vers Aigurande et Cluis).

Toutefois, peu de reproductions naturelles sont observées annuellement, sans doute lié à une granulométrie des sédiments peu propice.

La Bouzanne amont est repoissonnée tous les ans depuis plusieurs décennies avec quelques centaines de truitelles de printemps et quelques dizaines de kilos de truites adultes provenant de la salmoniculture du Verger (excepté le Talbat en 2012).

Toutefois, les résultats obtenus par cette étude montrent 74% de gènes des lignées "Vienne-1 et 2" (dont 66% de Vienne-1), qui seraient des lignées autochtones, mais aussi 17 % de lignée « aval » et seulement 6% de gènes domestiques. Cette population a par ailleurs une diversité génétique élevée (0,6) et est en panmixie.

Ces résultats sont étonnants car ce secteur de Bouzanne amont est isolé biogéographiquement par une cascade infranchissable située quelques kilomètres en aval. Mais c'est peut-être aussi cet isolement qui explique cette lignée différente de son affluent proche, le Gourdon. Une étude complémentaire dans quelques années sera donc intéressante à programmer.

→ Le Gourdon

Cours d'eau recalibré dans les années 1980, le Gourdon présente aujourd'hui un potentiel salmonicole limité et des repoissonnements annuels en truites adultes sont pratiqués (typiquement les 2 sujets capturés de plus de 30 cm – Pisciculture du Verger depuis 2009, antérieurement la souche scandinave ou INRA de Ligugé).

Cette gestion a provoqué une introgression de près de 20% par la lignée domestique. Les deux truites de plus de 30 cm (n° 204 et 205, 34cm) ont respectivement 64 et 94% de gènes domestiques. Notons la truite 207 (9cm) qui est à 94% domestique (alevinage ou née dans le Gourdon ?). La diversité génétique est élevée (presque 0,7) et la population est en panmixie.

A noter qu'on retrouve ici la **lignée « aval »**, avec des similitudes génétiques proches des truites du Modon et du ruisseau le Pâlis.

→ Le Bouzantin

Similaire à la Gargillesse qui s'écoule dans une vallée parallèle, le Bouzantin se jette dans la retenue hydroélectrique d'Eguzon (barrage sur la Creuse ouvert sur l'axe amont

qui permet des échanges de populations). Des alevinages en truites adultes sont régulièrement pratiqués par l'AAPPMA locale (50 à 100 kg tous les 2-3 ans, provenant de la salmoniculture du Verger).

Ce joli ruisseau est peuplé de truites naturelles à égalité entre les lignées Vienne-1 et 2. Il s'agirait là de la zone de confrontation des deux lignées Vienne locales. Cette population a une diversité génétique élevée (0,6) et est en panmixie.

A noter que des frayères naturelles sont observées tous les ans dans le Bouzantin et que c'est dans ce ruisseau qu'a été constatée la meilleure densité de truites lors des pêches d'inventaire pour cette étude.

→ Le ruisseau des Chézeaux

Le ruisseau des Chézeaux est un petit ruisseau salmonicole typique, de qualité et en gestion patrimoniale depuis le PDPG en 1997. Aucun rempoissonnement n'est pratiqué et il est placé en réserve de pêche.

Ce ruisseau se jette dans la Creuse avec une "chute" de 5-6 mètres infranchissable à la montaison (depuis le détournement de cette confluence à la fin des années 1980). Limité en capacité d'accueil pour les truites adultes, celles-ci dévalent donc en partie dans la Creuse, sans pouvoir revenir pour leur reproduction.

Les résultats génétiques correspondent parfaitement à ce type de ruisseau : une souche locale "Chézeaux" a été détectée. Elle occupe entièrement la zone aval (96% assimilable à 100% en assignation, Tableau 2), mais un peu moins la partie amont (source, 85%) où on note une présence domestique incertaine et 6% de la lignée "aval".

La diversité génétique est faible (de l'ordre de 0,5 ou en dessous) et la population est en équilibre panmictique.

Pour assurer une pérennité à cette population, il y aurait un fort intérêt à restaurer la continuité aval avec la Creuse et sur l'ensemble de ce petit linéaire.

→ L'Abloux

L'Abloux est une importante rivière salmonicole, affluent de l'Anglin et prenant sa source dans le département de la Creuse (23). Les frayères se situent surtout en amont ainsi que sur les affluents, et le secteur échantillonné se situe dans la zone de grossissement des adultes.

Des rempoissonnements sont pratiqués quelques kilomètres en amont, mais pas sur le secteur prospecté (origine pisciculture de Ligugé, département 86).

En conséquence, cette population est totalement sauvage de la lignée "Vienne-1". La diversité génétique y est très élevée (plus de 0,7) et la population est en équilibre panmictique.

8. Conclusion

Cette étude sur la génétique de l'espèce truite fario (*Salmo trutta*) dans le département de l'Indre, et notamment dans la région du Boischaut Sud, a mis en évidence une importante structuration spatiale des populations en place, avec une délimitation dans le réseau hydrographique par grands bassins (Indre amont et Vienne-Creuse amont) ou par altitude (lignée « aval »).

Elle démontre la présence de nombreuses lignées autochtones, rustiques, adaptées à chaque bassin ou cours d'eau, et plus ou moins perturbées par des problèmes liés à la qualité du milieu, à l'isolement géographique ou encore par des reempoisonnements.

La grande majorité des truites échantillonnées montre une absence d'introggression par des gènes du type « domestique », ce qui met en évidence la forte résilience des gènes « sauvages » et l'inefficacité des repeuplements. Les alevinages ne suppléent pas les carences de la nature, lorsque les cours d'eau sont dégradés.

Néanmoins, l'impact des reempoisonnements s'accroît au fil des années et fragilisent les populations en place.

Les résultats obtenus démontrent donc l'intérêt d'agir sur les habitats favorables à ces souches locales, ainsi que sur la connectivité entre les différents milieux de vie (zones de ponte, zones de grossissement).

Enfin, cette étude a permis d'identifier des réservoirs biologiques de qualité, qui devront être préservés, restaurés pour certains, puis gérés et suivis.

Fait à Saint-Just le 16 décembre 2019

9. Références bibliographiques

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).

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, and Schikorski D. 2015. Etude génétique des truites de l'Indre (36) dans le cadre du projet national Genetrutta - Rapport **GT-INDR**: Rapport d'étude pour la FD36, Université de Montpellier. 7p.

Berrebi P., Schikorski D. 2015. Etude génétique des truites d'Indre-et-Loire - le Calais (Indre) et le Rémillon (Creuse) dans le cadre du projet national Genetrutta - Rapport **GT-letL**: Rapport d'étude pour la FD37, Université de Montpellier, 13p.

Berrebi P. 2015. Structure génétique des truites naturelles et domestiques de l'Orb amont -marqueurs microsatellites- Rapport **MAE1** (juin 2015): Rapport d'étape pour la thèse de Maëva Leitwein. Université de Montpellier. 9p.

Berrebi P, Schikorski D. 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.

10. Annexes

Annexe 1 : Fréquence d'assignation des truites analysées aux 6 lignées détectées

Annexe 2 : Programme des pêches électriques

Annexe 3 : graphes taille-poids des truites capturées

Annexe 4 : exemple de reempoisonnements

Annexe 5 : Planches photos des truites capturées

Annexe 1 : Fréquence d'assignation (0,5 = 50%, 1 = 100%) des truites analysées aux 6 lignées détectées. La lignée fortement dominante (70 à 100%) est en orange, la lignée faiblement dominante (40 à 70%) est en jaune, les cellules en rouge désignent les truites probablement nées en pisciculture (assignation > 90%).

