

**ANALYSES ALLOZYMiques DES TRUITES CORSES**  
**dans le cadre du protocole n°1165 du CSP (8° délégation) :**  
*ETUDE DE DEUX COURS D'EAU CORSES DEVASTES PAR LES CRUES :*  
*LA SOLENZARA ET L'ORTOLO.*  
*SUIVI DE LA RECOLONISATION PAR LES POPULATIONS DE TRUITES.*

**Rapport décembre 1996**

Décembre 1996

**Patrick BERREBI**  
**Laboratoire GENOME ET POPULATIONS**  
**Université Montpellier 2**  
**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 un organisme demandeur. Il ne s'agit donc pas d'une publication scientifique proprement dite.*

*La propriété des données décrites ici est double : elles appartiennent à l'organisme demandeur 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.***

# **ANALYSES ALLOZYMiques DES TRUITES CORSES dans le cadre du protocole n°1165 du CSP (8° délégation) :**

*ETUDE DE DEUX COURS D'EAU CORSES DEVASTES PAR LES CRUES :  
LA SOLENZARA ET L'ORTOLO.*

*SUIVI DE LA RECOLONISATION PAR LES POPULATIONS DE TRUITES.*

## **Introduction**

Les repeuplements en truites domestiques sont le centre d'un débat très animé entre gestionnaires et scientifiques, en France et dans les pays ayant des pratiques similaires (pays scandinaves, Allemagne, Europe Centrale, Espagne, Italie...)

Les études de 1995 de notre laboratoire ont montré qu'en Corse, plus qu'ailleurs, les formes naturelles de truites avaient résisté aux repeuplements. Une étude publiée en 1995 (Beaudou *et al.*, *Bulletin Français de Pêche et de Pisciculture*, **337**, 259-266) a montré que l'Abatesco, petite rivière du centre-est de la Corse, après les crues dévastatrices de septembre 1989, avait recouvert son peuplement sauvage dès juin 1993 alors que des repeuplements importants y avaient été faits au printemps 1990.

La présente étude concerne le même type de problème (crues catastrophiques, repeuplement ou non par des truites domestiques) : un suivi temporel du peuplement. Le présent rapport est un premier volet "génétique enzymatique" pour les deux cours d'eau analysés : la **Solenzara** et l'**Ortolo**.

## **Matériel et méthodes**

Les premières analyses ont porté sur les truites suivantes :

- Station n°38, Fiumicelli ("pont de Fiumicelli), altitude 158m, bassin de la Solenzara, 22 truites c359 à c380, le 30 septembre 1996.
- Station n° 37, Pont de Calzatoju, Solenzara, altitude 130m, 20 truites c381 à c400, le 1er octobre 1996.
- Station n°36, Ortolo ("pont de Vignaletta), altitude 250m, 20 truites c401 à c420, le 2 octobre 1996.

Les analyses ont porté sur 31 locus enzymatiques, comparables en tout point à ceux analysés dans le rapport de fin 1995.

Le traitement des données a porté sur les fréquences alléliques et le calcul des déficits en hétérozygotes (par les Fis de Wright).

## Résultats

### 1) Fréquences alléliques et polymorphisme

#### Tableau des fréquences alléliques (logiciel Genetix) :

```

Fichier traité : corse5.csv
Nombre de pop. : 3
Nombre de loc. : 31
-----
H exp. = H calculée avec biais
H n.b. = H calculée sans biais (Nei 1978)
H obs. = H observée
P(0.95) = Polymorphisme au seuil 95%
P(0.99) = Polymorphisme au seuil 99%
Seuil xx% => que le locus est considéré comme polymorphe
             si l'allèle le plus fréquent ne dépasse pas xx%
Fis W&C = Fis selon Weir & Cockerham(1984)
R&H = Fis selon Robertson & Hill(1984)

N°      Nom de la population
-----
  1      Fiumicelli
  2      Calzatoju
  3      Ortolo
-----

FREQUENCES ALLELIQUES POUR CHAQUE POPULATION
-----

LOCUS           1           POPULATION
                2           3
-----
AAT 1
(N)              22           20           20
 80              0.0000      0.0250      0.0000
100              1.0000      0.8750      0.9500
130              0.0000      0.1000      0.0500
AAT 2
(N)              22           20           20
100              1.0000      1.0000      1.0000

