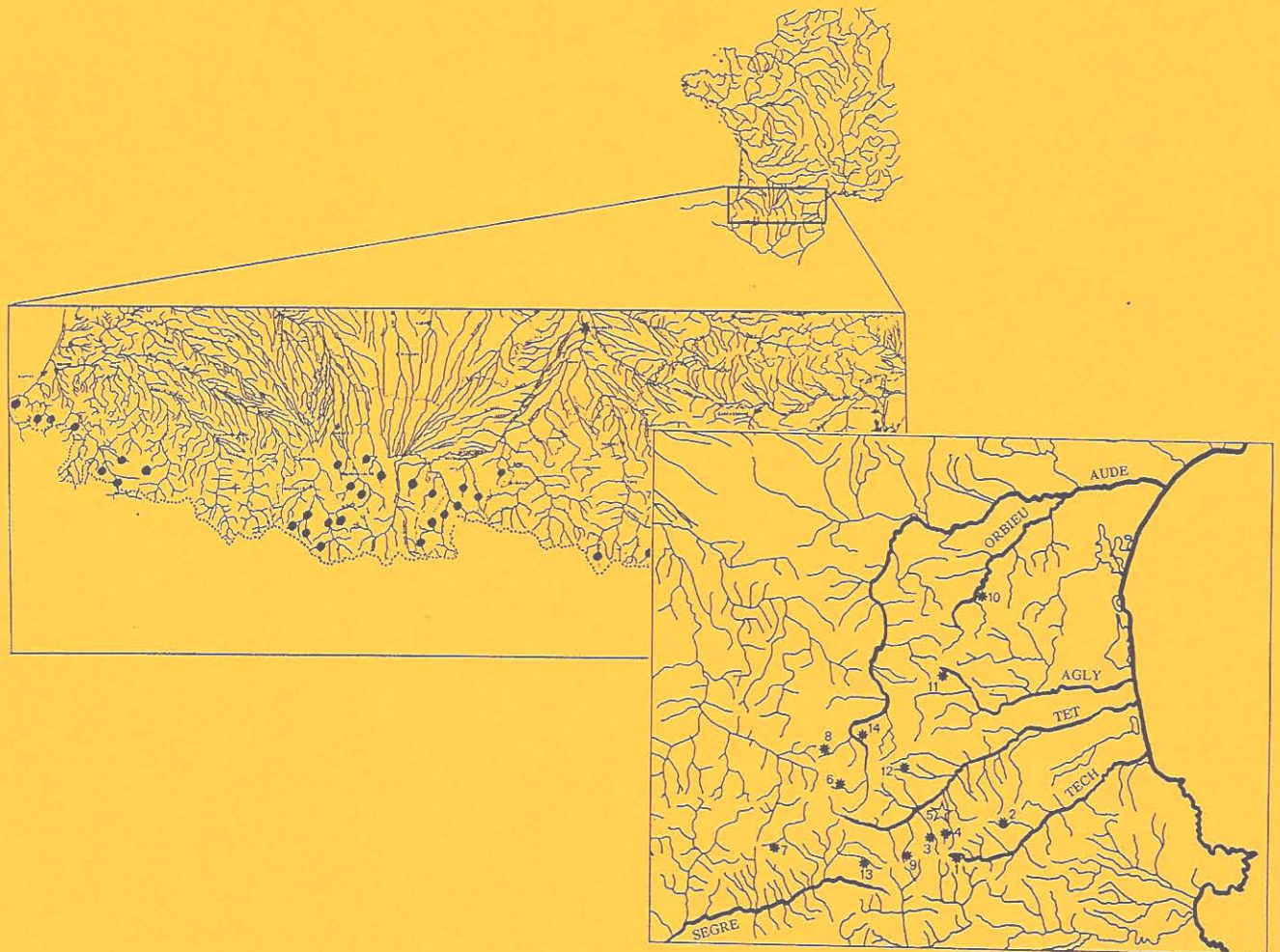


BERREBI

ANALYSE GENETIQUE DES TRUITES *FARIO*
DES RIVIERES MEDITERRANEENNES
DES PYRENEES FRANÇAISES
marqueurs enzymatiques

RAPPORT DE SYNTHÈSE 1995



Patrick BERREBI, mars 1995

Laboratoire GENOME ET POPULATIONS
Université Montpellier 2

CC063

place E. Bataillon

34095 MONTPELLIER CEDEX 05

RÉS-A-PART 1251

P. BERREBI

RAPP

AVERTISSEMENT

Le rapport que vous avez entre les mains est le compte rendu de recherches commandées au Laboratoire Génome et Populations par des organismes demandeurs. Il ne s'agit donc pas d'une publication scientifique proprement dite.

*La propriété des données décrites ici est double : elle appartient aux l'organismes demandeurs de l'étude et aux scientifiques producteurs des données. Cette double propriété entraîne des obligations : en aucun cas l'ensemble ou une partie de ce document ne peut être reproduit sans l'accord des deux parties, et en particulier, **toute reproduction des données de ce rapport par la presse doit faire l'objet d'un accord des deux parties.***

**ANALYSE GENETIQUE DES TRUITES *FARIO*
DES RIVIERES MEDITERRANEENNES
DES PYRENEES FRANÇAISES**
marqueurs enzymatiques

RAPPORT DE SYNTHÈSE 1995

Patrick BERREBI, mars 1995

**Laboratoire GENOME ET POPULATIONS
Université Montpellier 2
CC063
place E. Bataillon
34095 MONTPELLIER CEDEX 05**

Introduction

L'analyse génétique des truites des bassins méditerranéens des Pyrénées constitue le troisième volet d'une vaste étude transpyrénéenne qui doit se poursuivre sur plusieurs années et qui a justifié la création de l'association TFP. Les deux premiers volets concernaient l'analyse des truites de l'Adour et des truites d'Andorre qui a été financée en sous-traitance avec le Laboratoire d'Ichtyologie Appliquée de l'ENSA de Toulouse et qui fait l'objet de rapports en préparation, certaines analyses viennent juste d'être terminées.

