

# Composition génétique de 30 truites de la Dordogne lotoise

-  
Rapport SOZY



La Dordogne au pont de Meyronne © Jean-Michel Bourdet

Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**

Genome-Recherche & Diagnostic, 697 avenue de Lunel, 34400 Saint-Just

Boîte vocale: 04 67 52 47 82,

Mél: [patrick.berrebi@laposte.net](mailto:patrick.berrebi@laposte.net)

Site web: <https://websself-genome-rd-64.websself.net>

Analyses moléculaires: **David SCHIKORSKI**

Laboratoire Genindexe, 4 Rue Théodore Botrel, 22603 Loudéac Cedex

Tél: 02 96 28 63 43, Mél: [d.schikorski@genindexe.com](mailto:d.schikorski@genindexe.com)

## 1. Introduction

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

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

## 2. Les échantillons analysés

Les 30 fragments de nageoires dans l'alcool des truites de Dordogne ont été livrés à Labofarm (correspondant David Schikorski) le 1er août 2019 par l'Association Agréée de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) de Saint-Sozy, Lot (président Jean-Michel Bourdet). L'étude statistique a été effectuée par le bureau d'étude Génome-Recherche & diagnostique (directeur Patrick Berrebi).

Carte	Stations	Année de capture	Effectif	Rapports	N° GRD d'échantillon	N° GRD des individus
1	Dordogne (St Sozy)	17/19	30	SOSY	L871	T33608-T33637
2	Dordogne (Carennac)	2014	10	LOT5	L643	T27706-T27715
3	Dordogne (Astailac)	2014	22	LOT5	L642	T27684-T27705
4	Cère (Orgues)	2012	25	LOT3	L045	T24636-T24660
5	pisciculture du Colombier	2010	30	LOT1	L372	T19346-T19375
6	pisciculture Isère	2008	30	GSALM2	L266	T16926-T16955

*Tableau 1 : Détail des échantillons analysés. En jaune l'échantillons nouveau de 2017-2019; en blanc les échantillons de référence servant aux comparaisons; en gris les références domestiques.*

Les analyses statistiques nécessitent de comparer les génotypes des 30 truites des environs de Saint-Sozy avec ceux de truites de type connu. Ainsi, aux échantillons de 2017-2019 ont été rajoutés deux échantillons amont de la Dordogne et un de la Cère ainsi que deux échantillons de truites domestiques commerciales dont un de la pisciculture fédérale du Colombier sur le Bervezou, ce qui permettra de détecter l'impact des repeuplements. Les caractéristiques des échantillons analysés sont détaillées au Tableau 1 (voir le Tableau 3 pour plus de détails). Leurs localisations sont précisées à la Figure 1.



**Figure 1 :** Position géographique des stations échantillonnées. Les chiffres réfèrent à la première colonne du Tableau 1.

### 3. Les méthodes moléculaires

Les techniques biomoléculaires permettent d'extraire l'ADN contenu dans les nageoires. Par amplification et migration sont révélés les variants héréditaires (allèles) portés par chaque truite au niveau d'endroits connus 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 sont assurés par Labofarm, laboratoire privé en Bretagne. Les locus sont d'abord amplifiés (par PCR) puis l'ADN est mis à migrer en gel d'acrylamide dans les capillaires du séquenceur. La taille des ADN amplifiés est mesurée afin de nommer les allèles. 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 sur un graphique chaque truite en fonction de l'ensemble de ses caractéristiques génétiques (génotypes). La méthode choisie est l'Analyse Factorielle des Correspondance (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.