N° d'ordre	Station	Etiquette	code individus	% données manquantes	N° échantillon	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
1	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0380	NI1-01	0	1	0.216	0.005	0.038	0.007	0.336	0.397
2	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0381	NI1-02	0	1	0.016	0.008	0.020	0.019	0.147	0.789
3	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0382	NI1-03	0	1	0.016	0.005	0.008	0.019	0.167	0.785
4	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0383	NI1-04	0	1	0.013	0.026	0.025	0.026	0.063	0.846
5	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0384	NI1-05	0	1	0.009	0.040	0.036	0.052	0.008	0.855
6	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0385	NI1-06	0	1	0.015	0.005	0.007	0.015	0.016	0.942
7	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0386	NI1-07	0	1	0.018	0.004	0.007	0.008	0.012	0.952
8	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0387	NI1-08	0	1	0.009	0.004	0.005	0.011	0.008	0.961
9	Nichat (Moulin de Trez)	Genome-R&D-0388	NI1-09	0	1	0.029	0.038	0.036	0.122	0.029	0.746
10	Nichat (le boug)	Genome-R&D-0378	NI2-01	0	2	0.018	0.007	0.016	0.009	0.033	0.919
11	Nichat (le boug)	Genome-R&D-0379	NI2-02	0	2	0.011	0.004	0.012	0.006	0.011	0.956
12	Nichat (Min Bouchard)	Genome-R&D-0376	NI3-01	0	3	0.009	0.007	0.018	0.019	0.014	0.933
13	Nichat (Min Bouchard)	Genome-R&D-0377	NI3-02	0	3	0.016	0.005	0.007	0.020	0.170	0.781
14	Nichat (Min Bataillé)	Genome-R&D-0374	NI4-01	0	4	0.007	0.006	0.008	0.007	0.017	0.956
15	Nichat (Min Bataillé)	Genome-R&D-0375	NI4-02	0	4	0.015	0.006	0.010	0.014	0.016	0.938
16	Modon	Genome-R&D-0354	MOD01	0	5	0.960	0.005	0.007	0.005	0.012	0.011
17	Modon	Genome-R&D-0355	MOD02	0	5	0.925	0.006	0.015	0.006	0.016	0.031
18	Modon	Genome-R&D-0356	MOD03	0	5	0.022	0.004	0.006	0.007	0.017	0.944
19	Modon	Genome-R&D-0357	MOD04	0	5	0.585	0.151	0.012	0.017	0.228	0.007
20	Modon	Genome-R&D-0358	MOD05	0	5	0.678	0.011	0.008	0.008	0.286	0.009
21	Modon	Genome-R&D-0359	MOD06	0	5	0.967	0.004	0.005	0.004	0.009	0.010
22	Modon	Genome-R&D-0360	MOD07	0	5	0.962	0.004	0.009	0.006	0.006	0.013
23	Modon	Genome-R&D-0361	MOD08	0	5	0.924	0.006	0.014	0.007	0.017	0.032
24	Modon	Genome-R&D-0362	MOD09	0	5	0.969	0.004	0.007	0.004	0.007	0.009
25	Modon	Genome-R&D-0363	MOD10	0	5	0.579	0.062	0.012	0.101	0.234	0.012
26	Modon	Genome-R&D-0364	MOD11	0	5	0.971	0.004	0.007	0.004	0.007	0.007
27	Modon	Genome-R&D-0365	MOD12	0	5	0.640	0.021	0.008	0.009	0.316	0.006
28	Modon	Genome-R&D-0366	MOD13	0	5	0.525	0.130	0.011	0.015	0.312	0.006
29	Modon	Genome-R&D-0367	MOD14	0	5	0.967	0.004	0.009	0.005	0.008	0.007
30	Modon	Genome-R&D-0368	MOD15	0	5	0.804	0.009	0.010	0.033	0.130	0.014
31	Modon	Genome-R&D-0369	MOD16	0	5	0.651	0.016	0.006	0.007	0.312	0.008
32	Modon	Genome-R&D-0370	MOD17	0	5	0.291	0.005	0.045	0.008	0.010	0.641
33	Modon	Genome-R&D-0371	MOD18	0	5	0.598	0.021	0.014	0.083	0.273	0.011
34	Modon	Genome-R&D-0372	MOD19	0	5	0.960	0.004	0.006	0.004	0.009	0.017
35	Modon	Genome-R&D-0373	MOD20	0	5	0.729	0.006	0.039	0.008	0.052	0.166
36	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-01	PSA01	0	6	0.004	0.016	0.006	0.950	0.011	0.012
37	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-02	PSA02	0	6	0.005	0.232	0.032	0.697	0.007	0.028
38	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-03	PSA03	0	6	0.015	0.005	0.016	0.947	0.006	0.012
39	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-04	PSA04	0	6	0.007	0.011	0.010	0.958	0.008	0.006
40	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-05	PSA05	0	6	0.016	0.006	0.013	0.936	0.006	0.023
41	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-06	PSA06	0	6	0.008	0.027	0.012	0.919	0.011	0.023
42	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-07	PSA07	0	6	0.005	0.009	0.008	0.966	0.005	0.006
43	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-08	PSA08	0	6	0.022	0.154	0.007	0.784	0.006	0.026
44	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-09	PSA09	0	6	0.005	0.008	0.007	0.968	0.005	0.006
45	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-10	PSA10	0	6	0.008	0.006	0.037	0.886	0.008	0.056
46	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-11	PSA11	0	6	0.004	0.020	0.007	0.956	0.007	0.005
47	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-12	PSA12	0	6	0.007	0.005	0.011	0.957	0.008	0.013
48	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-13	PSA13	0	6	0.040	0.007	0.023	0.705	0.007	0.217
49	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-14	PSA14	0	6	0.012	0.011	0.010	0.947	0.009	0.011
50	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-15	PSA15	0	6	0.008	0.006	0.008	0.967	0.004	0.007
51	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-16	PSA16	0	6	0.005	0.009	0.008	0.965	0.006	0.007
52	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-17	PSA17	0	6	0.008	0.008	0.039	0.200	0.010	0.735
53	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-18	PSA18	0	6	0.005	0.013	0.007	0.959	0.009	0.007
54	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-19	PSA19	0	6	0.007	0.012	0.009	0.955	0.011	0.006
55	Petite Sauldre (Ménétrol)	51-20	PSA20	0	6	0.008	0.005	0.009	0.949	0.008	0.021
56	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0165	INM01	-16	7	0.015	0.941	0.012	0.008	0.016	0.008
57	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0166	INM02	-16	7	0.006	0.954	0.012	0.017	0.007	0.005
58	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0167	INM03	0	7	0.005	0.960	0.009	0.011	0.004	0.010
59	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0168	INM04	-16	7	0.007	0.968	0.006	0.006	0.007	0.006
60	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0169	INM05	0	7	0.005	0.973	0.005	0.006	0.006	0.005
61	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0170	INM06	0	7	0.004	0.976	0.005	0.006	0.004	0.005
62	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0171	INM07	0	7	0.004	0.978	0.005	0.005	0.005	0.004
63	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0172	INM08	-16	7	0.005	0.961	0.017	0.006	0.006	0.005
64	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0173	INM09	0	7	0.005	0.955	0.011	0.016	0.004	0.009
65	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0174	INM10	-16	7	0.007	0.937	0.018	0.022	0.005	0.011
66	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0175	INM11	0	7	0.030	0.940	0.006	0.006	0.014	0.005
67	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0176	INM12	0	7	0.009	0.954	0.010	0.011	0.006	0.010
68	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0177	INM13	0	7	0.005	0.949	0.012	0.020	0.004	0.010
69	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0178	INM14	-16	7	0.029	0.930	0.008	0.007	0.016	0.011
70	Indre (amont Perassay)	Genome-R&D-0179	INM15	0	7	0.005	0.967	0.008	0.009	0.005	0.008
71	Indre (aval Perassay)	Genome-R&D-0180	INV01	-16	8	0.006	0.964	0.008	0.009	0.007	0.005
72	Indre (aval Perassay)	Genome-R&D-0181	INV02	-16	8	0.016	0.941	0.012	0.008	0.016	0.007
73	Indre (aval Perassay)	Genome-R&D-0182	INV03	0	8	0.004	0.974	0.006	0.006	0.005	0.005
74	Indre (aval Perassay)	Genome-R&D-0183	INV04	-16	8	0.006	0.969	0.006	0.006	0.008	0.005