Les échantillons de truites analysées pour ce rapport proviennent :

- de la campagne de pêche d'**avril 1993** (département des Pyrénées Orientales) avec les sites **Tech, Riu Ferrer, Alemany, Campeilles, pisciculture de Sahorre, Lladure et Campcardos,**
- de la campagne de pêches de **juin 1993** (Ariège) avec le site **Boutadiol,**
- du prélèvement de truites de la **Carança** (dissection à la pisciculture de Sahorre) en **décembre 1993,**
- et de la campagne de pêche de **juin 1994** (Pyrénées Orientales et Aude) avec les points **Orbieu, Agly, Nohèdes, Eyne et Aude.**

Les captures et dissections ont été assurées par des équipes mixtes composées de personnels des Fédérations départementales concernées, de généticiens de Montpellier, d'ichtyologistes de l'ENSA de Toulouse et de quelques bénévoles.

Les positions géographiques de chaque point d'échantillonnage sont présentées à la figure 1.

Les analyses et les lectures de gels ont été effectuées par Ghislaine Cattaneo-Berrebi, Marianne Fissier et Chantal Poteaux, l'interprétation et la rédaction des résultats par Patrick Berrebi.

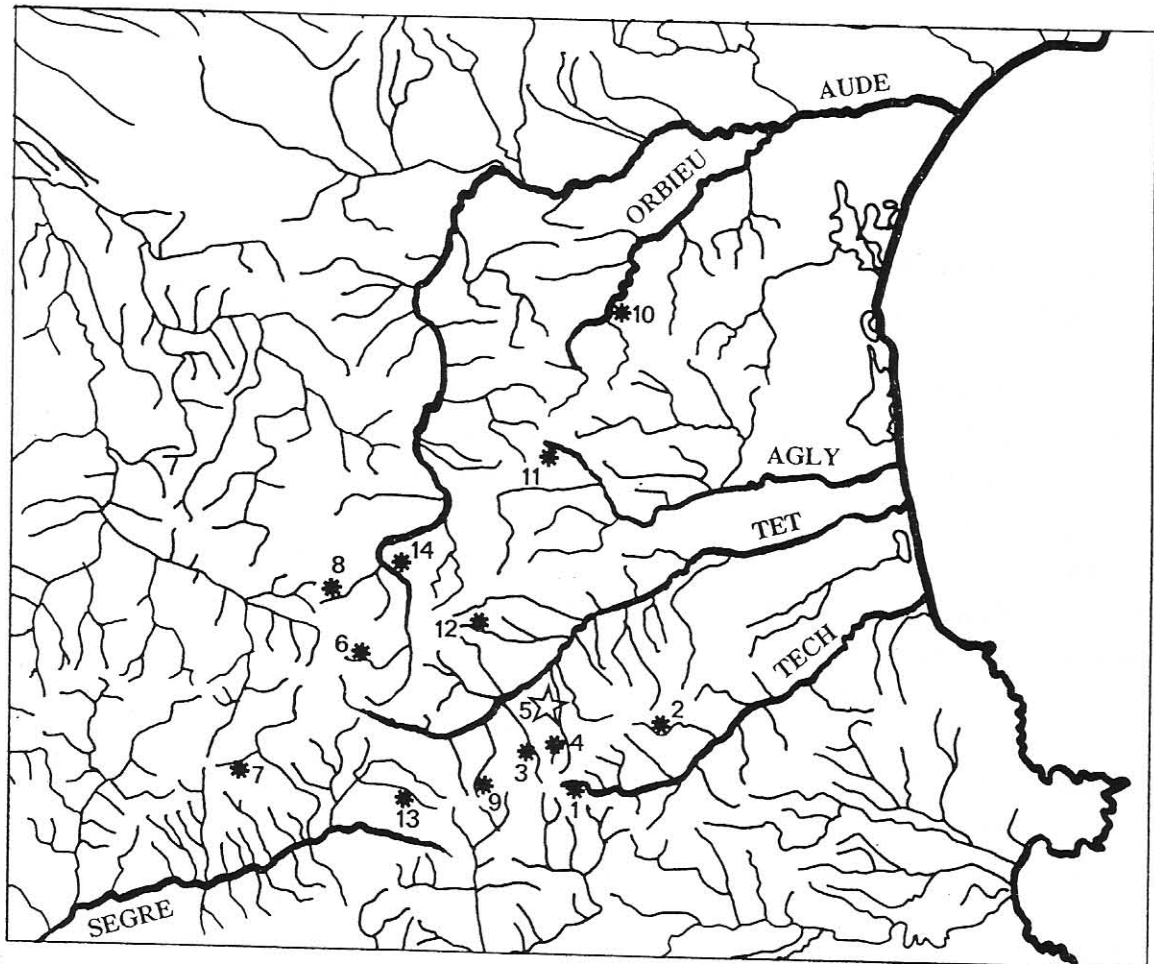


Figure 1 : situation géographique des stations échantillonnées. Les numéros des stations de cette carte été donnés suivant l'ordre chronologique des pêches :

En avril 1993 : 1 = Tech, 2 = Riu Ferrer, 3 = Alemany, 4 = Campeilles, 5 = pisciculture de Sahorre, 6 = Lladure et 7 = Campcardos;

en juin 1993 : 8 = Boutadiol;

en décembre 1993 : 9 = Carança;

en juin 1994 : 10 = Orbieu, 11 = Agly, 12 = Nohèdes, 13 = Eyne et 14 = Aude.