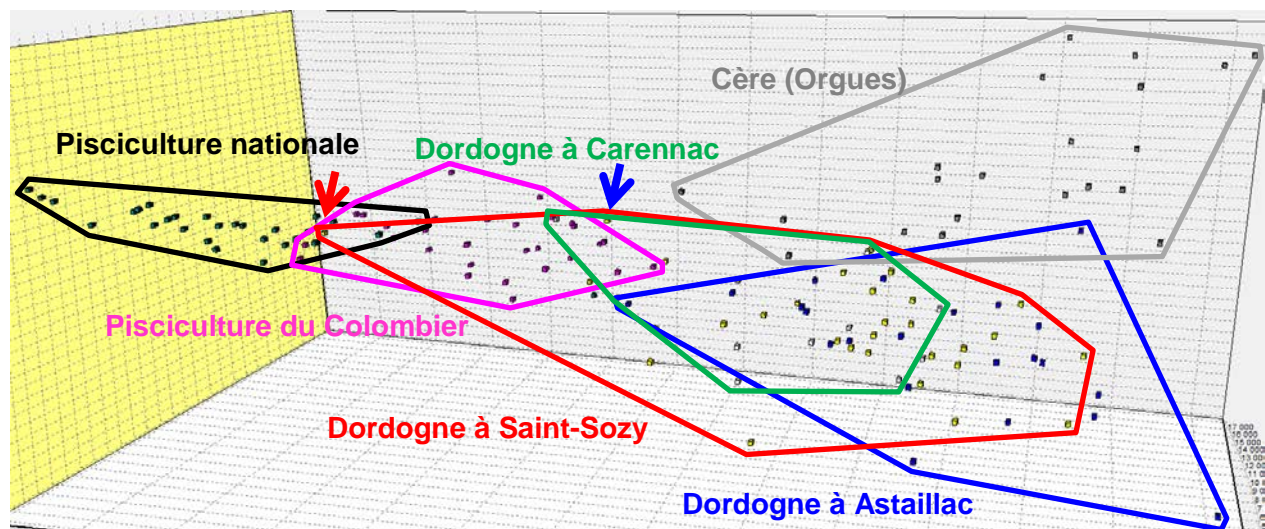
- *L'analyse d'assignation* permet de découper l'échantillonnage global en sous-groupes qui sont les lignées présentes. Cette méthode plus délicate d'emploi a l'avantage de chiffrer (%) la composition de chaque échantillon en différentes lignées. L'analyse d'assignation est effectuée avec le logiciel STRUCTURE. Le nombre objectif de sous-unités est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER (aide à la décision);

- *Diversité génétique et panmixie* sont deux mesures utiles. La bonne santé et donc la survie future d'une population, surtout dans un contexte de réchauffement, 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 analyse génétique par AFC (Figure 2) montre les cinq échantillons pris en compte repérés par des polygones. On observe une organisation horizontale décrivant l'influence des piscicultures (truites domestiques à gauche, sauvages à droite) et une organisation verticale décrivant les différences génétiques entre échantillons de rivière. La flèche rouge désigne une des truites domestiques et la bleue une des truites hybrides proche du 50/50 à Saint-Sozy.



**Figure 2** : Analyse multidimensionnelle (AFC) disposant toutes les truites considérées d'après leurs caractéristiques génétiques.

Ce débroussaillage nous dit déjà que ces grandes truites pêchées dans la Dordogne sont en grande majorité sauvages, que ce soit à Saint-Sozy ou plus en amont aux niveaux de Carennac ou Astaillac (mais aussi dans la Cère). Il y a cependant des exceptions avec des truites nées en pisciculture et d'autres issues d'hybridation sauvage/domestique.

