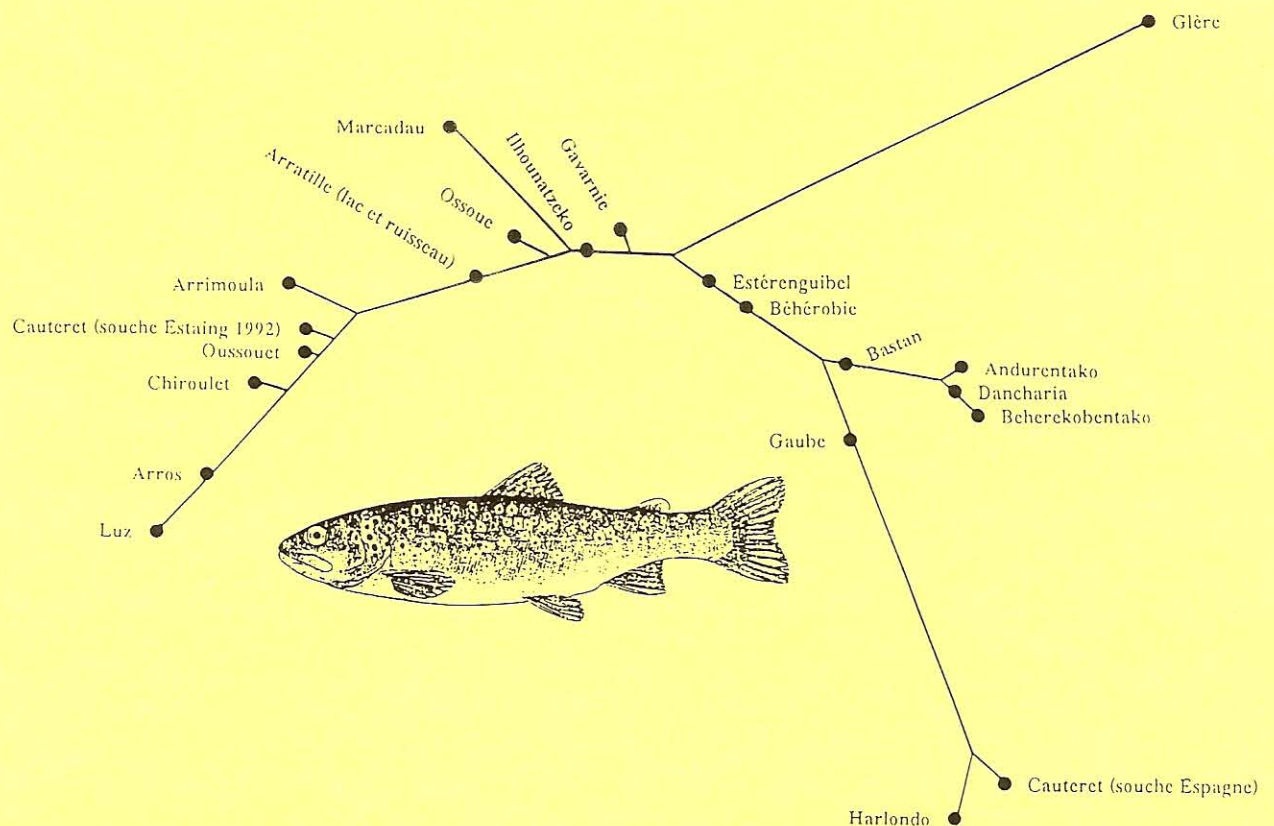


BIODIVERSITE GENETIQUE DES TRUITES *FARIO*
DES BASSINS DE
L'ADOUR, LA NIVELLE ET L'UNTXIN
MARQUEURS ALLOZYMIQUES

rapport de janvier 1997



Patrick BERREBI
Laboratoire Génome et Populations - Université Montpellier II - CNRS

AVERTISSEMENT

Le rapport que vous avez entre les mains est le compte rendu de recherches commandées au Laboratoire Génome et Populations par les 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 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 différentes parties, et en particulier, toute reproduction des données de ce rapport par la presse doit faire l'objet d'un accord des parties.