D'un point de vue financier, les frais de salaire (important pour une étude de plusieurs centaines de truites) ont justifié la participation des organismes suivants :

- l'association TFP (financement 1994)
- le CSP (convention de recherche réf. 93179)
- la CEE (contrats EV5VCT920097 et CIPDCT925119)
- le Club Halieutique (financement 1994)

Des copies du présent rapport leur seront remis.

L'objectif global de ce travail est double :

1 - mesurer l'importance génétique des repoissonnements en truites de pisciculture dans les rivières méditerranéennes des Pyrénées et donc leur efficacité.

En France, les piscicultures entretiennent, dans leur immense majorité, des souches d'origine scandinave. Donc, du point de vue génétique, cela se résume à rechercher l'introgession de **gènes atlantiques** dans un **peuplement ancestral méditerranéen**. Pour ce type de problème, la méthode la plus efficace est l'électrophorèse des protéines enzymatiques. Cette méthode permet de reconnaître des marqueurs moléculaires des deux origines (Atlantique - Méditerranée) sans risque d'erreur (marqueurs contrôlés au niveau européen par de nombreux laboratoires).

Parmi les 31 gènes testés, les plus performants sont :

- la *LDH-5** (ou lactate déshydrogénase 5) extraite de l'oeil présentant la forme (ou allèle) "100" en Atlantique et la forme "105" en Méditerranée;
- la *TF** (ou transferrine) extraite du sérum sanguin avec la forme "100" en Atlantique et la forme "102" en Méditerranée;
- moins efficace mais utile, la *FBP-1** ou (Fructose bi-phosphatase 1) présente la forme 100 essentiellement en Atlantique et la forme 150 essentiellement en Méditerranée, mais il y a des exceptions.

-enfin, tous les marqueurs polymorphes (14 sur les 31 analysés) participent à la description des différences entre souches de pisciculture et populations naturelles, et aident, grâce aux tests statistiques, à confirmer les analyses.

2 - Rechercher des différences génétiques entre populations ancestrales (pour connaître la diversité génétique entre truites ancestrales) et entre truites de pisciculture (pour déceler d'éventuelles origines multiples des souches de repeuplement).

METHODES EMPLOYEES

15 systèmes enzymatiques ont été analysés, fournissant 31 locus présomptifs. Parmi ceux ci, 14 se sont montrés polymorphes sur l'ensemble de l'échantillonnage pris en compte.

Les sites retenus pour la présente analyse sont ceux d'avril 1993 (5 sites et une pisciculture), décembre 1993 (1 site) et juin 1994 (5 sites). Le détail de ces échantillons sont donnés dans le tableau 1 (noms des sites, nombre de truite par site) et leur localisation à la figure 1.

Pour représenter les résultats, deux moyens ont été utilisés :

- un **tableau des fréquences alléliques**, donnant les résultats globaux et montrant, pour chaque échantillon, la proportion des différents allèles, mais aussi le niveau de polymorphisme (richesse génétique),
- des projections graphiques d'une **analyse multidimensionnelle** utilisant toutes les données disponibles et montrant visuellement le classement de chaque truite numérotée.

RESULTATS ET INTERPRETATION

Analyse du tableau de fréquence (tableau 1)

Le tableau de fréquence ci-joint reproduit l'ensemble des données obtenues, présentées sous forme synthétique. D'autre part, le détail des résultats bruts, poisson par poisson, est donné dans le grand tableau en annexe à la fin du rapport.

Comment lire le tableau de fréquences?

Les noms indiqués en gras (**AAT-1***, **AAT-4***, **FBP-1*** etc...) sont les noms des enzymes analysées. Les chiffres en italiques sur la même ligne donne le nombre de poissons analysés (entre 8 et 31) pour chaque enzyme. Les chiffres en dessous (100 et 130; 065, 100 et 130, etc...) sont les noms des différentes formes (ou allèles) que peuvent prendre les enzymes pour chaque poisson. Enfin, les chiffres portés dans le tableau (0.0000, 1.0000, 0.9500 etc...) donnent les fréquences des marqueurs à chaque station d'échantillonnage (par exemple, 50% est indiqué 0.5000 et 3,5% est indiqué 0.0350).