N° d'ordre	Station	Etiquette	code individus	% données manquantes	N° échantillon	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
75	Indre (aval Perassay)	Genome-R&D-0184	INV05	0	8	0.006	0.959	0.008	0.010	0.005	0.012
76	Taïssonne	GT-INDRE001	TAI01	-16	9	0.017	0.905	0.037	0.008	0.022	0.011
77	Taïssonne	GT-INDRE002	TAI02	0	9	0.043	0.926	0.005	0.005	0.015	0.006
78	Taïssonne	GT-INDRE003	TAI03	-16	9	0.005	0.967	0.007	0.010	0.006	0.005
79	Taïssonne	GT-INDRE004	TAI04	-16	9	0.014	0.895	0.018	0.010	0.008	0.055
80	Taïssonne	GT-INDRE005	TAI05	-16	9	0.005	0.943	0.032	0.009	0.006	0.005
81	Taïssonne	GT-INDRE006	TAI06	0	9	0.015	0.944	0.015	0.005	0.012	0.009
82	Taïssonne	GT-INDRE007	TAI07	0	9	0.004	0.977	0.004	0.005	0.005	0.005
83	Taïssonne	GT-INDRE008	TAI08	0	9	0.005	0.976	0.005	0.005	0.005	0.005
84	Taïssonne	GT-INDRE009	TAI09	0	9	0.004	0.972	0.006	0.008	0.004	0.005
85	Taïssonne	GT-INDRE010	TAI10	0	9	0.004	0.974	0.005	0.006	0.005	0.005
86	Taïssonne	GT-INDRE011	TAI11	-16	9	0.008	0.966	0.007	0.007	0.007	0.005
87	Taïssonne	GT-INDRE012	TAI12	0	9	0.031	0.852	0.010	0.007	0.063	0.037
88	Taïssonne	GT-INDRE013	TAI13	0	9	0.082	0.864	0.009	0.006	0.032	0.007
89	Taïssonne	GT-INDRE014	TAI14	0	9	0.005	0.969	0.006	0.008	0.005	0.006
90	Taïssonne	GT-INDRE015	TAI15	0	9	0.005	0.975	0.005	0.005	0.005	0.005
91	Taïssonne	GT-INDRE016	TAI16	0	9	0.059	0.915	0.010	0.006	0.005	0.005
92	Taïssonne	GT-INDRE017	TAI17	0	9	0.014	0.954	0.006	0.005	0.012	0.009
93	Taïssonne	GT-INDRE018	TAI18	0	9	0.005	0.975	0.005	0.005	0.006	0.004
94	Taïssonne	GT-INDRE019	TAI19	0	9	0.005	0.973	0.006	0.006	0.006	0.005
95	Taïssonne	GT-INDRE020	TAI20	0	9	0.005	0.970	0.006	0.007	0.005	0.007
96	Taïssonne	GT-INDRE021	TAI21	-16	9	0.013	0.946	0.010	0.008	0.014	0.010
97	Palles	Genome-R&D-0185	PAL01	-16	10	0.006	0.953	0.012	0.017	0.007	0.006
98	Palles	Genome-R&D-0186	PAL02	0	10	0.330	0.017	0.162	0.059	0.061	0.371
99	Palles	Genome-R&D-0187	PAL03	0	10	0.033	0.847	0.009	0.008	0.052	0.051
100	Palles	Genome-R&D-0188	PAL04	0	10	0.005	0.965	0.009	0.011	0.005	0.004
101	Palles	Genome-R&D-0189	PAL05	0	10	0.057	0.017	0.245	0.334	0.209	0.138
102	Palles	Genome-R&D-0190	PAL06	-16	10	0.015	0.918	0.026	0.026	0.007	0.008
103	Palles	Genome-R&D-0191	PAL07	-16	10	0.020	0.864	0.032	0.012	0.043	0.028
104	Palles	Genome-R&D-0192	PAL08	0	10	0.007	0.962	0.010	0.008	0.008	0.005
105	Palles	Genome-R&D-0193	PAL09	0	10	0.008	0.960	0.007	0.007	0.009	0.009
106	Palles	Genome-R&D-0194	PAL10	0	10	0.030	0.716	0.015	0.005	0.007	0.226
107	Palles	Genome-R&D-0195	PAL11	0	10	0.008	0.959	0.007	0.007	0.009	0.010
108	Palles	Genome-R&D-0196	PAL12	0	10	0.006	0.944	0.009	0.013	0.005	0.023
109	Palles	Genome-R&D-0197	PAL13	0	10	0.894	0.005	0.063	0.015	0.014	0.010
110	Palles	Genome-R&D-0198	PAL14	0	10	0.560	0.005	0.051	0.345	0.015	0.025
111	Palles	Genome-R&D-0199	PAL15	-16	10	0.007	0.858	0.013	0.007	0.106	0.009
112	Palles	Genome-R&D-0200	PAL16	0	10	0.005	0.964	0.009	0.011	0.005	0.006
113	Palles	Genome-R&D-0201	PAL17	0	10	0.332	0.025	0.094	0.469	0.017	0.062
114	Palles	Genome-R&D-0202	PAL18	-16	10	0.005	0.969	0.007	0.009	0.006	0.005
115	Palles	Genome-R&D-0203	PAL19	0	10	0.197	0.008	0.038	0.015	0.011	0.732
116	Palles	Genome-R&D-0204	PAL20	0	10	0.013	0.005	0.046	0.922	0.004	0.010
117	Palles	Genome-R&D-0205	PAL21	0	10	0.317	0.014	0.106	0.474	0.010	0.079
118	Palles	Genome-R&D-0206	PAL22	0	10	0.023	0.005	0.020	0.914	0.011	0.027
119	Palles	Genome-R&D-0207	PAL23	0	10	0.054	0.243	0.567	0.016	0.010	0.111
120	Palles	Genome-R&D-0208	PAL24	-16	10	0.006	0.954	0.012	0.017	0.007	0.005
121	Palles	Genome-R&D-0209	PAL25	-16	10	0.005	0.967	0.007	0.009	0.006	0.005
122	Couarde	Genome-R&D-0210	COU01	0	11	0.012	0.908	0.008	0.018	0.044	0.010
123	Couarde	Genome-R&D-0211	COU02	0	11	0.023	0.480	0.026	0.010	0.382	0.080
124	Couarde	Genome-R&D-0212	COU03	0	11	0.007	0.970	0.006	0.005	0.007	0.004
125	Couarde	Genome-R&D-0213	COU04	0	11	0.005	0.975	0.005	0.005	0.006	0.004
126	Couarde	Genome-R&D-0214	COU05	0	11	0.006	0.968	0.007	0.007	0.007	0.005
127	Couarde	Genome-R&D-0215	COU06	0	11	0.008	0.822	0.107	0.015	0.008	0.040
128	Couarde	Genome-R&D-0216	COU07	0	11	0.006	0.969	0.007	0.006	0.006	0.005
129	Couarde	Genome-R&D-0217	COU08	0	11	0.026	0.884	0.039	0.021	0.011	0.019
130	Couarde	Genome-R&D-0218	COU09	0	11	0.007	0.889	0.064	0.027	0.007	0.006
131	Couarde	Genome-R&D-0219	COU10	0	11	0.181	0.112	0.516	0.009	0.016	0.166
132	Couarde	Genome-R&D-0220	COU11	0	11	0.467	0.198	0.277	0.007	0.011	0.040
133	Couarde	Genome-R&D-0221	COU12	0	11	0.015	0.838	0.047	0.050	0.034	0.015
134	Couarde	Genome-R&D-0222	COU13	0	11	0.008	0.946	0.022	0.010	0.007	0.006
135	Couarde	Genome-R&D-0223	COU14	0	11	0.006	0.901	0.030	0.009	0.044	0.012
136	Couarde	Genome-R&D-0224	COU15	0	11	0.015	0.942	0.014	0.009	0.007	0.013
137	Couarde	Genome-R&D-0225	COU16	0	11	0.007	0.965	0.008	0.008	0.006	0.006
138	Couarde	Genome-R&D-0226	COU17	-16	11	0.013	0.654	0.021	0.189	0.076	0.047
139	Couarde	Genome-R&D-0227	COU18	0	11	0.037	0.826	0.032	0.011	0.065	0.030
140	Couarde	Genome-R&D-0228	COU19	0	11	0.109	0.465	0.326	0.042	0.025	0.033
141	Couarde	Genome-R&D-0229	COU20	0	11	0.018	0.720	0.019	0.113	0.089	0.040
142	Couarde	Genome-R&D-0230	COU21	0	11	0.006	0.974	0.005	0.005	0.006	0.004
143	Couarde	Genome-R&D-0231	COU22	0	11	0.046	0.411	0.038	0.093	0.347	0.065
144	Vauvre	Genome-R&D-0232	VAU01	0	12	0.009	0.901	0.014	0.018	0.046	0.013
145	Vauvre	Genome-R&D-0233	VAU02	0	12	0.342	0.507	0.017	0.012	0.114	0.007
146	Vauvre	Genome-R&D-0234	VAU03	0	12	0.116	0.824	0.018	0.015	0.008	0.019
147	Vauvre	Genome-R&D-0235	VAU04	0	12	0.225	0.632	0.031	0.014	0.033	0.065
148	Vauvre	Genome-R&D-0236	VAU05	0	12	0.006	0.969	0.008	0.006	0.006	0.005
149	Vauvre	Genome-R&D-0237	VAU06	0	12	0.035	0.921	0.012	0.010	0.008	0.014
150	Vauvre	Genome-R&D-0238	VAU07	-16	12	0.027	0.813	0.091	0.044	0.009	0.016
151	Vauvre	Genome-R&D-0239	VAU08	0	12	0.040	0.271	0.551	0.120	0.007	0.011
152	Vauvre	Genome-R&D-0240	VAU09	0	12	0.311	0.065	0.370	0.016	0.018	0.221
153	Vauvre	Genome-R&D-0241	VAU10	0	12	0.012	0.595	0.281	0.014	0.037	0.061
154	Vauvre	Genome-R&D-0242	VAU11	0	12	0.013	0.422	0.392	0.025	0.086	0.062
155	Vauvre	Genome-R&D-0243	VAU12	0	12	0.009	0.964	0.008	0.006	0.008	0.005
156	Vauvre	Genome-R&D-0244	VAU13	0	12	0.219	0.574	0.106	0.015	0.057	0.029
157	Vauvre	Genome-R&D-0245	VAU14	0	12	0.011	0.917	0.013	0.014	0.017	0.028
158	Vauvre	Genome-R&D-0246	VAU15	0	12	0.051	0.525	0.301	0.047	0.006	0.070
159	Vauvre	Genome-R&D-0247	VAU16	0	12	0.473	0.119	0.238	0.009	0.006	0.155