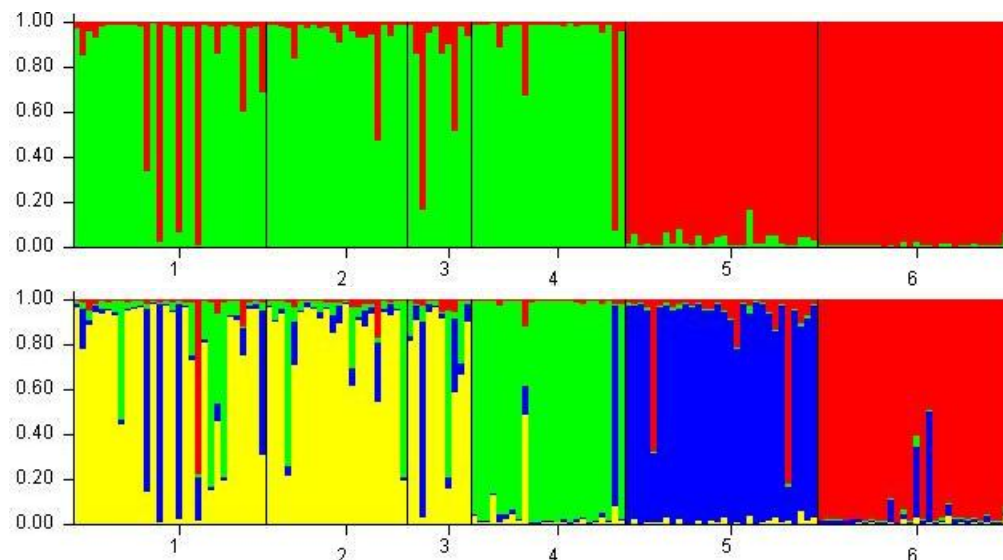
## 5.2. Chiffrage par assignation

L'analyse d'assignation permet de classer et de chiffrer la composition génétique de chaque échantillon et de chaque truite. Ici les tests ont comporté 50 000 itérations sans enregistrement (=burn'in) et 100 000 avec enregistrement. Cette méthode par apprentissage (intelligence artificielle) a été répétée 5 fois pour chaque valeur de K (= nombre de sous-groupes imposés) allant de 1 à 5. Selon STRUCTURE HARVESTER, le découpage le plus informatif est obtenu pour K = 2. Cependant les autres découpages sont intéressants à observer, c'est pourquoi deux histogrammes sont présentés à la Figure 3.

Les observations faites sur la Figure 2 sont confirmées par cette analyse. Dans la Figure 3, l'histogramme du haut est le plus solide (K=2). Il définit pour chaque truite le rapport sauvage/domestique. Le Tableau 2 traduit cet histogramme en pourcentages.

Le second histogramme de la Figure 3 présente une partition en 4 (K=4) montrant que probablement:

- l'échantillon de la Cère (n°4) est légèrement différent de ceux (homogènes) de la Dordogne;
- les stocks de piscicultures sont légèrement différents entre eux;
- l'influence domestique au niveau de Saint-Sozy provient essentiellement de la pisciculture du Colombier;
- que la Cère déverse une faible proportion de ses truites dans la Dordogne.



**Figure 3:** Histogramme de la composition génétique de chaque truite (fines barres verticales) et de chaque échantillon quand on subdivise l'échantillonnage total en 2 lignes (K=2, histogramme du haut) puis en 4 lignes (K=4, histogramme du bas).

*Signification des couleurs:*

- histogramme du haut: vert = truites autochtones de la Dordogne; rouge = domestiques atlantique;

- histogramme du bas: jaune = Dordogne; vert = Cère; bleu = pisciculture du Colombier; rouge = pisciculture nationale.

Cependant, puisqu'il a fallu pousser le découpage jusqu'à 4 pour faire ces observations et que l'aide à la décision préconise de tenir compte de  $K=2$ , cela signifie que ces informations sont basées sur des différences génétiques très faibles.

Carte	Dordogne	domestique
1	84	16
2	94	6
3	82	18
4	93	7
5	3	97
6	1	99
N° truites	Dordogne	domestique
1	98	2
2	85	15
3	96	4
4	93	7
5	98	2
6	99	1
7	99	1
8	99	1
9	99	1
10	99	1
11	98	2
12	33	67
13	99	1
14	2	98
15	99	1
16	99	1
17	7	93
18	98	2
19	98	2
20	1	99
21	99	1
22	99	2
23	87	13
24	98	2
25	99	1
26	99	1
27	61	39
28	97	3
29	98	2
30	69	31

**Tableau 2:** *Détail des pourcentages d'assignation entre truites sauvages de la Dordogne et truites domestiques des 6 échantillons analysés (tableautin du haut) et des 30 truites de l'échantillon de Saint-Sozy (sous-tableur du bas). Les cellules sont colorées en fonction des valeurs de pourcentage. Un pourcentage égal ou inférieur à 5% est considéré comme du bruit de fond.*