Impact des repeuplements

Les marqueur les plus performants sont la **LDH-5*** et la **TF***. En utilisant ces deux excellents marqueurs, nous pouvons donner un pourcentage moyen de gènes méditerranéens (donc ancestraux, c'est à dire appartenant à ce peuplement de truite tel qu'il était avant que l'homme ne le manipule)

ECHANT.	TECH	RIUFER.	ALEMANI	CAMPEIL.	SAHORRE	LLADURE	CAMPC.	BOUTAD.	CARAN.	ORBIEU	AGLY	NOHEDE	EYNE	AUDE
AAAT-1*	28	26	28	8	15	29	29	30	28	25	13	30	30	30
100	0.9464	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9655	0.9828	1.0000	1.0000	1.0000	0.9231	0.9333	0.9333	0.9167
130	0.0536	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0345	0.0172	0.0000	0.0000	0.0000	0.0769	0.0667	0.0667	0.0833
AAAT-4*	24	27	29	8	14	29	31	30	24	24	13	30	30	30
065	0.1250	0.1296	0.2241	0.0000	0.0000	0.0862	0.1290	0.0167	0.0000	0.1042	0.2692	0.0667	0.0000	0.0000
100	0.8750	0.8704	0.7586	1.0000	1.0000	0.9138	0.8710	0.9833	1.0000	0.8958	0.7308	0.9333	1.0000	1.0000
130	0.0000	0.0000	0.0172	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
CK-1*	28	26	28	8	15	29	29	30	28	25	13	30	30	30
100	1.0000	1.0000	0.8111	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8175	1.0000	0.8000	0.7227	0.9000	0.8175	1.0000
125	0.0000	0.0000	0.1889*	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1825*	0.0000	0.2000	0.2773*	0.1000	0.1825*	0.0000
CK-3	28	28	29	8	15	29	28	30	28	24	13	29	27	28
090	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0536
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9464
FBP-1	28	26	28	6	13	23	19	30	28	23	12	30	26	27
100	0.6071	0.0962	0.8036	0.0000	0.0000	0.4348	0.5316	0.3333	0.0000	0.8913	0.8750	0.8667	0.3077	0.0185
150	0.3929	0.9038	0.1964	1.0000	1.0000	0.5652	0.3684	0.6667	1.0000	0.1087	0.1250	0.1333	0.6923	0.9815
FH-1*	28	28	30	8	14	29	31	27	28	25	13	30	30	30
100	0.7321	0.9821	0.6333	0.8125	0.9286	0.8793	0.7097	0.9444	1.0000	0.8200	0.6538	0.6167	0.8667	1.0000
135	0.2679	0.0179	0.3667	0.1875	0.0714	0.1207	0.2903	0.0556	0.0000	0.1800	0.3462	0.3833	0.1333	0.0000
LDH-5*	28	27	29	8	15	29	29	30	28	22	13	29	27	28
100	0.5893	0.2593	0.7931	0.0000	0.0667	0.3621	0.4138	0.2000	0.0000	0.3864	1.0000	0.7759	0.3333	0.0179
105	0.3750	0.7407	0.2069	1.0000	0.9333	0.6207	0.5862	0.8000	1.0000	0.6136	0.0000	0.2241	0.6667	0.9821
110	0.0357	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0172	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
MDH-1*	28	28	30	8	14	29	23	30	28	25	13	30	30	30
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9667	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
105	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0333	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
MDH-2*	28	28	30	8	14	29	23	30	28	25	13	30	30	30
100	0.8750	0.9821	0.8833	1.0000	1.0000	0.9138	0.9783	0.9667	1.0000	1.0000	0.8077	0.8000	0.9167	1.0000
200	0.1250	0.0179	0.1167	0.0000	0.0000	0.0862	0.0217	0.0333	0.0000	0.0000	0.1923	0.2000	0.0833	0.0000

Tableau 1 (début) : fréquences alléliques à tous les locus analysés. Les fréquences suivies d'une astérisque ont été déduites de la fréquence de leur génotype homozygote en supposant le locus en équilibre panmictique (dit "traitement des allèles nuls")

ECHANT.	TECH	RIUFER.	ALEMANI	SABORRE	LLADURE	CAMPC.	BOUTAD.	CARAN.	ORBIEU	AGLY	NOHEDE	EYNE	AUDE
MDH-3*	28	26	28	15	29	28	30	28	25	13	30	30	30
075	0.2143	0.0192	0.2143	0.0667	0.1379	0.0893	0.3167	0.0000	0.1000	0.1923	0.2167	0.0000	0.0333
100	0.7857	0.9808	0.7857	0.9333	0.8621	0.9107	0.6833	1.0000	0.9000	0.8077	0.7833	1.0000	0.9667
MPI*	7	24	28	13	29	22	30	21	25	13	29	30	30
100	0.7857	0.8542	0.5179	1.0000	0.9138	0.8182	0.9000	1.0000	0.5400	0.3846	0.6724	0.7000	1.0000
105	0.2143	0.1458	0.4821	0.0000	0.0862	0.1818	0.1000	0.0000	0.4600	0.6154	0.3276	0.3000	0.0000
G3PDH-2*	28	26	28	15	29	29	30	28	25	13	30	30	30
050	0.0714	0.0192	0.0893	0.0000	0.0172	0.0690	0.0333	0.0000	0.1400	0.0769	0.1500	0.0000	0.0000
100	0.9286	0.9808	0.9107	1.0000	0.9828	0.9310	0.9667	1.0000	0.8600	0.9231	0.8500	1.0000	1.0000
GPI-2*	28	26	27	15	29	29	30	28	25	13	30	30	30
nul	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.3713*	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	1.0000	1.0000	0.9259	1.0000	1.0000	0.5287	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8167	1.0000	1.0000
200	0.0000	0.0000	0.0741	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1833	0.0000	0.0000
TF*	25	28	29	13	28	26	21	28	25	13	30	27	28
100	0.5200	0.3036	0.8103	0.0000	0.5357	0.6923	0.4524	0.0000	0.7600	1.0000	0.9833	0.3704	0.0000
102	0.4800	0.6964	0.1897	1.0000	0.4643	0.3077	0.5476	1.0000	0.2400	0.0000	0.0167	0.6296	1.0000
Locus monomorphes : AAT-2*, ADH*, IDH-1*, IDH-2*, IDH-3*, IDH-4*, LDH-1*, LDH-2*, LDH-3*, LDH-4*, MDH-4*, 6PGDH*, GPI-1*, GPI-3*, PGM*, SOD*.													
He	0.1066	0.0484	0.1143	0.0105	0.0820	0.0960	0.0745	0.0000	0.0906	0.0868	0.1039	0.0765	0.0128

Tableau 1 (fin) : fréquences alléliques à tous les locus analysés.