N° d'ordre	Station	Etiquette	code individus	% données manquantes	N° échantillon	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
160	Vauvre	Genome-R&D-0248	VAU17	0	12	0.006	0.935	0.020	0.024	0.006	0.009
161	Vauvre	Genome-R&D-0249	VAU18	0	12	0.145	0.046	0.548	0.043	0.007	0.211
162	Vauvre	Genome-R&D-0250	VAU19	0	12	0.010	0.431	0.014	0.474	0.032	0.039
163	Vauvre	Genome-R&D-0251	VAU20	0	12	0.005	0.972	0.007	0.005	0.005	0.006
164	Vauvre	Genome-R&D-0252	VAU21	0	12	0.272	0.253	0.362	0.015	0.006	0.093
165	Vauvre	Genome-R&D-0253	VAU22	0	12	0.013	0.656	0.053	0.082	0.018	0.177
166	Vauvre	Genome-R&D-0254	VAU23	0	12	0.024	0.650	0.079	0.020	0.185	0.042
167	Pâlis	Genome-R&D-0389	PLS01	0	13	0.473	0.009	0.474	0.013	0.010	0.021
168	Pâlis	Genome-R&D-0390	PLS02	0	13	0.941	0.004	0.024	0.006	0.016	0.009
169	Pâlis	Genome-R&D-0391	PLS03	0	13	0.930	0.006	0.020	0.028	0.007	0.010
170	Pâlis	Genome-R&D-0392	PLS04	0	13	0.966	0.005	0.006	0.004	0.010	0.009
171	Pâlis	Genome-R&D-0393	PLS05	0	13	0.578	0.016	0.235	0.055	0.027	0.089
172	Pâlis	Genome-R&D-0394	PLS06	0	13	0.951	0.015	0.011	0.008	0.007	0.008
173	Pâlis	Genome-R&D-0395	PLS07	0	13	0.954	0.012	0.009	0.008	0.008	0.010
174	Pâlis	Genome-R&D-0396	PLS08	0	13	0.694	0.011	0.199	0.070	0.010	0.016
175	Pâlis	Genome-R&D-0397	PLS09	0	13	0.914	0.023	0.020	0.017	0.018	0.008
176	Pâlis	Genome-R&D-0398	PLS10	0	13	0.940	0.015	0.010	0.013	0.006	0.015
177	Pâlis	Genome-R&D-0399	PLS11	0	13	0.968	0.004	0.007	0.005	0.008	0.007
178	Pâlis	Genome-R&D-0400	PLS12	0	13	0.894	0.004	0.010	0.005	0.031	0.056
179	Pâlis	Genome-R&D-0401	PLS13	0	13	0.894	0.009	0.023	0.015	0.049	0.010
180	Pâlis	Genome-R&D-0402	PLS14	0	13	0.961	0.004	0.009	0.006	0.009	0.011
181	Pâlis	Genome-R&D-0403	PLS15	0	13	0.966	0.009	0.006	0.004	0.008	0.007
182	Pâlis	Genome-R&D-0404	PLS16	0	13	0.967	0.004	0.007	0.006	0.008	0.008
183	Pâlis	Genome-R&D-0405	PLS17	0	13	0.938	0.009	0.013	0.006	0.022	0.012
184	Pâlis	Genome-R&D-0406	PLS18	0	13	0.953	0.012	0.009	0.009	0.008	0.010
185	Pâlis	Genome-R&D-0407	PLS19	0	13	0.754	0.006	0.046	0.013	0.074	0.107
186	Pâlis	Genome-R&D-0408	PLS20	0	13	0.075	0.015	0.024	0.009	0.049	0.828
187	Pâlis	Genome-R&D-0409	PLS21	0	13	0.716	0.007	0.170	0.026	0.026	0.055
188	Calais	GT-letL-01	CAL01	0	14	0.061	0.114	0.018	0.007	0.024	0.876
189	Calais	GT-letL-02	CAL02	0	14	0.185	0.014	0.205	0.020	0.050	0.526
190	Calais	GT-letL-03	CAL03	0	14	0.013	0.016	0.008	0.007	0.019	0.937
191	Calais	GT-letL-04	CAL04	0	14	0.022	0.016	0.017	0.008	0.030	0.907
192	Calais	GT-letL-05	CAL05	0	14	0.081	0.025	0.168	0.012	0.080	0.634
193	Calais	GT-letL-06	CAL06	0	14	0.195	0.009	0.048	0.031	0.335	0.380
194	Calais	GT-letL-07	CAL07	0	14	0.025	0.014	0.025	0.007	0.025	0.904
195	Gourdon	Genome-R&D-0275	GOU01	0	15	0.895	0.009	0.014	0.015	0.052	0.016
196	Gourdon	Genome-R&D-0276	GOU02	0	15	0.927	0.011	0.014	0.012	0.015	0.021
197	Gourdon	Genome-R&D-0277	GOU03	0	15	0.752	0.005	0.030	0.022	0.112	0.080
198	Gourdon	Genome-R&D-0278	GOU04	0	15	0.864	0.006	0.037	0.024	0.060	0.010
199	Gourdon	Genome-R&D-0279	GOU05	0	15	0.663	0.009	0.038	0.036	0.053	0.201
200	Gourdon	Genome-R&D-0280	GOU06	0	15	0.665	0.022	0.035	0.014	0.047	0.216
201	Gourdon	Genome-R&D-0281	GOU07	0	15	0.460	0.044	0.015	0.008	0.462	0.010
202	Gourdon	Genome-R&D-0282	GOU08	0	15	0.813	0.006	0.019	0.026	0.049	0.087
203	Gourdon	Genome-R&D-0283	GOU09	0	15	0.950	0.008	0.013	0.008	0.007	0.014
204	Gourdon	Genome-R&D-0284	GOU10	0	15	0.034	0.121	0.030	0.024	0.134	0.657
205	Gourdon	Genome-R&D-0285	GOU11	0	15	0.031	0.004	0.007	0.007	0.009	0.942
206	Gourdon	Genome-R&D-0286	GOU12	0	15	0.861	0.009	0.012	0.009	0.072	0.037
207	Gourdon	Genome-R&D-0287	GOU13	0	15	0.029	0.004	0.006	0.007	0.010	0.944
208	Gourdon	Genome-R&D-0288	GOU14	0	15	0.768	0.010	0.097	0.051	0.068	0.006
209	Gourdon	Genome-R&D-0289	GOU15	0	15	0.739	0.006	0.010	0.020	0.214	0.012
210	Gourdon	Genome-R&D-0290	GOU16	0	15	0.940	0.008	0.013	0.007	0.008	0.023
211	Bouzane	Genome-R&D-0255	BOU01	0	16	0.009	0.021	0.932	0.013	0.013	0.012
212	Bouzane	Genome-R&D-0256	BOU02	0	16	0.246	0.009	0.543	0.023	0.078	0.101
213	Bouzane	Genome-R&D-0257	BOU03	0	16	0.007	0.009	0.950	0.020	0.008	0.007
214	Bouzane	Genome-R&D-0258	BOU04	0	16	0.128	0.007	0.734	0.057	0.007	0.068
215	Bouzane	Genome-R&D-0259	BOU05	0	16	0.019	0.008	0.919	0.014	0.010	0.030
216	Bouzane	Genome-R&D-0260	BOU06	0	16	0.016	0.009	0.856	0.051	0.007	0.061
217	Bouzane	Genome-R&D-0261	BOU07	0	16	0.010	0.020	0.781	0.161	0.012	0.017
218	Bouzane	Genome-R&D-0262	BOU08	0	16	0.008	0.017	0.757	0.196	0.010	0.011
219	Bouzane	Genome-R&D-0263	BOU09	0	16	0.018	0.011	0.835	0.072	0.020	0.044
220	Bouzane	Genome-R&D-0264	BOU10	0	16	0.488	0.036	0.356	0.104	0.007	0.008
221	Bouzane	Genome-R&D-0265	BOU11	0	16	0.011	0.012	0.945	0.010	0.012	0.011
222	Bouzane	Genome-R&D-0266	BOU12	0	16	0.007	0.006	0.949	0.016	0.006	0.015
223	Bouzane	Genome-R&D-0267	BOU13	0	16	0.528	0.039	0.328	0.051	0.021	0.033
224	Bouzane	Genome-R&D-0268	BOU14	0	16	0.018	0.011	0.832	0.046	0.010	0.083
225	Bouzane	Genome-R&D-0269	BOU15	0	16	0.012	0.006	0.820	0.024	0.015	0.124
226	Bouzane	Genome-R&D-0270	BOU16	0	16	0.009	0.007	0.946	0.013	0.008	0.017
227	Bouzane	Genome-R&D-0271	BOU17	0	16	0.192	0.082	0.186	0.407	0.082	0.051
228	Bouzane	Genome-R&D-0272	BOU18	0	16	0.709	0.119	0.085	0.041	0.011	0.036
229	Bouzane	Genome-R&D-0273	BOU19	0	16	0.774	0.004	0.026	0.180	0.007	0.008
230	Bouzane	Genome-R&D-0274	BOU20	0	16	0.111	0.008	0.421	0.026	0.014	0.420
231	Gargillesse	GT-INDRE022	GAR01	0	17	0.005	0.017	0.124	0.840	0.010	0.004
232	Gargillesse	GT-INDRE023	GAR02	0	17	0.005	0.017	0.016	0.950	0.007	0.005
233	Gargillesse	GT-INDRE024	GAR03	0	17	0.036	0.007	0.699	0.229	0.017	0.013
234	Gargillesse	GT-INDRE025	GAR04	0	17	0.018	0.013	0.030	0.927	0.005	0.007
235	Gargillesse	GT-INDRE026	GAR05	0	17	0.004	0.004	0.009	0.972	0.004	0.005
236	Gargillesse	GT-INDRE027	GAR06	0	17	0.009	0.047	0.020	0.913	0.006	0.005
237	Gargillesse	GT-INDRE028	GAR07	0	17	0.006	0.092	0.680	0.205	0.011	0.006
238	Gargillesse	GT-INDRE029	GAR08	0	17	0.004	0.009	0.012	0.963	0.006	0.005
239	Gargillesse	GT-INDRE030	GAR09	0	17	0.014	0.043	0.829	0.067	0.024	0.023
240	Gargillesse	GT-INDRE031	GAR10	0	17	0.018	0.030	0.015	0.924	0.008	0.005
241	Gargillesse	GT-INDRE032	GAR11	0	17	0.024	0.049	0.053	0.860	0.007	0.007
242	Gargillesse	GT-INDRE033	GAR12	0	17	0.014	0.006	0.039	0.925	0.007	0.008
243	Gargillesse	GT-INDRE034	GAR13	0	17	0.015	0.013	0.019	0.942	0.006	0.006
244	Gargillesse	GT-INDRE035	GAR14	0	17	0.010	0.006	0.012	0.960	0.006	0.006

