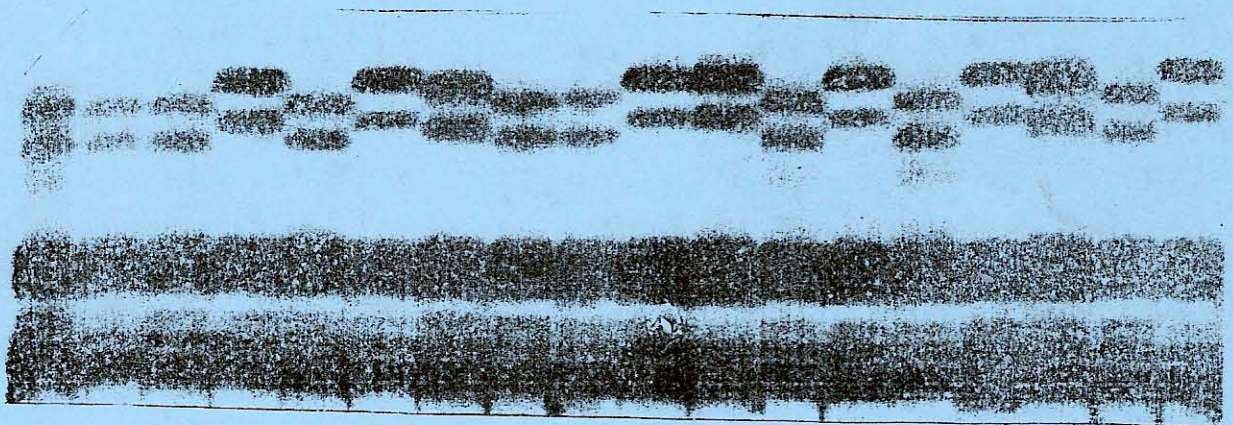


ETUDE GENETIQUE DES TRUITES FARIO DE LA SORGUE

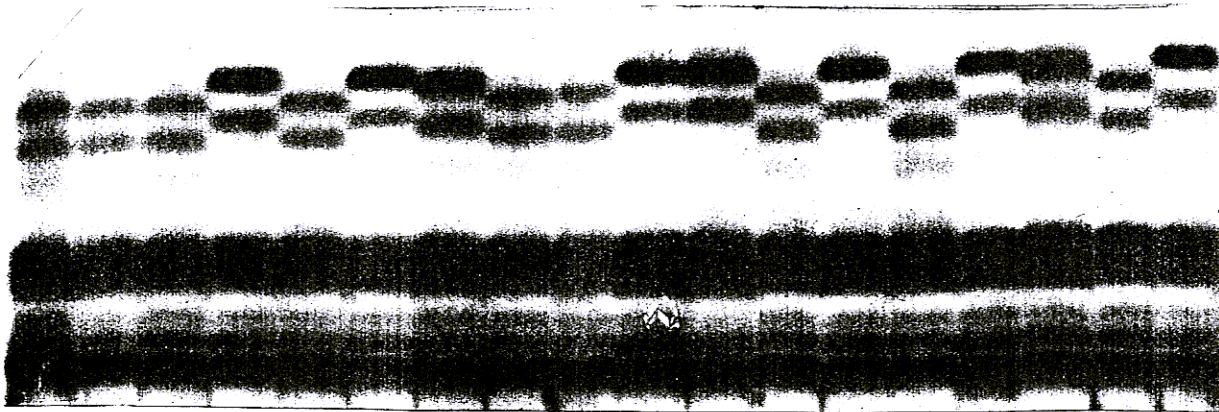
rapport final
février 1995



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

ETUDE GENETIQUE DES TRUITES FARIO DE LA SORGUE

rapport final
février 1995



Sur cette photographie de gel d'amidon (support des électrophorèses), nous distinguons les LDH-1 (taches les plus basses), les LDH-3* et LDH-4* au centre, et la fameuse LDH-5* en haut. Chaque colonne correspond à une truite. Les trois premières truites sont de type atlantique (A) avec l'allèle lent 100, la quatrième est de type méditerranéen, avec l'allèle 105 rapide, la septième est de type hybride (H) avec les deux allèles simultanément.*

Ainsi, sur ce gel, nous pouvons lire les génotypes suivants (de gauche à droite) :

A A A M A M H A A M M A M A M H A M

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

INTRODUCTION

En juin 1994, Monsieur P. Carcuac, président de la Fédération Départementale des AAPPMA du Vaucluse, confiait au Laboratoire Génome et Populations de l'Université des Sciences de Montpellier (Université Montpellier II) une étude génétique de quelques échantillons de truites de la Sorgue. Cette étude est couplée avec une étude démographique et écologique menée par la délégation n°8 du CSP basée à Grabels (Hérault).