Le tableau 2 indique les pourcentages de gènes ancestraux (méditerranéens) dans les différents échantillons. La moyenne est calculée à partir des seuls locus *LDH-5** et *TF** considérés comme des marqueurs fiables de l'origine atlantique ou méditerranéenne.

Le marqueur *FBP-1** donne des pourcentages comparables.

Ces pourcentages moyens seront discutés au dernier paragraphe du rapport.

Ancienneté des repeuplements

Les écarts entre ces deux marqueurs principaux (*LDH-5** et *TF**) sont utilisés ici comme marqueurs de l'**ancienneté des repeuplements** pratiqués. Le principe est le suivant :

si dans un laps de temps assez court, 10% de géniteurs de pisciculture réussissent à participer à la reproduction naturelle d'une population méditerranéenne, 10% de gènes atlantiques seront introduits dans la rivière et des analyses génétiques montreraient 90% de *LDH-5** (allèle 105) méditerranéenne et 90% de *TF** méditerranéenne (allèle 102).

Puis, avec le temps (probablement des dizaines d'années), la dérive et la sélection naturelle vont modifier ces pourcentages. Si les gènes méditerranéens sont mieux adaptés, leur pourcentage va augmenter lentement par mortalité différentielle des truites croisées (les truites porteuses de plus de gènes de pisciculture vivront moins longtemps que les truites croisées portant moins de gènes de pisciculture). Mais les deux marqueurs vont se modifier de façon différente, leur pourcentage vont s'écarter. Donc, plus l'écart sera grand, plus la population aura eu le temps de se modifier et plus les repeuplements auront commencé tôt.

Dans notre cas, il semblerait que les rivières les plus anciennement manipulées soient nombreuses dans le bassin de l'Aude avec un écart moyen inter-marqueurs de 20%. Cette valeur moyenne est nettement supérieure à celles mesurées aux bassins de la Têt (5%) ou du Tech (6%). Le bassin de l'Ebre (Sègre) avec deux points contradictoires, semble hétérogène sur ce caractère.

Hétérozygotie des populations

Le tableau 1 indique également, en dernière ligne, l'hétérozygotie (H_e) ou "diversité génétique". Une hétérozygotie d'environ 0,05 est attendue pour une population méditerranéenne de taille moyenne (exemple type, le Riu Ferrer), le double, soit 0,1, est attendue pour une souche de pisciculture, la forte diversité serait due aux multiples échanges entre piscicultures (exemple type, l'Agly).

Les très faibles valeurs de H_e , observées dans les échantillons de Campeilles, de Sahorre, et de Carança sont normales et dues à la taille très réduite de ces peuplements (effet "goulot d'étranglement"). Par contre, la très faible valeur observée à l'échantillon de l'Aude est anormale et sera discutée plus bas.

	pourcentages estimés de gènes ancestraux				
	LDH-5*	TF*	FBP-1*	moyenne	Ecart
Bassin de l'Aude					
Boutadiol	80	55	67	67	25
Lladure	62	46	57	54	16
Orbieu	61	24	11	43	37
Aude	98	100	98	99	2
Bassin de l'Agly					
Agly	0	0	12	0	0
Bassin de la Têt					
Carança	100	100	100	100	0
Nohèdes	22	2	13	12	20
Alemanys	21	19	20	20	2
Campeilles	100	100	100	100	0
Bassin du Tech					
Tech	41	48	39	45	7
Riu Ferrer	74	70	90	72	4
Bassin de l'Ebre					
Campcardos	58	31	37	45	27
Eyne	67	62	69	65	5

Tableau 2 : les pourcentages de gènes ancestraux des bassins méditerranéens sont calculés pour les trois marqueurs les plus performants. Cependant, les moyennes et les écarts inter marqueurs ne sont calculés qu'avec *LDH-5** et *TF** (*FBP-1*(150)* peut être présent en pisciculture comme le montre les 12% de l'Agly (en gras), pourtant entièrement constitué de truites de pisciculture).

Interprétation des Analyse Factorielles des Correspondances (AFC) :

Composition de l'analyse présentée

Toutes les figures présentées (n° 2 à 5) sont des représentations de la même analyse (AFC). Les figures 2, 3 et 4 utilisent le même "fond" graphique, mais, par soucis de clarté, les enveloppes positionnant chaque échantillon ont été limitées à 5 par figure.

Les caractéristiques de cette analyse sont les suivantes : 356 individus, 32 variables (allèles des locus polymorphes) dont 12 ont été placées en éléments supplémentaires parce que leur faible fréquence provoquait des distorsions. L'inertie des deux premiers axes (construisant le premier plan représenté ici) est respectivement de 38% et 9% (l'inertie de l'axe 3 est de 8%). Cela signifie que l'axe 1 (ici vertical) est de loin le plus informatif.