N° d'ordre	Station	Etiquette	code individus	% données manquantes	N° échantillon	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
245	Gargillesse	GT-INDRE036	GAR15	0	17	0.148	0.005	0.027	0.745	0.017	0.058
246	Gargillesse	GT-INDRE037	GAR16	0	17	0.057	0.009	0.119	0.725	0.050	0.040
247	Gargillesse	GT-INDRE038	GAR17	0	17	0.037	0.023	0.485	0.201	0.241	0.013
248	Gargillesse	GT-INDRE039	GAR18	0	17	0.005	0.011	0.015	0.961	0.004	0.005
249	Gargillesse	GT-INDRE040	GAR19	0	17	0.006	0.077	0.011	0.896	0.005	0.005
250	Gargillesse	GT-INDRE041	GAR20	0	17	0.005	0.006	0.007	0.972	0.006	0.005
251	Gargillesse	GT-INDRE042	GAR21	0	17	0.005	0.007	0.009	0.970	0.004	0.005
252	Bouzantin	Genome-R&D-0313	BZ01	0	18	0.032	0.028	0.876	0.035	0.006	0.023
253	Bouzantin	Genome-R&D-0314	BZ02	0	18	0.009	0.007	0.068	0.865	0.031	0.020
254	Bouzantin	Genome-R&D-0315	BZ03	0	18	0.010	0.009	0.933	0.033	0.005	0.010
255	Bouzantin	Genome-R&D-0316	BZ04	0	18	0.017	0.014	0.607	0.313	0.012	0.037
256	Bouzantin	Genome-R&D-0317	BZ05	0	18	0.019	0.033	0.850	0.053	0.006	0.040
257	Bouzantin	Genome-R&D-0318	BZ06	0	18	0.016	0.008	0.055	0.902	0.011	0.009
258	Bouzantin	Genome-R&D-0319	BZ07	0	18	0.010	0.008	0.933	0.033	0.005	0.011
259	Bouzantin	Genome-R&D-0320	BZ08	0	18	0.081	0.006	0.639	0.169	0.018	0.087
260	Bouzantin	Genome-R&D-0321	BZ09	0	18	0.006	0.012	0.330	0.635	0.008	0.009
261	Bouzantin	Genome-R&D-0322	BZ10	0	18	0.017	0.007	0.912	0.048	0.008	0.009
262	Bouzantin	Genome-R&D-0323	BZ11	0	18	0.045	0.007	0.052	0.839	0.045	0.012
263	Bouzantin	Genome-R&D-0324	BZ12	0	18	0.008	0.013	0.210	0.746	0.010	0.012
264	Bouzantin	Genome-R&D-0325	BZ13	0	18	0.035	0.020	0.026	0.805	0.102	0.011
265	Bouzantin	Genome-R&D-0326	BZ14	0	18	0.008	0.007	0.635	0.321	0.015	0.015
266	Bouzantin	Genome-R&D-0327	BZ15	0	18	0.018	0.225	0.218	0.518	0.012	0.009
267	Bouzantin	Genome-R&D-0328	BZ16	0	18	0.053	0.010	0.510	0.361	0.014	0.052
268	Bouzantin	Genome-R&D-0329	BZ17	0	18	0.006	0.006	0.010	0.961	0.011	0.006
269	Bouzantin	Genome-R&D-0330	BZ18	0	18	0.011	0.082	0.569	0.323	0.007	0.008
270	Bouzantin	Genome-R&D-0331	BZ19	0	18	0.018	0.006	0.927	0.030	0.009	0.010
271	Bouzantin	Genome-R&D-0332	BZ20	0	18	0.011	0.008	0.035	0.921	0.018	0.008
272	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0291	CHM01	0	19	0.051	0.005	0.011	0.005	0.899	0.028
273	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0292	CHM02	0	19	0.055	0.004	0.007	0.004	0.885	0.043
274	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0293	CHM03	0	19	0.050	0.070	0.023	0.006	0.836	0.014
275	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0294	CHM04	0	19	0.040	0.101	0.069	0.007	0.765	0.018
276	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0295	CHM05	0	19	0.044	0.005	0.008	0.005	0.902	0.035
277	Chézeaux (source)	Genome-R&D-0296	CHM06	0	19	0.234	0.004	0.022	0.043	0.658	0.040
278	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0297	CHV01	0	20	0.008	0.006	0.010	0.008	0.959	0.008
279	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0298	CHV02	0	20	0.005	0.007	0.005	0.006	0.972	0.005
280	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0299	CHV03	0	20	0.006	0.006	0.006	0.006	0.971	0.006
281	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0300	CHV04	0	20	0.007	0.009	0.019	0.012	0.947	0.006
282	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0301	CHV05	0	20	0.008	0.005	0.005	0.005	0.967	0.009
283	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0302	CHV06	0	20	0.006	0.007	0.005	0.006	0.971	0.005
284	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0303	CHV07	0	20	0.005	0.006	0.005	0.005	0.974	0.005
285	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0304	CHV08	0	20	0.005	0.015	0.006	0.006	0.963	0.005
286	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0305	CHV09	0	20	0.005	0.006	0.005	0.006	0.974	0.005
287	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0306	CHV10	0	20	0.005	0.006	0.004	0.006	0.973	0.005
288	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0307	CHV11	0	20	0.005	0.007	0.006	0.006	0.971	0.006
289	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0308	CHV12	0	20	0.006	0.006	0.006	0.006	0.972	0.005
290	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0309	CHV13	0	20	0.007	0.014	0.010	0.014	0.950	0.006
291	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0310	CHV14	0	20	0.007	0.012	0.012	0.009	0.954	0.007
292	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0311	CHV15	0	20	0.007	0.012	0.028	0.041	0.905	0.006
293	Chézeaux (confluence Creuse)	Genome-R&D-0312	CHV16	0	20	0.007	0.010	0.012	0.015	0.949	0.006
294	Rémillon	GT-letL-21	REM01	0	21	0.046	0.006	0.013	0.014	0.601	0.321
295	Rémillon	GT-letL-22	REM02	0	21	0.069	0.006	0.032	0.011	0.017	0.865
296	Rémillon	GT-letL-23	REM03	-16	21	0.716	0.005	0.010	0.007	0.230	0.033
297	Rémillon	GT-letL-24	REM04	0	21	0.364	0.010	0.006	0.005	0.607	0.008
298	Rémillon	GT-letL-25	REM05	0	21	0.128	0.006	0.006	0.005	0.841	0.014
299	Rémillon	GT-letL-26	REM06	0	21	0.011	0.004	0.011	0.012	0.009	0.953
300	Rémillon	GT-letL-27	REM07	0	21	0.207	0.010	0.016	0.012	0.037	0.718
301	Rémillon	GT-letL-28	REM08	0	21	0.026	0.004	0.018	0.011	0.007	0.934
302	Rémillon	GT-letL-29	REM09	0	21	0.366	0.008	0.017	0.006	0.572	0.032
303	Rémillon	GT-letL-30	REM10	0	21	0.209	0.008	0.007	0.006	0.742	0.029
304	Rémillon	GT-letL-31	REM11	0	21	0.235	0.008	0.006	0.005	0.732	0.014
305	Rémillon	GT-letL-32	REM12	0	21	0.118	0.008	0.008	0.007	0.839	0.021
306	Rémillon	GT-letL-33	REM13	0	21	0.497	0.011	0.008	0.007	0.465	0.011
307	Rémillon	GT-letL-34	REM14	0	21	0.151	0.007	0.005	0.005	0.822	0.010
308	Rémillon	GT-letL-35	REM15	0	21	0.021	0.026	0.157	0.021	0.021	0.754
309	Rémillon	GT-letL-36	REM16	0	21	0.145	0.006	0.009	0.006	0.823	0.011
310	Rémillon	GT-letL-37	REM17	0	21	0.116	0.006	0.006	0.005	0.839	0.028
311	Rémillon	GT-letL-38	REM18	0	21	0.401	0.007	0.006	0.006	0.571	0.010
312	Rémillon	GT-letL-39	REM19	0	21	0.070	0.007	0.017	0.282	0.384	0.240
313	Rémillon	GT-letL-40	REM20	0	21	0.018	0.016	0.020	0.013	0.010	0.922
314	Abloux	Genome-R&D-0333	ABL01	0	22	0.028	0.006	0.107	0.776	0.019	0.065
315	Abloux	Genome-R&D-0334	ABL02	0	22	0.007	0.007	0.964	0.011	0.005	0.007
316	Abloux	Genome-R&D-0335	ABL03	0	22	0.012	0.005	0.928	0.012	0.011	0.032
317	Abloux	Genome-R&D-0336	ABL04	0	22	0.012	0.006	0.887	0.019	0.009	0.067
318	Abloux	Genome-R&D-0337	ABL05	0	22	0.018	0.006	0.947	0.007	0.014	0.008
319	Abloux	Genome-R&D-0338	ABL06	0	22	0.009	0.010	0.954	0.012	0.007	0.008
320	Abloux	Genome-R&D-0339	ABL07	0	22	0.005	0.005	0.972	0.007	0.004	0.006
321	Abloux	Genome-R&D-0340	ABL08	0	22	0.008	0.019	0.947	0.009	0.009	0.007
322	Abloux	Genome-R&D-0341	ABL09	0	22	0.014	0.005	0.943	0.017	0.010	0.011
323	Abloux	Genome-R&D-0342	ABL10	0	22	0.007	0.009	0.941	0.017	0.021	0.006
324	Abloux	Genome-R&D-0343	ABL11	0	22	0.011	0.089	0.874	0.008	0.012	0.005
325	Abloux	Genome-R&D-0344	ABL12	0	22	0.053	0.009	0.805	0.105	0.016	0.013
326	Abloux	Genome-R&D-0345	ABL13	0	22	0.012	0.010	0.953	0.013	0.006	0.007
327	Abloux	Genome-R&D-0346	ABL14	0	22	0.024	0.005	0.921	0.009	0.028	0.012
328	Abloux	Genome-R&D-0347	ABL15	0	22	0.012	0.030	0.868	0.045	0.013	0.032
329	Abloux	Genome-R&D-0348	ABL16	0	22	0.005	0.004	0.970	0.009	0.007	0.005