```

#### Tableau de fréquence : début

AAT 4			
(N)	22	20	20
80	0.0909	0.0250	0.2750
100	0.9091	0.9750	0.7250
ADH			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
CK1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	0.9000	0.7800*
125	0.0000	0.1000	0.2200*
CK2			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
CK3			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
FBP1			
(N)	22	19	20
100	0.3182	0.3947	0.6000
150	0.6818	0.6053	0.4000
FBP2			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
FH1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	0.9750	0.4500
110	0.0000	0.0000	0.1500
135	0.0000	0.0250	0.4000
IDH 1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
IDH 2			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
IDH 3			
(N)	22	20	20
88	0.7727	0.7750	0.0000
100	0.2273	0.2250	1.0000
IDH 4			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
LDH 1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
LDH 3			
(N)	22	20	20
40	0.0455	0.1750	0.0250
100	0.9545	0.8250	0.9750
LDH 4			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000

**Tableau de fréquence : suite**

LDH 5			
(N)	22	20	20
90	0.0227	0.0500	0.9500
100	0.9773	0.9500	0.0500
MDH 1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
MDH 2			
(N)	22	20	20
nu1	0.0000	0.0000	0.0500
100	0.9773	1.0000	0.6250
200	0.0227	0.0000	0.3250
MDH3			
(N)	22	20	20
75	0.0000	0.0000	0.2000
100	1.0000	1.0000	0.8000
MDH4			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
MPI			
(N)	22	20	20
100	1.0000	0.9500	0.6500
105	0.0000	0.0500	0.3500
G3PDH2			
(N)	22	20	20
50	0.0455	0.0000	0.0000
100	0.9545	1.0000	1.0000
6 PGD			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
PGI 1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
PGI 2			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	0.9750
200	0.0000	0.0000	0.0250
PGI 3			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
PGM			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	0.9750
130	0.0000	0.0000	0.0250
SOD 1			
(N)	22	20	20
100	1.0000	1.0000	1.0000
TF			
(N)	20	20	18
80	0.0000	0.0000	0.0556
100	0.0000	0.0250	0.9444
102	1.0000	0.9750	0.0000

**Tableau de fréquence : fin**

HETEROZYGOTIE MOY						
	Hexp.	H n.b.	Hobs	P(0.95)	P(0.99)	Nbre Moyen d'allèles/locus
<b>Fiumicelli</b>	0.0391	<b>0.0400</b>	0.0411	0.0968	0.2258	1.2258
Ecart-type	(0.1017)	(0.1041)	(0.1233)			
<b>Calzatoju</b>	0.0598	<b>0.0614</b>	0.0377	0.2258	0.3226	1.3548
Ecart-type	(0.1197)	(0.1229)	(0.0850)			
<b>Ortolo</b>	0.1067	<b>0.1094</b>	0.0919	0.3226	0.4194	1.4839
Ecart-type :	(0.1845)	(0.1892)	(0.1826)			

**Tableau des paramètres de polymorphisme** (voir signification des paramètres en tête du tableau précédant).

**2) Analyse des Fis** (en excluant *CK1*\* pour lequel tous les génotypes ne peuvent être connus) :

**Fiumicelli** : Fis = -0,0262, p < 0,745 (ns)

**Calzatoju** : Fis = 0,326, p < 0,001 (\*\*\*)

**Ortolo** : Fis = 0,1379, p < 0,028 (\*)

## Interprétation :

*Les locus diagnostiques :*

	LDH3(40)	LDH5(100)	FBP1(150)	TF(80)	TF(102)
<b>Fiumicelli</b>	0,05	0,98	0,68	0	1
<b>Calzatoju</b>	0,17	0,95	0,61	0	0,97
<b>Ortolo</b>	0,02	0,05	0,40	0,06	0

Ils nous indiquent :

- d'après **LDH3\***, que nous sommes en région de truites sauvages méditerranéennes (5 à 17% de gènes "corses");

- que **FBP1\*** n'est pas un bon diagnostique dans ce bassin (non utilisé dans l'interprétation qui suit). Phénomène déjà observé sur le continent. Interprétation : polymorphisme ancestral dans la nature et enrichissement par géniteurs sauvages dans les piscicultures;

- que **Fiumicelli** est quasiment sauvage (moyenne de 1% de gènes atlantiques)

- que **Calzatoju** est un peu plus mélangé, mais très majoritairement sauvage (moyenne 4% de gènes atlantiques)
- que **Ortolo** est quasiment entièrement domestique (moyenne de 95% de gènes atlantiques)

**- Les déséquilibres populationnels :**

Les **Fis** estimés ici donnent une idée de l'équilibre Hardy-Weinberg (valeur positive = déficit en hétérozygotes), leur significativité est calculée par simulation (1000 permutations des allèles) par le logiciel GENETIX (Belkhir et al 1996).