Les stations de captures choisies pour l'échantillonnage ont été les suivantes :

Site FONTAINE : partie la plus amont, au niveau de Fontaine de Vaucluse, près de la résurgence, et non aleviné depuis plusieurs années (30 truites échantillonnées);

Site ISLE : partie plus avale, largement alevinée, au niveau de Isle sur Sorgue (32 truites);

Site FONTANELLES : souche de pisciculture courante de la pisciculture des Fontanelles (30 truites).

Les captures ont été assurées par pêche électrique par la Fédération du Vaucluse. Les dissections des 92 truites ont été effectuées à la pisciculture des Fontanelles (près d'Isle sur Sorgue) le 5 juillet 1994 par Dominique Beaudou (CSP), Laurence Blanc (stagiaire CSP) et Patrick Berrebi (CNRS). Les analyses génétiques ont été assurées par Ghislaine Cattaneo-Berrebi, les calculs et l'interprétation par Patrick Berrebi.

METHODE EMPLOYEE

La question posée était l'estimation de l'influence des déversements sur deux points du réseau des Sorgues, à Fontaine de Vaucluse et à Isle sur Sorgue, la pisciculture des Fontanelles étant analysée à titre de référence. 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'introggression de gènes atlantiques dans un peuplement ancestral méditerranéen.

Il convient également de vérifier que la pisciculture servant de relais entretient bien des truites d'origine atlantique.

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 de nombreuses exceptions.

-enfin, tous les marqueurs polymorphes (13 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.

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

-une projection graphique d'une **analyse multidimensionnelle** utilisant toutes les données disponibles et montrant visuellement le classement de chaque truite numérotée.

COMMENT LIRE LE TABLEAU

Le tableau de résultats ci joint permet un diagnostic précis des truites analysées.

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 29 et 32) pour chaque enzyme. Les chiffres en dessous (100 et 130, 065 080 et 100, 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, 3,5% est indiqué 0.0350).

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

<i>LOCUS</i> allèles	<i>ECHANTILLONS</i>		
	<i>FONTAINE</i>	<i>ISLE</i>	<i>FONTANELLE</i>
<i>AAT-1*</i>	30	32	30
100	1.0000	0.9531	0.9500
130	0.0000	0.0469	0.0500
<i>AAT-4*</i>	30	32	30
065	0.0000	0.0625	0.3000
080	0.0000	0.0313	0.0000
100	1.0000	0.9063	0.7000
<i>CK-1*</i>	30	32	30
100	1.0000	0.9063	0.8000
125	0.0000	0.0938	0.2000
<i>CK-3*</i>	30	32	30
087	0.0167	0.0000	0.0000
100	0.9833	1.0000	1.0000
<i>FBP-1*</i>	30	32	30
100	0.0333	0.3594	0.7333
150	0.9667	0.6406	0.2667
<i>FH-1*</i>	30	32	30
100	1.0000	0.7344	0.4167
135	0.0000	0.2656	0.5833
<i>G3PDH-2*</i>	30	32	30
050	0.0000	0.0313	0.2167
100	1.0000	0.9688	0.7833
<i>GPI-2</i>	30	32	30
100	0.9833	1.0000	0.9833
200	0.0167	0.0000	0.0167
<i>LDH-5*</i>	30	32	30
100	0.0000	0.3438	0.9667
105	1.0000	0.6563	0.0333
<i>MDH-2*</i>	30	32	30
nul	0.0000	0.0000	0.1816*
100	1.0000	0.9219	0.5183
200	0.0000	0.0781	0.3001
<i>MDH-3*</i>	30	32	30
075	0.0000	0.0625	0.4000
100	1.0000	0.9375	0.6000
<i>MPI*</i>	30	32	30
100	0.9500	0.6719	0.5667
105	0.0500	0.3281	0.4333
<i>TF*</i>	29	32	30
100	0.0000	0.4844	1.0000
102	1.0000	0.5156	0.0000
He	0.0072	0.0966	0.1163
<i>locus monomorphes : AAT-2*, ADH*, CK-2*, FBP-2*, IDH-1*, IDH-2*, IDH-3*, IDH-4*, LDH-1*, LDH-3*, LDH-4*, MDH-1*, MDH-4*, 6PGDH*, GPI-1*, GPI-3*, PGM*, SOD-1*</i>			

tableau des fréquences alléliques : chiffres en italiques : nombre de truites analysées; fréquence de l'allèle nul (*) : calculée à partir de la fréquence de l'homozygote nul-nul.