N° d'ordre	Station	Etiquette	code individus	% données manquantes	N° échantillon	Lignée aval	Lignée Indre	Lignée Vienne-1	Lignée Vienne-2	Lignée Chézeaux	Domestiques atlantiques
330	Abloux	Genome-R&D-0349	ABL17	0	22	0.011	0.005	0.962	0.006	0.006	0.009
331	Abloux	Genome-R&D-0350	ABL18	0	22	0.010	0.050	0.918	0.010	0.007	0.005
332	Abloux	Genome-R&D-0351	ABL19	0	22	0.013	0.053	0.909	0.010	0.008	0.008
333	Abloux	Genome-R&D-0352	ABL20	0	22	0.010	0.008	0.948	0.008	0.013	0.013
334	Abloux	Genome-R&D-0353	ABL21	0	22	0.010	0.039	0.863	0.017	0.057	0.013
335	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0611	TAL01	0	23	0.034	0.013	0.011	0.007	0.049	0.886
336	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0612	TAL02	0	23	0.166	0.006	0.050	0.031	0.042	0.705
337	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0613	TAL03	0	23	0.036	0.011	0.036	0.020	0.086	0.812
338	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0614	TAL04	0	23	0.015	0.004	0.006	0.007	0.007	0.960
339	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0615	TAL05	0	23	0.194	0.027	0.305	0.165	0.133	0.177
340	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0616	TAL06	0	23	0.342	0.011	0.027	0.025	0.085	0.510
341	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0617	TAL07	0	23	0.018	0.035	0.024	0.010	0.113	0.799
342	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0618	TAL08	0	23	0.035	0.005	0.009	0.009	0.252	0.688
343	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0619	TAL09	0	23	0.389	0.019	0.105	0.022	0.305	0.161
344	Pisciculture du Talbat	Genome-R&D-0620	TAL10	0	23	0.163	0.006	0.022	0.007	0.015	0.787
345	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0621	VER01	0	24	0.100	0.013	0.019	0.014	0.008	0.846
346	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0622	VER02	0	24	0.289	0.008	0.025	0.028	0.020	0.629
347	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0623	VER03	0	24	0.248	0.023	0.047	0.024	0.369	0.289
348	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0624	VER04	0	24	0.013	0.004	0.013	0.009	0.008	0.952
349	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0625	VER05	0	24	0.103	0.010	0.144	0.100	0.019	0.623
350	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0626	VER06	0	24	0.476	0.006	0.020	0.006	0.084	0.408
351	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0627	VER07	0	24	0.170	0.005	0.020	0.015	0.010	0.780
352	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0628	VER08	0	24	0.103	0.005	0.029	0.135	0.015	0.713
353	Pisciculture du Verger	Genome-R&D-0629	VER09	0	24	0.032	0.005	0.010	0.006	0.011	0.935
354	pisciculture de Cauterets 2014	MLD033	CAU01	0	25	0.197	0.004	0.013	0.012	0.215	0.559
355	pisciculture de Cauterets 2014	MLD034	CAU02	0	25	0.134	0.010	0.021	0.011	0.279	0.545
356	pisciculture de Cauterets 2014	MLD035	CAU03	0	25	0.140	0.004	0.009	0.011	0.017	0.818
357	pisciculture de Cauterets 2014	MLD036	CAU04	0	25	0.019	0.005	0.035	0.107	0.018	0.815
358	pisciculture de Cauterets 2014	MLD037	CAU05	0	25	0.316	0.033	0.069	0.031	0.031	0.520
359	pisciculture de Cauterets 2014	MLD038	CAU06	0	25	0.019	0.005	0.009	0.009	0.018	0.940
360	pisciculture de Cauterets 2014	MLD039	CAU07	0	25	0.017	0.004	0.009	0.007	0.009	0.954
361	pisciculture de Cauterets 2014	MLD040	CAU08	0	25	0.163	0.019	0.030	0.024	0.014	0.750
362	pisciculture de Cauterets 2014	MLD041	CAU09	0	25	0.009	0.006	0.009	0.006	0.008	0.962
363	pisciculture de Cauterets 2014	MLD042	CAU10	0	25	0.038	0.062	0.027	0.007	0.007	0.859
364	pisciculture de Cauterets 2014	MLD043	CAU11	0	25	0.011	0.004	0.005	0.007	0.005	0.968
365	pisciculture de Cauterets 2014	MLD044	CAU12	0	25	0.015	0.004	0.005	0.005	0.006	0.965
366	pisciculture de Cauterets 2014	MLD045	CAU13	0	25	0.009	0.004	0.006	0.009	0.005	0.966
367	pisciculture de Cauterets 2014	MLD046	CAU14	0	25	0.018	0.026	0.012	0.008	0.006	0.930
368	pisciculture de Cauterets 2014	MLD047	CAU15	0	25	0.006	0.077	0.038	0.013	0.005	0.861
369	pisciculture de Cauterets 2014	MLD048	CAU16	0	25	0.020	0.005	0.010	0.005	0.030	0.931
370	pisciculture de Cauterets 2014	MLD049	CAU17	0	25	0.021	0.253	0.040	0.007	0.053	0.626
371	pisciculture de Cauterets 2014	MLD050	CAU18	0	25	0.033	0.012	0.011	0.006	0.073	0.865
372	pisciculture de Cauterets 2014	MLD051	CAU19	0	25	0.011	0.004	0.010	0.007	0.006	0.961
373	pisciculture de Cauterets 2014	MLD052	CAU20	0	25	0.318	0.035	0.030	0.012	0.013	0.592
374	pisciculture de Cauterets 2014	MLD053	CAU21	0	25	0.018	0.006	0.015	0.013	0.035	0.913
375	pisciculture de Cauterets 2014	MLD054	CAU22	0	25	0.021	0.005	0.010	0.009	0.010	0.945
376	pisciculture de Cauterets 2014	MLD055	CAU23	0	25	0.054	0.005	0.008	0.005	0.040	0.887
377	pisciculture de Cauterets 2014	MLD056	CAU24	0	25	0.044	0.204	0.019	0.005	0.020	0.707
378	pisciculture de Cauterets 2014	MLD057	CAU25	0	25	0.027	0.007	0.014	0.033	0.006	0.914
379	pisciculture de Cauterets 2014	MLD058	CAU26	0	25	0.111	0.005	0.007	0.007	0.007	0.863
380	pisciculture de Cauterets 2014	MLD059	CAU27	0	25	0.013	0.005	0.009	0.005	0.016	0.952
381	pisciculture de Cauterets 2014	MLD061	CAU28	0	25	0.009	0.006	0.009	0.008	0.007	0.961
382	Pisciculture commerciale (Isère)	108-101	P01	0	26	0.010	0.007	0.013	0.014	0.008	0.947
383	Pisciculture commerciale (Isère)	108-102	P02	0	26	0.008	0.006	0.014	0.013	0.069	0.890
384	Pisciculture commerciale (Isère)	108-103	P03	0	26	0.009	0.004	0.005	0.004	0.008	0.971
385	Pisciculture commerciale (Isère)	108-104	P04	0	26	0.009	0.004	0.005	0.004	0.008	0.971
386	Pisciculture commerciale (Isère)	108-105	P05	0	26	0.006	0.007	0.007	0.008	0.008	0.965
387	Pisciculture commerciale (Isère)	108-106	P06	0	26	0.006	0.005	0.011	0.006	0.008	0.963
388	Pisciculture commerciale (Isère)	108-107	P07	0	26	0.010	0.013	0.038	0.026	0.008	0.906
389	Pisciculture commerciale (Isère)	108-108	P08	0	26	0.007	0.004	0.013	0.005	0.022	0.949
390	Pisciculture commerciale (Isère)	108-109	P09	0	26	0.007	0.019	0.018	0.018	0.012	0.926
391	Pisciculture commerciale (Isère)	108-110	P10	0	26	0.005	0.006	0.006	0.013	0.005	0.965
392	Pisciculture commerciale (Isère)	108-111	P11	0	26	0.011	0.016	0.019	0.013	0.011	0.931
393	Pisciculture commerciale (Isère)	108-112	P12	0	26	0.007	0.006	0.017	0.026	0.006	0.938
394	Pisciculture commerciale (Isère)	108-113	P13	0	26	0.008	0.005	0.009	0.006	0.008	0.964
395	Pisciculture commerciale (Isère)	108-114	P14	0	26	0.007	0.005	0.006	0.008	0.007	0.967
396	Pisciculture commerciale (Isère)	108-115	P15	0	26	0.010	0.007	0.015	0.011	0.011	0.947
397	Pisciculture commerciale (Isère)	108-116	P16	0	26	0.027	0.005	0.019	0.008	0.011	0.931
398	Pisciculture commerciale (Isère)	108-117	P17	0	26	0.005	0.005	0.009	0.006	0.005	0.971
399	Pisciculture commerciale (Isère)	108-118	P18	0	26	0.012	0.015	0.097	0.016	0.024	0.836
400	Pisciculture commerciale (Isère)	108-119	P19	0	26	0.007	0.006	0.006	0.009	0.009	0.963
401	Pisciculture commerciale (Isère)	108-120	P20	0	26	0.006	0.006	0.012	0.024	0.007	0.945
402	Pisciculture commerciale (Isère)	108-121	P21	0	26	0.009	0.004	0.010	0.010	0.007	0.959
403	Pisciculture commerciale (Isère)	108-122	P22	0	26	0.008	0.006	0.027	0.011	0.051	0.897
404	Pisciculture commerciale (Isère)	108-123	P23	0	26	0.013	0.006	0.073	0.010	0.014	0.884
405	Pisciculture commerciale (Isère)	108-124	P24	0	26	0.007	0.007	0.010	0.010	0.009	0.957
406	Pisciculture commerciale (Isère)	108-125	P25	0	26	0.007	0.005	0.008	0.007	0.009	0.965
407	Pisciculture commerciale (Isère)	108-126	P26	0	26	0.006	0.005	0.006	0.006	0.008	0.970
408	Pisciculture commerciale (Isère)	108-127	P27	0	26	0.007	0.007	0.021	0.021	0.006	0.938
409	Pisciculture commerciale (Isère)	108-128	P28	0	26	0.006	0.006	0.008	0.009	0.007	0.964
410	Pisciculture commerciale (Isère)	108-129	P29	0	26	0.006	0.007	0.009	0.010	0.007	0.961
411	Pisciculture commerciale (Isère)	108-130	P30	0	26	0.007	0.004	0.008	0.006	0.010	0.964