*De ce tableau, on peut déduire:*

*- que les truites 14, 17 et 20 sont nées en pisciculture, ont été déversées quelque part dans la Dordogne, ont survécu et ont probablement dévalé jusqu'à Saint-Sozy;*

*- que des croisements entre truites sauvages et domestiques ont eu lieu, donnant une série d'hybrides: 5 hybrides majoritairement sauvages (n° 4, 23, 2, 30 et 27 respectivement 7, 13, 15, 31 et 39% domestiques) et un hybride majoritairement domestique (la truite 12 est aux deux tiers domestique)*

## **5.2. Diversité génétique et panmixie**

La diversité génétique mesurée avec les paramètres  $H_o$  et  $H_e$  (Hétérozygotie observée et Hétérozygotie calculée sous l'hypothèse de panmixie) est respectivement de 0,57 et 0,69. Ces valeurs sont considérées comme plutôt élevées (de l'ordre de 0,75 à la pisciculture du Colombier et 0,65 à la pisciculture nationale, deux souches considérées comme très polymorphes).

La panmixie, mesurées par le paramètre  $F_{is}$ , donne 0.195, ce qui est élevé et constitue un écart à la panmixie très hautement significatif (\*\*\*) . Ces truites ne se reproduisent pas toutes entre elles au hasard. Ce n'est pas étonnant puisque plusieurs années ont été échantillonnées. Si on sépare 2018 (15 truites) et 2019 (19), on retrouve le même déséquilibre panmictique (un peu plus faible en 2019).

## **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, les connaissances de terrain nous conduisent à rechercher la présence de truites domestiques atlantiques de la souche nationale, très souvent utilisée par des piscicultures locales. La pisciculture fédérale du Colombier est déjà connue pour être très efficace dans les repeuplements (voir le rapport LOT1). Ceci est confirmé ici si on en croit le second histogramme découpant l'échantillonnage en 4 sous-groupes ( $K=4$ ): les truites nées en pisciculture (n° 14, 17 et 20) se remarques par leurs point rouges, souvent gros (mais des truites sauvages peuvent en avoir aussi). Globalement, il y a une certaine corrélation (non parfaite) entre impact des souches domestiques et présence de gros points rouge (Tableau 3). Les truites hybridées (dont la composition en lignée domestique dépasse 5%) sont au nombre de 6 dont le n°12 est majoritairement domestique (avec de gros points rouges, voir Tableau 3). Tous ces apports domestiques proviennent de la pisciculture du Colombier à l'exception de la truite 20 (et de quelques traces chez les autres hybrides). Les 99% domestiques de la truite n°20 comprennent 21% du Colombier mais 78% de la souche commerciale nationale.

### **6.2. La lignée sauvage "Dordogne"**

C'est la première fois que cette lignée "Dordogne" a été si nettement détectée. Cette lignée sauvage forme la majorité de la composition génétique des truites pêchées autour de Saint-Sozy. On peut donc dire que pêcher dans la Dordogne autour de Saint-Sozy permet de capturer de grandes truites sauvages (ici de 30 à 50 cm).

Au moins dans le lit principal de la Dordogne, les analyses génétiques mettent en question les repeuplements en souche (locale - nationale) domestiques. On ne retrouve presque pas, dans les truites de rivière, la participation de ces truites de repeuplement dans la reproduction. Tout au plus, cette participation est chiffrée à 6,4%, mais seules les truites hybrides sont concernées puisqu'on ne sait pas si les truites nées en pisciculture dans l'échantillon de Saint-Sozy participent à la reproduction en rivière.