Le bassin de l'Aude, l'échantillon "Aude" présentant 99% de gènes méditerranéens

indique la zone du plan où se situent les truites autochtone. Les allongements vers le haut des autres enveloppes indiquent la pénétration de gènes de pisciculture. Or deux directions d'allongement sont visibles : vers le haut à gauche, ce que nous appellerons les "piscicultures majoritaires" car, à la densité des points, il est clair que ce type de pisciculture a eu le plus de succès d'introggression, et vers le haut à droite, ce qui représente probablement un apport de piscicultures de type différent est appelé ici "minoritaire". Ainsi, l'échantillon Aude confirme sa composition méditerranéenne quasi-pure, Boutadiol et Orbieu montrent un apport de piscicultures majoritaires et Lladure un apport mixte de piscicultures majoritaires et minoritaires.

Le bassin de la Têt montre les mêmes tendances à la figure 3 : les échantillons de Carança et de Campeilles sont purement méditerranéens et leur position est très proche de celle de l'Aude. L'échantillon de la pisciculture de Sahorre, descendant de première génération de la souche de la Carança en cours d'expérimentation, est également typiquement méditerranéen. Par contre, Alemany a subi une forte influence des piscicultures majoritaires. Nohèdes présente le premier cas où les truites autochtone ont disparu, l'enveloppe ne touchant pas la zone des autochtones, en bas au centre. D'autre part, l'influence des deux types de piscicultures est évidente.

Le bassin du Tech (figure 4) montre un peuplement modérément influencé par les piscicultures majoritaires (Riu Ferrer) et un échantillon, le Tech lui même, fortement influencé par les deux types de pisciculture.

Le bassin du Sègre (Ebre) est essentiellement introgressé par les piscicultures majoritaires (bien que l'Eyne soit légèrement introgressé par l'autre type).

Enfin, **l'Agly** est peuplé uniquement par des truites de pisciculture, de type majoritaire surtout.

La figure 5 représente, sur le même plan, les variables (allèles, ou marqueurs enzymatiques) responsables de cette structuration. La petite enveloppe en bas indique les allèles méditerranéens. Nous retrouvons les locus *LDH-5**, *FBP-2** et *TF**. L'enveloppe du haut représente les marqueurs des deux types de pisciculture : majoritaire à gauche, minoritaire à droite, ce qui explique son allongement horizontal.

Ce qui a été nommé ici "piscicultures majoritaires" et "piscicultures minoritaires" mérite quelques éclaircissements.

Nous constatons grâce à ces analyses, que la structuration **autochtone / pisciculture** est la plus forte, s'allongeant sur l'axe 1, le plus informatif (38%). L'axe 2, moins important (9%), décrit une diversité à l'intérieur des gènes de pisciculture, les échantillons de Lladure et du Tech étant les meilleurs représentants d'une influence mixte.

Cependant, nous ne savons pas exactement ce que représente cette diversité intra-piscicultures. Il peut s'agir effectivement de deux types de piscicultures utilisant des souches différentes. Il peut s'agir de la même pisciculture dont les souches ont évolué par approvisionnement différents en oeufs. Il peut s'agir enfin de repeuplement à partir de souches homogènes, mais une partie des gènes (ceux représentés en haut à droite) seraient rapidement éliminé par la sélection naturelle...

Nous prévoyons, dès que les échantillons prélevés à la pisciculture de Suech seront analysés, de faire une analyse globale incluant les piscicultures de Cauteret, Suech, La Canourgue, Mouline, Fontanelle et des échantillons du Tyrol Italien afin de rechercher l'origine de cette diversité intra-piscicultures.