Annexe 2 : Programme des pêches électriques



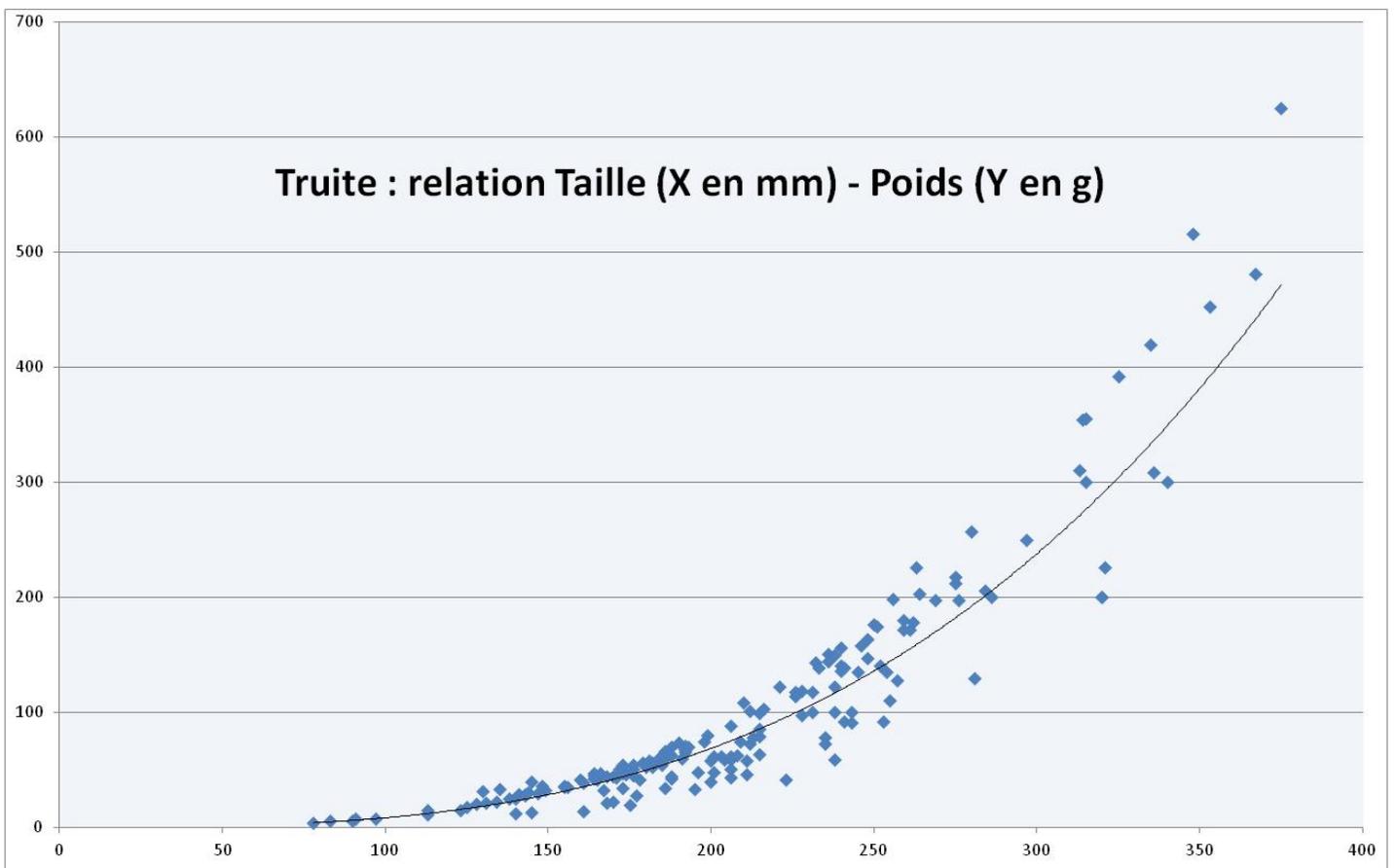
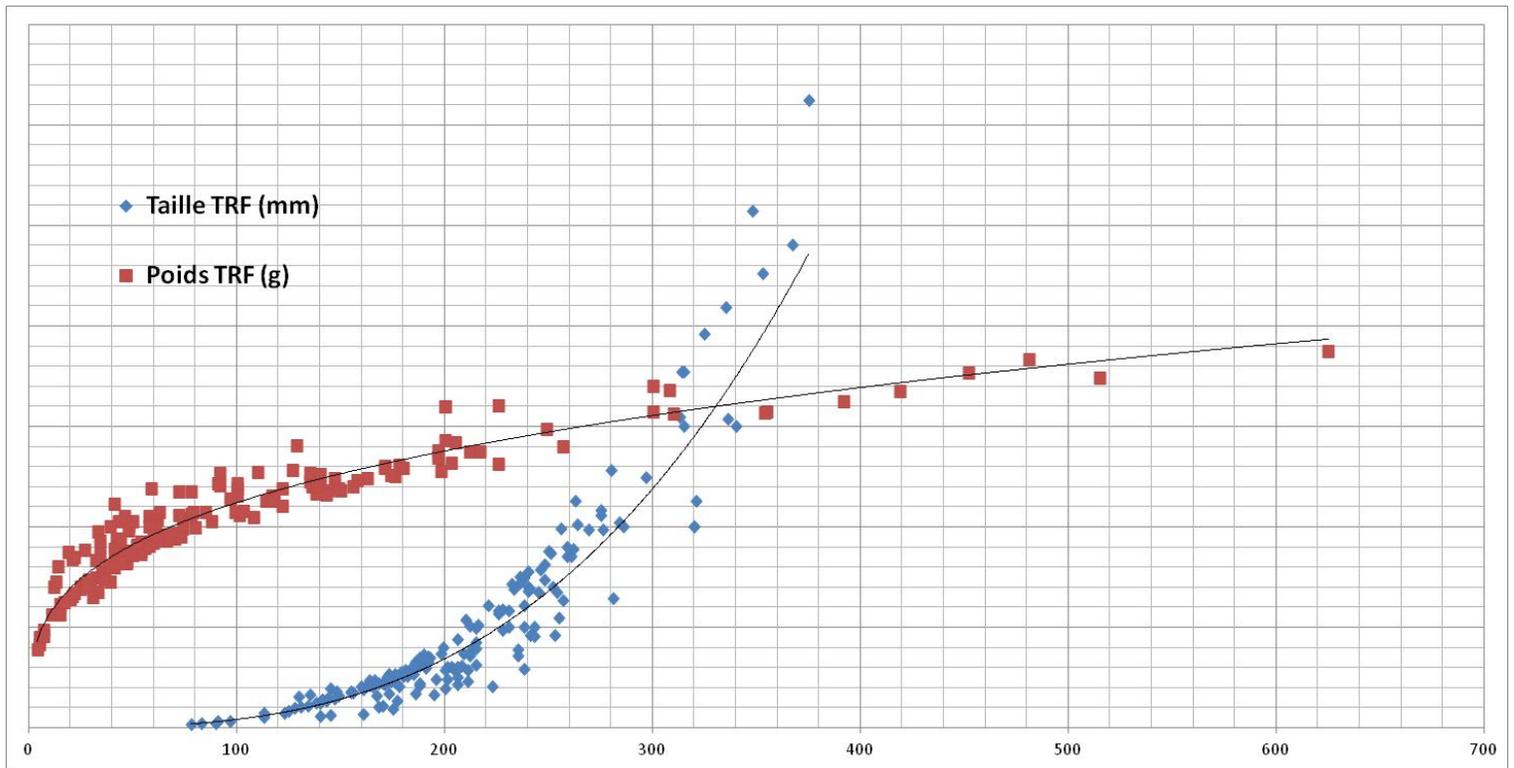
INVENTAIRES PISCICOLES FDAAPPMA 36

Etude de la génétique des Truites fario

Campagne 2018

Jour	Date	Heure	Cours d'eau	Commune	Lieu-dit	Objet
Mardi	4 septembre 2018	8 h 30	Indre amont	PERASSAY	Pont amont	Etude génétique Truite
Mardi	4 septembre 2018	14 h 30	Rau des Palles	Ste-SEVERE	Le Petit Mont	Etude génétique Truite
Mercredi	5 septembre 2018	8 h 30	Couarde	SARZAY	Violet	Etude génétique Truite
Mercredi	5 septembre 2018	14 h 30	Vauvre	CHASSIGNOLLES	Cosset	Etude génétique Truite
Jeudi	6 septembre 2018	8 h 30	Bouzanne	MONTCHEVRIER	L'Auzenais d'en Bas	Etude génétique Truite
Jeudi	6 septembre 2018	14 h 30	Gourdon	St-DENIS-de-JOUHET	Les Pilorguets	Etude génétique Truite
Mardi	11 septembre 2018	14 h 30	Les Chézeaux	St-GAULTIER	Belleloux	Etude génétique Truite
Mercredi	12 septembre 2018	8 h 30	Bouzantin	St-PLANTAIRE	L'Epinat	Etude génétique Truite
Mercredi	12 septembre 2018	14 h 30	Abloux	BAZAIGES	La Villebuxière	Etude génétique Truite
Mardi	18 septembre 2018	8 h 30	Modon	LUÇAY-LE-MÂLE	Chaud Buisson	Etude génétique Truite
Mardi	18 septembre 2018	14 h 30	Nichat	BAUDRES	Villeneuve	Etude génétique Truite
Jeudi	20 septembre 2018	14 h 30	Pâlis	CHÂTILLON-SUR-INDRE	La Chauffetière	Etude génétique Truite

Annexe 3 : graphes taille-poids des truites capturées



Annexe 5 : Planches photos des truites capturées

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Nichat - % Lignée domestique



01 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 40 %



02 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 79 %



03 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 79 %



04 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 85 %



05 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 86 %



06 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 94 %



07 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 95 %



08 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 96 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Nichat - % Lignée domestique



09 - 2018 09 18 Nichat Min de Trez - 75 %



10 - 2018 09 18 Nichat aval Lavoir BAUDRES - 92 %



11 - 2018 09 18 Nichat aval Lavoir BAUDRES - 96 %



12 - 2018 09 18 Nichat Villeneuve - 93 %



13 - 2018 09 18 Nichat Villeneuve - 78 %



14 - 2018 09 18 Nichat Min Bataillé - 96 %



15 - 2018 09 18 Nichat Min Bataillé - 94 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Modon - % Lignée aval



16 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 96 %



17 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 93 %



18 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - domestique 95 %



19 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 59 %



20 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 68 %



21 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 97 %



22 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 96 %



23 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 92 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Modon - % Lignée aval



