

BERREBI

**ETUDE GENETIQUE DES TRUITES
DES AFFLUENTS DU HAUT HERAULT :
VIS, BREZE, LAUROUNET, LERGUE
ET SOULONDRE**

rapport technique
décembre 1995

Patrick BERREBI
Laboratoire Génome et Populations
URA 1493 du CNRS
Université Montpellier II
cc063
place E. Bataillon
34095 MONTPELLIER CEDEX 05

TIRÉS-A-PART 1253

P. BERREBI

**ETUDE GENETIQUE DES TRUITES
DES AFFLUENTS DU HAUT HERAULT :
VIS, BREZE, LAUROUNET, LERGUE
ET SOULONDRE**

rapport technique
décembre 1995

**Patrick BERREBI
Laboratoire Génome et Populations
URA 1493 du CNRS
Université Montpellier II
cc063
place E. Bataillon**

34095 MONTPELLIER CEDEX 05

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 : elles appartiennent aux 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 parties, et en particulier, **toute reproduction des données de ce rapport par la presse doit faire l'objet d'un accord des parties.***

INTRODUCTION

L'APPMA de Lodève "La Gauloise" (président M. L. RAMONDENC) et l'Association pour la Défense de l'Eau et des Sites de la vallée de la Vis (président M. R. BONIFACE) ont contacté, simultanément et sans concertation, le Laboratoire Génome et Populations de Montpellier, au début de 1994 pour faire analyser des populations de truites de certains affluents du haut Hérault. L'intérêt comparatif de ces deux études étant évident, nous nous sommes accordés pour analyser l'ensemble des échantillons prévus, par les mêmes méthodes, et de traiter les données et faire l'interprétation dans le même rapport. Nous avons en outre reçu l'aide de l'ONF, service départemental de l'Aude.

Les échantillons de truites ont été capturés en juillet-août 1994 et en juillet 95, à la ligne. Les poissons ont été rapidement congelés et portés ainsi au laboratoire.

Au laboratoire, après décongélation, divers organes ont été prélevés sur chaque poisson (yeux, muscle et foie) pour en préparer des extraits enzymatiques. Les analyses biochimiques ont permis de caractériser chaque individu par électrophorèse des enzymes au niveau de 30 locus. Cela signifie que 30 zones de l'ADN (contenu dans les chromosomes et responsable de l'hérédité) ont été indirectement explorées.

COMMENT LIRE LE TABLEAU

Le tableau de résultats ci joint permet un diagnostic précis des échantillons analysés.

- les stations - 1 (Laurounet, 20 truites),
- 2 (Brèze, 10 truites) et
- 3 (Lergue, 10 truites),

échantillonnées par la Gauloise, se situent au nord et au sud de Lodève;

Locus	Population											
	LAUR	BREZ	LERG	VIS1	VIS2	VIS3	VIS4	SOUL	VISA	VISG	CARA	FONT
AAT-1*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	1.000	1.000	1.000	.950	1.000	1.000	1.000	.800	.750	1.000	1.000	.950
130	.000	.000	.000	.050	.000	.000	.000	.200	.250	.000	.000	.050
AAT-4*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	24	30
100	.950	1.000	.800	1.000	.944	.950	1.000	.700	.950	1.000	1.000	.700
065	.050	.000	.100	.000	.056	.050	.000	.150	.050	.000	.000	.300
080	.000	.000	.100	.000	.000	.000	.000	.150	.000	.000	.000	.000
CK-1*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	<u>.293</u>	1.000	1.000	1.000	<u>.553</u>
125	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	<u>.707</u>	.000	.000	.000	<u>.447</u>
FBP-1*	20	10	9	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	.550	.200	.500	.000	.000	.100	.000	.750	.450	.050	.000	.733
150	.450	.800	.500	1.000	1.000	.900	1.000	.250	.550	.950	1.000	.267
FH-1*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	.575	.900	.950	.950	.944	1.000	1.000	.450	1.000	1.000	1.000	.417
110	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.100	.000	.000	.000	.000
135	.425	.100	.050	.050	.056	.000	.000	.450	.000	.000	.000	.583
LDH-5*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
090	.375	.050	.250	.100	.000	.000	.000	.950	.250	.000	.000	.967
100	.625	.950	.750	.900	1.000	1.000	1.000	.050	.750	1.000	1.000	.033
MDH-2*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	29
100	.825	.850	1.000	.950	.944	1.000	1.000	.600	.550	1.000	1.000	.655
200	.175	.150	.000	.050	.056	.000	.000	.400	.450	.000	.000	.345
MDH-3*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	1.000	1.000	1.000	.950	1.000	1.000	1.000	.550	.950	1.000	1.000	.600
075	.000	.000	.000	.050	.000	.000	.000	.450	.050	.000	.000	.400
MPI*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	21	30
100	.775	.800	.650	.000	.056	.300	.550	.550	.500	.500	1.000	.567
105	.225	.200	.350	1.000	.944	.700	.450	.450	.500	.500	.000	.433
G3PD*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	.875	.950	.900	1.000	1.000	1.000	1.000	.900	1.000	1.000	1.000	.783
050	.125	.050	.100	.000	.000	.000	.000	.100	.000	.000	.000	.217
PGI-2*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	.950	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.400	1.000	1.000	.983
200	.050	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.600	.000	.000	.017
PGI-3*	20	10	10	10	9	10	10	10	10	10	28	30
100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.983
106	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.017