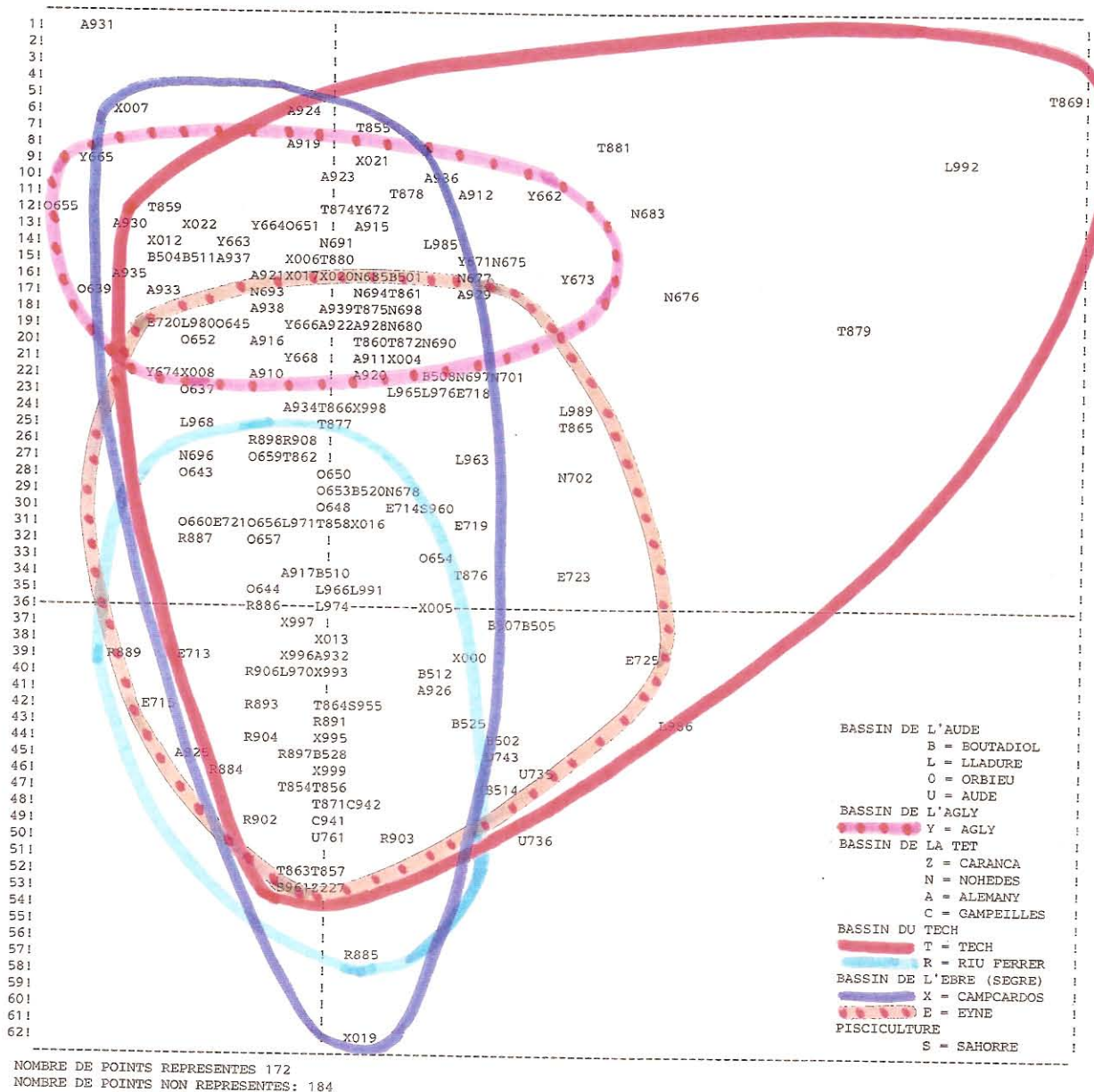


Figure 4 : même analyse (et donc même légende) que la figure 2. Ici, les échantillon des bassins de l'Agly, du Tech et du Sègre (Ebre) sont représentés.

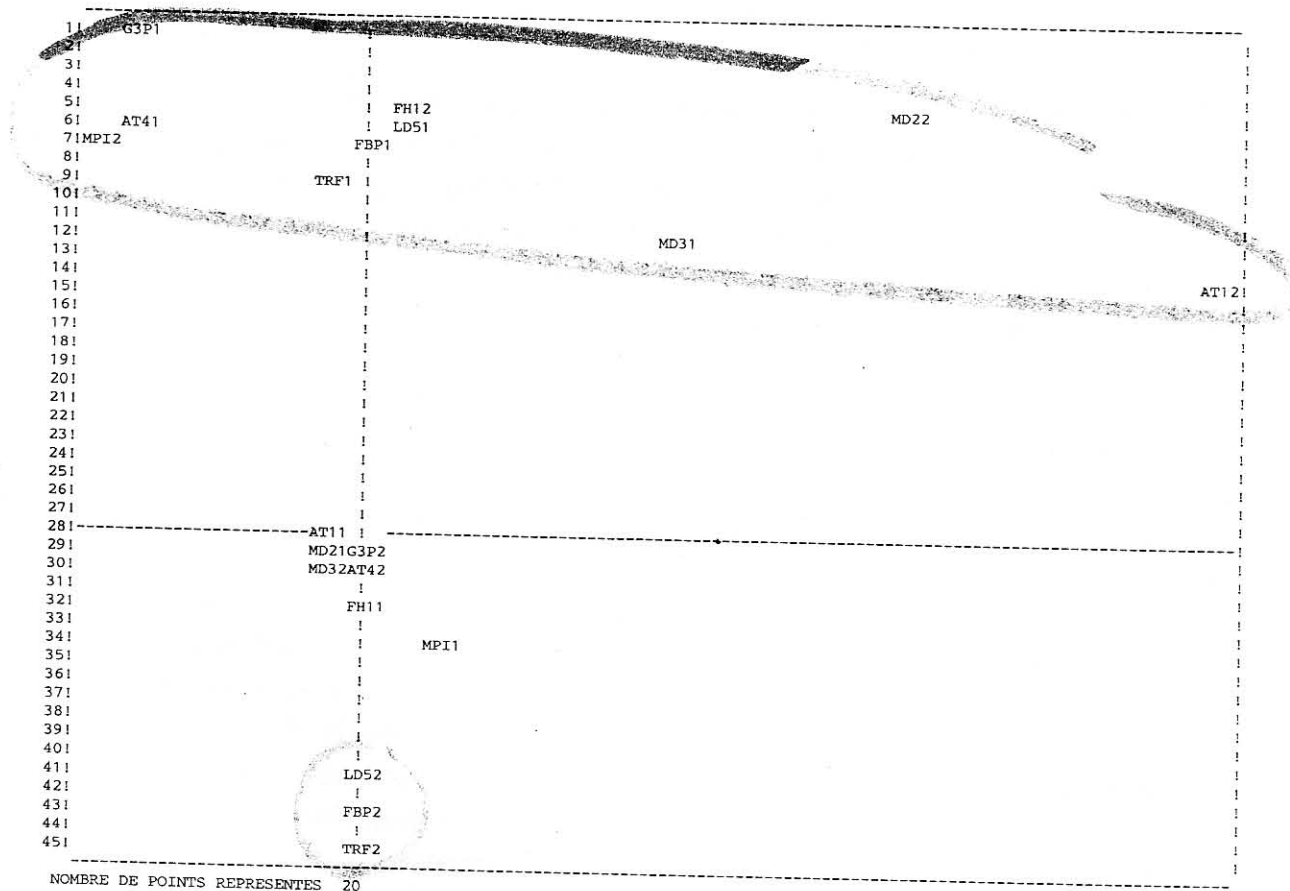


Figure 5 : les variables (allèles enzymatiques) responsables des formes des enveloppes des figures 2, 3 et 4 sont représentées sur le même plan de la même analyse.