gènes méditerranéens (donc ancestraux, c'est à dire appartenant à ce peuplement de truite tel qu'i était avant que l'homme ne le manipule)

échantillon	LDH-5*	TF*	valeur moyenne
FONTAINE	100%	100%	100%
ISLE/S.	65%	52%	59%
FONTANELLES	3%	0%	1,7%

Ces résultats sont confirmés par le marqueur *FBP-1** qui, bien que moins fiable, donne des valeurs cohérentes.

Le dernier paramètre indiqué dans ce tableau est "l'hétérozygotie moyenne". Ce paramètre indique tout simplement la diversité (ou richesse) génétique de chaque échantillon. On estime, d'après notre expérience, que les populations naturelles méditerranéenne de taille moyenne ont une hétérozygotie d'environ 0,05 tandis que les souches de pisciculture atteignent la valeur de 0,10 et souvent la dépassent (ce serait dû aux multiples échanges de souches entre piscicultures dans toute l'Europe). Nous constatons que l'hétérozygotie de la population FONTAINE est environ 10 fois plus faible qu'attendue (voir interprétation).

COMMENT LIRE LE GRAPHIQUE

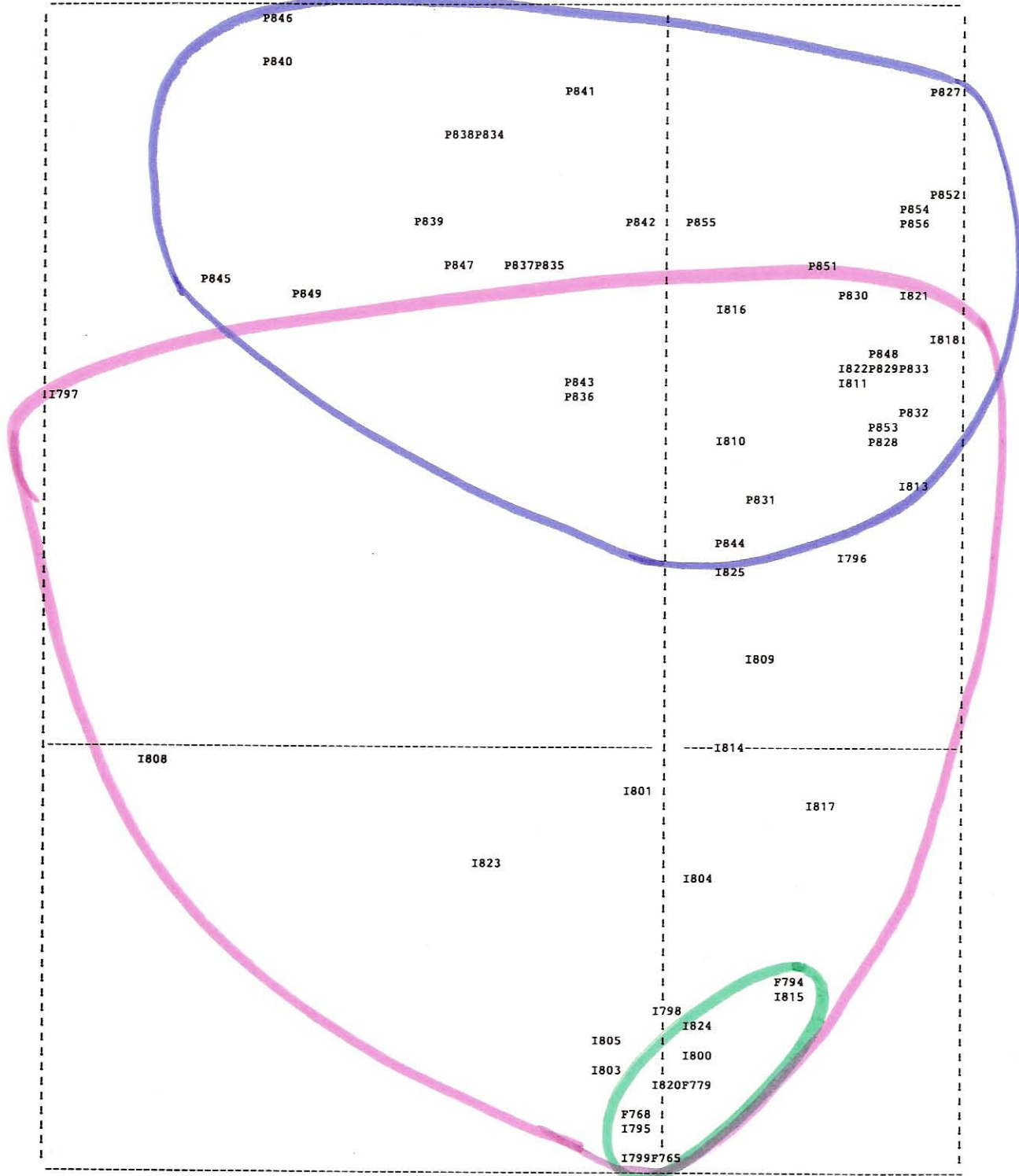
L'analyse effectuée est une Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC. Cette analyse représente chaque poisson par une lettre et quatre chiffres. La lettre F pour FONTAINE, la lettre I pour ISLE et la lettre P pour FONTANELLES. La position de chaque poisson est dû à sa composition génétique. Souvent des points sont superposés montrant que les truites correspondantes ont exactement la même composition génétique.