Tableau 1 : fréquences alléliques des locus polymorphes, pour les 10 échantillons de l'étude et pour les deux échantillons de référence.

Pour le marqueur *CK-1**, les trois génotypes possibles ne peuvent être obtenus (superposition avec le locus *CK-2**). Les fréquences sont alors recalculées en faisant l'hypothèse de l'équilibre panmictique (valeurs soulignées). Ce problème empêche l'utilisation de ce marqueur pour la construction d'arbres phylogénétiques (voir figure).

les stations - 4 (Vis S1, 10 truites, La Gauloise),
- 5 (Vis S2, 8 truites, ADESV),
- 6 (Vis S3, 10 truites, ADESV) et
- 7 (Vis S4, 10 truites, La Gauloise),
sont situées sur la Vis, respectivement d'amont en aval, en quatre secteurs distincts, généralement isolés les un des autres par des barrages;

les stations - 8 (Soulondre, 10 truites, La Gauloise),
- 9 (Vis Alzon, 10 truites, La Gauloise) et
- 10 (Vis Grenouillet, 10 truites, La Gauloise),
sont des échantillons ajoutés à l'étude en 1995.

les stations - 11 (Carança, P.O., purement méditerranéenne) et
- 12 (Fontanelle, pisciculture du Vaucluse = La Canourgue)
ont été ajoutés à partir des stocks du laboratoire pour servir de références.

Les locus indiqués en gras (*AAT-1**, *AAT-4**, *FBP-1** etc.) sont les noms des enzymes analysées. La ligne indiquée en italiques donne le nombre de poissons analysés pour chaque enzyme. Les chiffres en dessous en tête de ligne (100, 130, 065 etc.) sont les noms des différentes formes que peuvent prendre les enzymes dans chaque poisson : ce sont des allèles. Enfin, les chiffres portés dans le tableau (1.000, .950 ou .000 etc.) donnent les fréquences des marqueurs (allèles) à chaque station d'échantillonnage.

Le marqueur le plus performant est la *LDH-5**, et en particulier, la fréquence de son allèle 105 donne la proportion de truites méditerranéennes, donc ancestrales, dans chaque échantillon.

Ainsi, ce seul marqueur nous dit que le pourcentage de truites ancestrales (méditerranéennes sauvages) est de :

- **100%** (+/- 10%) aux stations **S2, S3, S4** et **Grenouillet** de la Vis
- **95%** (+/- 10%) dans la **Brèze**
- **90%** (+/- 10%) à la station **S1** de la Vis
- **75%** (+/- 10%) à la station **Alzon** de la Vis
- **75%** (+/- 10%) dans la **Lergue** à l'aval de Lodève
- **62,5%** (+/- 5%) dans le **Laurounet**
- **5%** (+/- 10%) dans la **Soulondre**

Ces résultats sont confirmés par le marqueur *FBP-1** qui, bien que moins fiable, donne des valeurs cohérentes. Enfin, l'allèle 050 du locus *G3PDH** provient probablement de pisciculture et ne se trouve pas dans la Vis.