Ainsi, aux 3 marqueurs homogènes des truites méditerranéennes (en bas), s'opposent des marqueurs diversifiés de pisciculture, avec une tendance majoritaire (en haut à gauche) et une tendance minoritaire (en haut à droite). Pour plus de détails, voir le texte.

DISCUSSION, CONCLUSION, PERSPECTIVES

Les principaux résultats sont les suivants :

1 - Du point de vue de l'influence des repeuplements à partir de souches de pisciculture classiques (d'origine nordique), les rivières pyrénéennes coulant vers la Méditerranée sont extrêmement diverses : depuis des localités où le peuplement est intact, en altitude (Carança, Campeilles), jusqu'au peuplement entièrement remplacé par des truites de pisciculture Agly), avec bien sûr tous les intermédiaires.

2 - Ce peuplement de l'Agly, composé de truites de pisciculture, plutôt du type "majoritaire", est certainement récent. Ce cours d'eau, essentiellement de plaine, subit de forts échauffements en été. Il est possible qu'aucun peuplement naturel de truite n'ait existé avant l'influence de l'homme.

3 - Le peuplement de l'Aude est énigmatique. Il est composé à 99% de truites autochtones méditerranéennes. Mais il ne s'agit pas à proprement parler d'une localité d'altitude comme pour Carança et Campeilles. C'est même une localité où l'accès est relativement facile et nous sommes habitués à trouver des peuplements mélangés à de tels endroits. D'autre part, l'hétérozygotie (diversité génétique) est remarquablement faible avec une valeur (1,3%) à peine supérieure à celles de Campeilles (1,05%) ou de Carança (0%). Pour ce cas particulier, nous proposons deux hypothèses qui devront être confirmées. La faible hétérozygotie et l'absence de gènes de pisciculture peuvent être dus :

. à une forte contre-sélection des gènes de pisciculture, des conditions particulièrement difficiles ont pu favoriser les truites autochtones;

. la partie de rivière étudiée a pu subir un "goulot d'étranglement" récent, c'est à dire une très forte mortalité (comme pour la rivière de Campeilles) favorisant la recolonisation de la forme autochtone. Un tel cas a été parfaitement décrit en Corse, dans l'Abatesco à la suite des crues catastrophiques de 1989.

Si aucun épisode dramatique (éventuellement dramatique pour les seules truites) n'a été observé dans les quelques dernières années, la première hypothèse est plus probable.

4 - Nous proposons une méthode d'estimer l'ancienneté des pratiques de repeuplement. Ainsi, d'après ces calculs, le bassin de l'Aude serait plus anciennement repeuplé que ceux de la Têt ou du Tech. Ces résultats devraient être mis en rapport avec l'historique des repeuplements dans les départements de l'Aude et des Pyrénées Orientales.

5 - Le peuplement en truites du site Carança est purement méditerranéen. C'est aussi le cas de Campeilles, mais l'effectif est très faible dû à une crue dévastatrice. Aucun alevinages ne semble avoir eu lieu dans le passé. Compte tenu de l'effectif échantillonné, nous pensons que la précision de cette mesure est de l'ordre de 1% (cela signifie que des gènes de pisciculture peuvent nous échapper si leur taux est inférieur à 1%).

Cependant, la faible hétérozygotie de l'échantillon Carança, confirmée par la petite taille de l'enveloppe de la représentation de cet échantillon dans l'AFC (figure 3) mérite une interprétation. Nous observons de telles valeurs chez les petites populations, vivant quasiment dans des ruisseaux de montagne. Cela est dû au faible nombre de géniteurs. La Carança a un peuplement en truites fario digne d'une protection active. En particulier, il serait dommage de la "polluer" avec des truites domestiques. Cependant, une "souche locale" constituée à partir de cette seule rivière présente le risque d'un trop faible polymorphisme génétique dans la mesure où les alevins produits tendront à appauvrir génétiquement les populations d'accueil.

Bien que nous ne connaissions pas précisément les conséquences d'un appauvrissement génétique, nous conseillons par prudence de prélever des géniteurs de plusieurs origines et de les croiser. Campeilles semble un bon candidat, mais une rivière plus éloignée et génétiquement contrôlée serait plus satisfaisante.

6 - Quand au prélèvement d'avril 1993 sur la "souche locale", l'observation des génotypes des 15 individus analysés aux locus *LDH-5** et *TF** (individus 948 à 962, page 6 du tableau en annexe) nous permet d'affirmer que la "pollution génétique" par des gènes atlantiques a eu lieu lors de l'insémination et que cette pollution n'a pas eu lieu à cette génération mais au moins à la précédente.

Les techniques biochimiques sont extrêmement efficaces pour le contrôle de la pureté génétique des produits de pisciculture. L'exemple décrit ci dessus montre avec quelle précision il est possible de reconstituer l'histoire d'une anomalie.

Patrick BERREBI,
fait à Montpellier, le 22 mars 1995

Annexe : tableau des résultats bruts, poisson par poisson.