Pour faciliter la lisibilité du graphique, les truites de chaque échantillon sont entourées d'une ligne (enveloppe).

-Nous voyons que la petite enveloppe du bas correspond aux truites de FONTAINE. Sa petite taille est le reflet de sa faible richesse génétique.

-La grande enveloppe du haut correspond à la souche de pisciculture FONTANELLES.

-L'enveloppe centrale qui recouvre partiellement les deux autres correspond à l'échantillon ISLE. Ceci démontre qu'elle est composée de poissons généralement croisés entre les deux formes possibles : méditerranéenne et domestique.



Analyse Factorielle des Correspondances positionnant chaque truite en fonction de sa composition génétique complète. Chaque truite est représentée par une lettre et trois chiffres. P pour FONTANELLES, I pour ISLE et F pour FONTAINE. De nombreux points sont superposés et non représentés. Les trois enveloppes représentent respectivement de haut en bas FONTANELLES, ISLE et FONTAINE.

INTERPRETATION ET CONCLUSIONS

L'ensemble des résultats nous permet l'interprétation suivante :

1 - le peuplement en truites du site FONTAINE est purement méditerranéen. Alors que des alevinages ont eu lieu dans le passé, pratique arrêtée en ce lieu depuis quelques années, aucune trace de gènes de truites de pisciculture n'est perceptible. 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%).

2 - La souche de pisciculture est tout à fait classique : les souches du sud de la France comprennent souvent un faible taux de gènes méditerranéens parce que les pisciculteurs utilisent quelque fois des mâles sauvages lors des inséminations.

3 - Le peuplement échantillonné au niveau de Isle sur Sorgue est fortement influencé par cette pisciculture ou par des piscicultures équivalentes. Cette "introgression" génétique est d'environ 40%, cela signifie que 60% des gènes de ce peuplement ont gardé leur origine sauvage.

4 - L'ensemble des marqueurs confirment ces trois premiers points (voir tableau), cette cohérence de tous les marqueurs explique la netteté des trois enveloppes, fortement séparées sur la projection graphique (voir graphique).

5 - Cependant, la faible hétérozygotie de l'échantillon FONTAINE, confirmé par la petite enveloppe de la représentation de cet échantillon dans l'AFC (voir graphique) 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 (de l'ordre de la centaine). Bien que nous ne connaissions pas l'effectif du peuplement de la partie amont de la Sorgue, il ne nous semble pas correspondre à ces faibles effectifs de montagne. Il est donc probable que, dans un passé indéterminé (quelques années, un siècle, plusieurs siècles en arrière?) ce peuplement ait subi un "goulot d'étranglement", c'est à dire qu'une forte mortalité ait réduit, ne serait-ce qu'une année, l'effectif à quelques

dizaines de géniteurs. La variabilité génétique qu'a pu contenir un si faible effectif n'a pu être que faible, faiblesse transmise aux descendants dont l'effectif s'est considérablement accru depuis.

En conclusion, nous pouvons dire que Fontaine de Vaucluse a un peuplement en truites fario digne d'une protection active. En particulier, il serait dommage de le "polluer" avec des truites domestiques. Cependant, si une "souche locale" devait être constituée dans la région, une discussion plus approfondie serait nécessaire entre gestionnaires et généticiens pour décider de l'origine des géniteurs.

ANNEXE : résultats des analyses, tableau brut