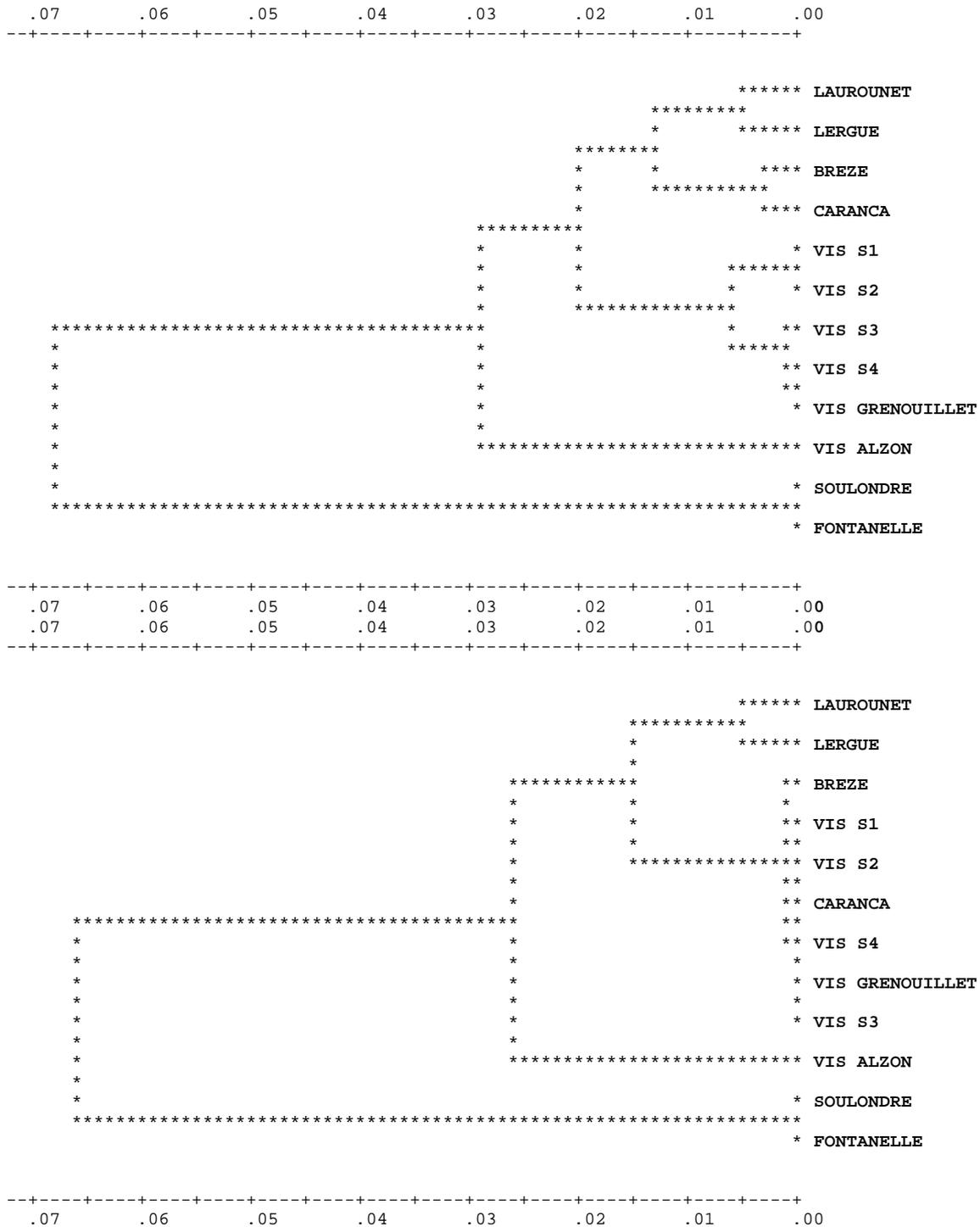


Figure 1 : dendrogrammes UPGMA des distances de Nei. L'arbre du haut utilise tous les marqueurs sauf *CK-1** (tous les génotypes ne peuvent pas être établis) et rapproche la référence Carança des stations Brèze, mais aussi Lergue et Laurounet. Il est apparu que le marqueur *MPI** était responsable de ce résultat. L'arbre du bas n'utilise plus le marqueur *MPI** et est plus cohérent. Ceci confirme que les populations normales de truites méditerranéennes ont une dominance, de l'allèle *MPI*(100)*. La dominance de l'allèle *MPI*(105)* dans la Vis est dû à une réduction violente, dans l'histoire ancienne de cette zone, de l'effectif (goulot d'étranglement) qui peut provoquer une augmentation importante d'un allèle minoritaire.