24 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 97 %



25 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 58 %



26 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 97 %



27 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 64 %



28 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 53 %



29 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 97 %



30 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 80 %



31 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 65 %



32 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - domestique 64 %



33 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 60 %



34 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 96 %



35 - 2018 09 18 Modon Luçay amont - 73 %



56 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 94 %



57 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 95 %



58 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 96 %



59 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 97 %



61 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 98 %



62 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 98 %



63 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 96 %



69 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marembert - 93 %

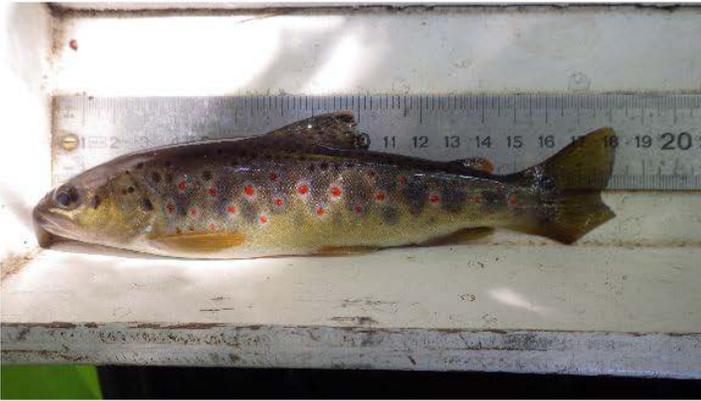
ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Indre amont - % Lignée Indre



70 - 2018 09 04 Indre Pérassay Marentbert - 97 %



71 - 2018 09 04 Indre Pont Pérassay - 96 %



72 - 2018 09 04 Indre Pont Pérassay - 94 %



73 - 2018 09 04 Indre Pont Pérassay - 97 %



74 - 2018 09 04 Indre Pont Pérassay - 97 %



75 - 2018 09 04 Indre Pont Pérassay - 96 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Palles - % Lignée Indre



97 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 95 %



98 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 2 %



99 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 85 %



100 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 97 %



101 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 2 %



102 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 92 %



103 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 86 %



104 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 96 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Palles - % Lignée Indre



105 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 96 %



106 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 72 %



107 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 96 %



108 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 94 %



109 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée aval 89 %



110 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée aval 56 %



112 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 96 %



113 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 3 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Palles - % Lignée Indre



114 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 97 %



115 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - domestique 73 %



116 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée Vienne 2 - ...



117 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée Vienne 2 - ...



118 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée Vienne 2 - ...



119 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - lignée Vienne 1 - ...



120 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 95 %



121 - 2018 09 04 Les Palles Ste-Sévère Belfat - 97 %



122 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 91 %



131 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - lignée Vienne 1 - 52 ...



132 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - lignée aval 47 %



133 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 84 %



134 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 95 %



135 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 90 %



136 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 94 %



137 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 97 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Couarde - % Lignée Indre



138 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 65 %



139 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 83 %



140 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 47 %



141 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 72 %



142 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 97 %



143 - 2018 09 05 Couarde SARZAY à Violet - 41 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Vauvre - % Lignée Indre



144 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 90 %



145 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 50 %



146 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 82 %



147 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 63 %



148 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 97 %



149 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 92 %



150 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 81 %



151 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - Lignée Vienne ...

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Vauvre - % Lignée Indre



152 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 7 %



153 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 60 %



154 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 42 %



155 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 96 %



156 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 57 %



157 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 92 %



158 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 53 %



159 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - lignée aval 47 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Vauvre - % Lignée Indre



160 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 94 %



161 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - lignée Vienne 1...



162 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - lignée Vienne 2...



163 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 97 %



164 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 25 %



165 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 66 %



166 - 2018 09 05 Vauvre Chassignolles à Cosset - 65 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Pâlis - % Lignée aval



167 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 47 %



168 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 94 %



169 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 93 %



170 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 97 %



171 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 58 %



172 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 95 %



173 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 95 %



174 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 69 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Pâlis - % Lignée aval



175 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 91 %



176 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 94 %



177 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 97 %



178 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 89 %



179 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 89 %



180 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 96 %



181 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 97 %



182 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 97 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Pâlis - % Lignée aval



183 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 94 %



184 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 95 %



185 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 75 %



186 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - domestique 83 %



187 - 2018 09 20 Rau Pâlis aval - 72 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Gourdon - % Lignée aval



195 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 90 %



196 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 93 %



197 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 75 %



198 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 86 %



199 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 66 %



200 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 67 %



201 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 46 %



202 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 81 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Gourdon - % Lignée aval



203 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 95 %



204 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - dome...



205 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - dome...



206 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 86 %



207 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - dome...



208 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 77 %



209 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 74 %



210 - 2018 09 06 Gourdon FOUGEROLLES Les Granges - 94 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Bouzanne - % Lignée Vienne 1



211 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 93 %



212 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 54 %



213 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 95 %



214 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 73 %



215 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 92 %



216 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 86 %



217 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 78 %



218 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 76 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Bouzanne - % Lignée Vienne 1



219 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 84 %



220 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - lignée aval 49 %



221 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 95 %



222 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 95 %



223 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - lignée aval 53 %



224 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 83 %



225 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 82 %



226 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 95 %



227 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - lignée Vienne 2 - 41 %



228 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - lignée aval 71 %



229 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - lignée aval 77 %



230 - 2018 09 06 Bouzanne La Buxerette - 42 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Bouzantin - % Lignée Vienne 1 et 2



252 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 88 %



253 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 87 %



255 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 61 %



256 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 85 %



257 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 90 %



258 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 93 %



259 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 64 %



260 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 64 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Bouzantin - % Lignée Vienne 1 et 2



261 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 91 %



262 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 84 %



263 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 75 %



264 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 81 %



265 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 64 %



266 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 52 %



267 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 51 %



268 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 96 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Bouzantin - % Lignée Vienne 1 et 2



269 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 57 %



270 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 1 - 93 %



271 - 2018 09 12 Bouzantin St-Plantaire Epinat - Vienne 2 - 92 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Chézeaux - % Lignée Chézeaux



272 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 90 %



273 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 89 %



274 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 84 %



275 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 77 %



276 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 90 %



277 - 2018 09 11 Chézeaux amont - 66 %



278 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 96 %



279 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Chézeaux - % Lignée Chézeaux



280 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



281 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 95 %



282 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



283 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



284 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



285 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 96 %



286 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



287 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Rau des Chézeaux - % Lignée Chézeaux



288 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



289 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 97 %



290 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 95 %



291 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 95 %



292 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 91 %



293 - 2018 09 11 Chézeaux aval - 95 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Abloux - % Lignée Vienne 1



314 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - lignée Vienne 2...



315 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 96 %



316 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 93 %



317 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 89 %



318 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 95 %



319 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 95 %



320 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 97 %



321 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 95 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Abloux - % Lignée Vienne 1



322 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 94 %



323 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 94 %



324 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 87 %



325 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 81 %



326 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 95 %



327 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 92 %



328 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 87 %



329 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 97 %

ÉTUDE GÉNÉTIQUE - Abloux - % Lignée Vienne 1



330 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 96 %



331 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 92 %



332 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 91 %



333 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 95 %



334 - 2018 09 12 Abloux BAZAIGES Villebuxière - 86 %



335 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 89 %



336 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 71 %



337 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 81 %



338 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 96 %



339 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - Vienne 1 - 31 %



340 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 51 %



341 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 80 %



342 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 69 %



343 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - lignée aval 39 %



344 - 2018 11 15 TRF LE TALBAT - 79 %



345 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 85 %



346 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 63 %



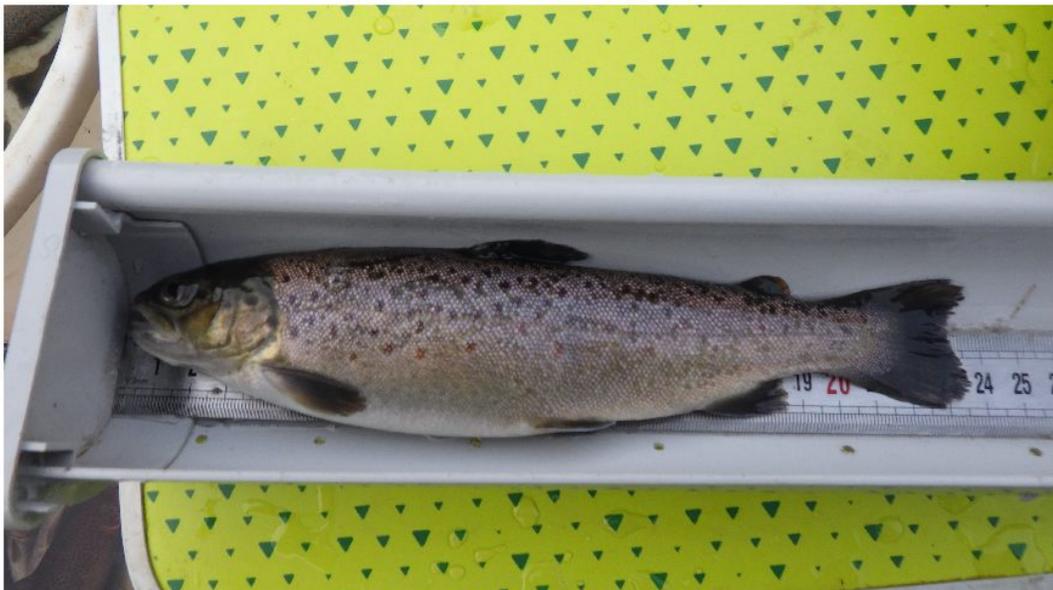
347 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 29 %



348 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 95 %



349 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 62 %



350 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 41 %



351 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 78 %



352 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 71 %



353 - 2018 11 13 TRF Le Verger - 94 %