- **Fiumicelli** est en équilibre (normal, population naturelle, hétérozygotie faible "classique" des populations méditerranéennes ( $He = 0,04$ ))

- **Calzatoju** est en fort déséquilibre : important déficit en hétérozygotes! Les locus responsables de ce déséquilibre sont, dans l'ordre décroissant : *MPI\**, *IDH3\**, *AAT1\**, *FBP1\** et *LDH3\**. On ne peut soupçonner d'erreur de lecture (difficile distinction entre hétérozygote et homozygote de l'allèle le plus rare) que pour *AAT1\** et de façon moins probable *FBP1\**, ce qui ne remet pas en question le déséquilibre. Comme ce déséquilibre ne concerne pas les locus diagnostiques, il a une cause probablement naturelle, peut être des migrations d'origines différentes après fortes mortalités locales (effet Walhund) ou à l'opposition entre "méditerranéennes" et "corses" puisque *LDH3\** est impliqué (peu probable). Ici aussi, l'hétérozygotie est faible :  $He = 0,06$ .

- **Ortolo** est en faible déséquilibre. C'était attendu puisque composé essentiellement de truites domestiques. Les locus responsables de ce déséquilibre sont dans l'ordre décroissant : *LDH5\**, *TF\** (ces deux locus montrent une absence totale d'hétérozygotes), *MDH2\** (en fait c'est dû à la présence d'un allèle nul, sous forme homozygote, chez la seule truite sauvage), *FBP1\** et *AAT4\** (déficits modérés).

A l'évidence, le déséquilibre concerne les locus diagnostiques : il est dû aux déversements. Plus précisément, **la truite 3803** (*c404* selon la nomenclature de terrain) est la seule truite sauvage. Elle mesure 226mm (la plus grosse, les autres mesurant entre 103 et 170mm). Possède les génotypes *FBP1*(150/150), *MDH2*(nul/nul) et *TF*(80/80), ce qui la rend très informative :

\* concernant *MDH2*(nul), les rivières corses qui en contiennent, d'après le rapport de fin 95, sont par ordre décroissant le Veraculungu (98% de *MDH2*(nul); 100% de gènes "corses"), Fium'Alto (62%; 51%), Monticci (48%; 17%), Taravo (45%; 21%), San Petru (42%; 9%), Renaju (17%; 26%), Liamone (17%; 51%), c'est à dire des populations généralement mélangées

méditerranéennes/corses avec une majorité méditerranéenne (sauf Veraculungu). Il semble donc bien que ce soit **un marqueur diagnostique "corse"** comme le confirme l'AFC de la page 12 du même rapport (allèle MD21 du bas de la page). \* concernant TF(80/80), le rapport de 1995 détecte la présence de cet allèle "corse" essentiellement dans les bassins du Prunelli et du Taravo (donc zone sud-ouest). L'Ortolo est donc soupçonné de renfermer des truites naturelles "corses" du même type. Le seul point surprenant est que le San Petru (Rizzanese) ne contienne pas d'allèle TF(80).

Enfin, l'hétérozygotie est élevée ( $H_e = 0,11$ ), caractéristique connue des souches de pisciculture.

## Conclusion

Les analyses effectuées dans le cadre du suivi des populations atteintes par des crues catastrophiques en Corse ont montré la richesse d'interprétation qu'on peut atteindre quand la totalité des locus enzymatiques sont traités.

Dans le strict cadre des questions qui ont été posées, il est clair que les deux échantillons capturés dans la Solenzara sont typiquement sauvages, les quelques pourcentages de gènes domestiques ainsi que les déséquilibres de panmixie n'ont rien à voir avec d'éventuels lâchés récents de truites de pisciculture. On peut dire qu'aucune influence récente n'y est décelée.

Pour l'Ortolo, les choses sont diamétralement opposées : à l'exception d'une truite typiquement sauvage, la totalité des truites capturées sont nées en pisciculture. Leur taille permet de dire que leur arrivées dans cette rivière est récente. Aucune trace d'hybridation n'est décelée. Il est donc très intéressant de suivre le peuplement à la même localité au cours des prochaines années.

Fait à Montpellier le 16 décembre 1996  
Patrick BERREBI