INTERPRETATION ET CONCLUSIONS

La figure permet de classer les stations en fonction de leur ressemblance génétique, grâce à la construction d'un arbre des distances génétiques de Nei (1978) de type UPGMA. Nous pouvons affirmer que la zone haute de la vis est peuplée de truites quasiment ancestrales. Rares sont les cours d'eau méditerranéens possédant un tel peuplement. D'après notre expérience, il y a la Carança (Pyrénées Orientales, utilisée comme référence) et la Sorgue (Vaucluse).

Dans un esprit de protection de la biodiversité, nous préconisons une protection de cette zone.

Mais quand on analyse la zone haute de la Lergue, on se rend compte que la Brèze a été assez peu influencée par les repeuplements. Son cours est assez isolé de l'aval (2 barrages infranchissables), il faut donc tenir compte de l'histoire locale des déversements, des crues et des assèchements pour comprendre.

Le Laurounet est le plus mélangé avec 38% de gènes de pisciculture. La présence d'un établissement d'élevage de truites à proximité explique probablement ce résultat.

La Lergue, rivière probablement fortement repeuplée, relativement isolée de l'aval et non de l'amont, est classiquement un cours d'eau moyen, ayant subi dans le passé de multiples influences difficiles à analyser.

Enfin, la Soulondre est très fortement introgressée et se rapproche de la composition génétique d'une souche de pisciculture : ici, nous utilisons la pisciculture de Fontanelle (Vaucluse) qui se fournit à La Canourgue.

En observation préliminaire, il semble que les données génétiques soient très corrélées (sauf peut-être dans le Laurounet) aux estimations visuelles de terrain effectuées par M. D. Cambon, et conférant à chaque truite une appartenance apparente au type méditerranéen, au type atlantique (pisciculture) ou au mélange des deux (hybride). Ceci est très encourageant pour poursuivre ce type d'approche dans le but de rédiger un rapport détaillé et probablement une publication scientifique.

Fait à Montpellier, le 8 décembre 1995
Dr. P. BERREBI

**FREQUENCES ALLELIQUES POUR CHAQUE ECHANTILLON
(7 localités, 78 truites)**

LOCUS	ECHANTILLONS						
	1 Allèles LAUROUNET	2 BREZE	3 LERGUE	4 VIS S1	5 VIS S2	6 VIS S3	7 VIS S4
AAT1							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	1.0000	1.0000	1.0000	0.9500	1.0000	1.0000	1.0000
130	0.0000	0.0000	0.0000	0.0500	0.0000	0.0000	0.0000
AAT4							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
065	0.0500	0.0000	0.1000	0.0000	0.0625	0.0500	0.0000
080	0.0000	0.0000	0.1000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	0.9500	1.0000	0.8000	1.0000	0.9375	0.9500	1.0000
FBP1							
(N)	20	10	9	10	8	10	10
100	0.5500	0.2000	0.5000	0.0000	0.0000	0.1000	0.0000
150	0.4500	0.8000	0.5000	1.0000	1.0000	0.9000	1.0000
FH1							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	0.5750	0.9000	0.9500	0.9500	0.9375	1.0000	1.0000
135	0.4250	0.1000	0.0500	0.0500	0.0625	0.0000	0.0000
LDH5							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	0.3750	0.0500	0.2500	0.1000	0.0000	0.0000	0.0000
105	0.6250	0.9500	0.7500	0.9000	1.0000	1.0000	1.0000
MDH2							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	0.8250	0.8500	1.0000	0.9500	0.9375	1.0000	1.0000
200	0.1750	0.1500	0.0000	0.0500	0.0625	0.0000	0.0000
MDH3							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
075	0.0000	0.0000	0.0000	0.0500	0.0000	0.0000	0.0000
100	1.0000	1.0000	1.0000	0.9500	1.0000	1.0000	1.0000
MPI							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	0.7750	0.8000	0.6500	0.0000	0.0625	0.3000	0.5500
105	0.2250	0.2000	0.3500	1.0000	0.9375	0.7000	0.4500
G3PDH							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
050	0.1250	0.0500	0.1000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	0.8750	0.9500	0.9000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
GPI2							
(N)	20	10	10	10	8	10	10
100	0.9500	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
200	0.0500	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000