N°	Station	Date	Taille (cm)	Remarques	Lignée Dordogne	Lignée domestique	N° GRD
1	Dordogne (Bougayrou)	12/09/2017	36	-	98	2	T33608
2	Dordogne (Port de Laveyssière)	12/09/2017	55	-	85	15	T33609
3	Dordogne (Creysse)	11/03/2018	43	-	96	4	T33610
4	Dordogne (Creysse)	11/03/2018	35	Argentée . Points noirs	93	7	T33611
5	Dordogne (St-Sozy le port)	13/03/2018	40	-	98	2	T33612
6	Dordogne (St-Sozy le port)	16/03/2018	51	Rares points rouges	99	1	T33613
7	Dordogne (Bétaille)	18/03/2018	51	-	99	1	T33614
8	Dordogne (Bétaille)	18/03/2018	45	Rares points rouges	99	1	T33615
9	Dordogne (Concasseur)	22/03/2018	39	-	99	1	T33616
10	Dordogne (Blanzaguet)	26/03/2018	45	Points rouges nombreux	99	1	T33617
11	Dordogne (Blanzaguet)	29/03/2018	39	Argentée rares points rouges	98	2	T33618
12	Dordogne (Meyronne)	24/04/2018	47	Gros points rouges	33	67	T33619
13	Dordogne (Port de Creysse)	27/04/2018	39	Points rouges	99	1	T33620
14	Dordogne (Bougayrou)	28/04/2018	36	Gros points rouges	2	98	T33621
15	Dordogne (St-Sozy le port)	15/05/2018	51	Taches noires	99	1	T33622
16	Dordogne (Blanzaguet)	23/05/2018	50	Points rouges	99	1	T33623
17	Dordogne (Pas du buis)	10/09/2018	30	Points rouges . Suspecte	7	93	T33624
18	Dordogne (Pas du buis)	11/03/2019	30	Points rouges. Suspecte	98	2	T33625
19	Dordogne (Concasseur)	12/03/2019	50	Points noirs . Chair très rouge	98	2	T33626
20	Dordogne (Chez Josette)	15/03/2019	40	Points rouges	1	99	T33627
21	Dordogne (Pinsac)	16/03/2019	40	Points noirs	99	1	T33628
22	Dordogne (Concasseur)	21/03/2019	40	Points noirs	99	2	T33629
23	Dordogne (Bécasse)	27/03/2019	45	Gros points noirs	87	13	T33630
24	Dordogne (Wagon)	20/04/2019	49	Points noirs	98	2	T33631
25	Dordogne (Peupliers de canard)	29/04/2019	40	Points noirs	99	1	T33632
26	Dordogne (Chez Coco)	08/05/2019	43	Gros points noirs	99	1	T33633
27	Dordogne (Jaral)	18/05/2019	40	Gros points noirs	61	39	T33634
28	Dordogne (Port de Creysse)	18/05/2019	36	Gros points noirs	97	3	T33635
29	Dordogne (Port de Creysse)	27/05/2019	35	Points rouges	98	2	T33636
30	Dordogne (Concasseur)	26/06/2019	34	Points noirs	69	31	T33637

**Tableau 3:** Mise en relation des caractéristiques écologiques des truites de Saint-Sozy (lieu de pêche, taille, robe) et des caractéristiques génétiques. Les cellules en rouge mettent en relief la présence de taches rouges dans la robe des truites.

En conclusion, la Dordogne lotoise est peuplée en majorité de grandes truites sauvages qui ne doivent presque rien aux repeuplements.

Ce résultat devrait impliquer un changement de la gestion halieutique de la Dordogne.

Fait à Montpellier le 20 août 2019



## 7. Références bibliographiques citées

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

**Berrebi P, Cherbonnel C. 2009.** Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme Genesalm - tome 1 - version du 15 décembre 2009: Université Montpellier 2, rapport de contrat du projet Genesalm, 22p. ([GSALM2](#))

**Berrebi P, Cherbonnel C. 2011.** Etude génétique des populations de truites communes (*Salmo trutta* L.) du bassin versant de la Bave (sous-bassin de la Dordogne, département du Lot) - Rapport [LOT1](#) de novembre 2011. 5.

**Berrebi P, Shao Z. 2013.** Analyse génétique des truites du Mamoul, de la Cère et affluents (département du Lot) - Projet [LOT3](#) - Rapport de mai 2013: Etude pour la FD46, Université Montpellier 2. 12p.

**Berrebi P, Schikorski D. 2015.** Analyse génétique des truites de la Dordogne lotoise et des affluents Ouyse, Borrèze et Céou - Rapport [LOT5](#): Rapport d'analyses pour la FD46, Université de Montpellier. 10p.



*La Dordogne à Saint-Sozy*