BIODIVERSITE GENETIQUE DES TRUITES FARIO
DES BASSINS DE L'ADOUR, LA NIVELLE ET L'UNTXIN
MARQUEURS ALLOZYMIQUES

rapport de janvier 1997

INTRODUCTION

Origine du projet

L'analyse génétique des truites des bassins atlantiques des Pyrénées de l'ouest est un projet de longue haleine commencé modestement en octobre 1991 par l'échantillonnage, dans des conditions climatiques difficiles, du petit lac d'Arratille. Ce travail, en collaboration avec le Laboratoire d'Ichtyologie appliquée de l'ENSA de Toulouse a été financé au début sur des contrats obtenus par ce laboratoire.

Le projet s'est rapidement développée à partir de la création de l'association TFP (Association Franco-Espagnole de Promotion de la Truite Fario Pyrénéenne) qui a financé la suite des analyses. Ainsi, grâce à l'Equipe d'Ichtyologie appliquée du Laboratoire d'Ingénierie agronomique de l'ENSAT et à de nombreux bénévoles de ce laboratoire et de généticiens du Laboratoire Génome et Populations de Montpellier, 7 échantillons supplémentaires étaient récoltés en septembre 1992. En juillet 1993, 5 stations étaient pêchées en Haute Garonne. Enfin, en septembre 1993, une campagne supplémentaire de 8 stations permettait de réunir suffisamment d'échantillons pour être représentatifs de la région et donner lieu à ce rapport.

Le point décisif a été l'obtention de financements suffisants et complémentaires en 1995 et 1996 de la part de l'Association TFP, du Club Halieutique, du Conseil Supérieur de la Pêche et du Bureau de Ressources Génétiques. Les nombreux prélèvements attendant dans les congélateurs très basse température (-80°C) ont enfin pu être analysés.

Marqueurs microsatellites

Ces deux derniers financements ont surtout servi à l'analyse des microsatellites des peuplements de truites de l'Orb (Hérault) et du Pays Basque, l'emploi de ce nouveau type de marqueurs étant essentiel pour le progrès de la description de la biodiversité naturelle.

Contrairement aux analyses similaires effectuées sur le versant méditerranéen des Pyrénées Orientales, les allozymes qui font l'objet du présent rapport ne permettent pas de toujours distinguer entre truites sauvages et truites domestiques. Si l'analyse allozymique est un préalable indispensable qui joue bien son rôle de descripteur de la biodiversité, l'analyse par d'autres marqueurs capables de distinguer entre truites sauvages atlantiques et truites de pisciculture (d'origine atlantique) est un projet complémentaire indispensable. Ces recherches qui nécessitent d'importants efforts techniques mais aussi théoriques (pour le traitement statistique de ces nouveaux marqueurs) constituent une activité de "recherche fondamentale" dont les résultats ne sont ni immédiats ni garantis. L'intérêt de ces recherches fondamentales a été bien compris par le Conseil Supérieur de la Pêche et le Bureau des Ressources Génétiques qui ont accepté de les financer à long terme. Ils nous ont permis de réaliser la thèse de Chantal Poteaux (1995) qui a appliqué ces marqueurs dans le bassin de l'Orb; et le DEA de Didier Aurelle (1996) sur des peuplements du Pays Basque. Ce dernier poursuivra ses recherches lors de sa thèse d'université (1996-1999) sur les truites des P.A.

Matériel et méthodes

Echantillonnage

L'échantillonnage, étalé sur deux années, aboutit à un total de 23 échantillons (20 localités distinctes), correspondant à 600 truites, analysées au niveau de 31 locus dont 18 étaient polymorphes, permettant la description de la biodiversité génétique des truites de la région.

Sur le terrain, une trentaine de truites sont capturées par station. Après anesthésie, elles sont photographiées et mesurées pour les besoins des analyses écologiques. Puis elles sont sacrifiées. Les prélèvements d'organes concernent le sang (centrifugé sur le terrain pour séparer le sérum des hématies), les yeux, le muscle et le foie. L'ensemble des prélèvements conditionnés en tubes, sont congelés à très basse température dans un container d'azote liquide (-200°C) et ne seront décongelés qu'au laboratoire lors de l'analyse.

La figure 1 positionne les 20 stations, le tableau I donne les caractéristiques des échantillons et des stations.

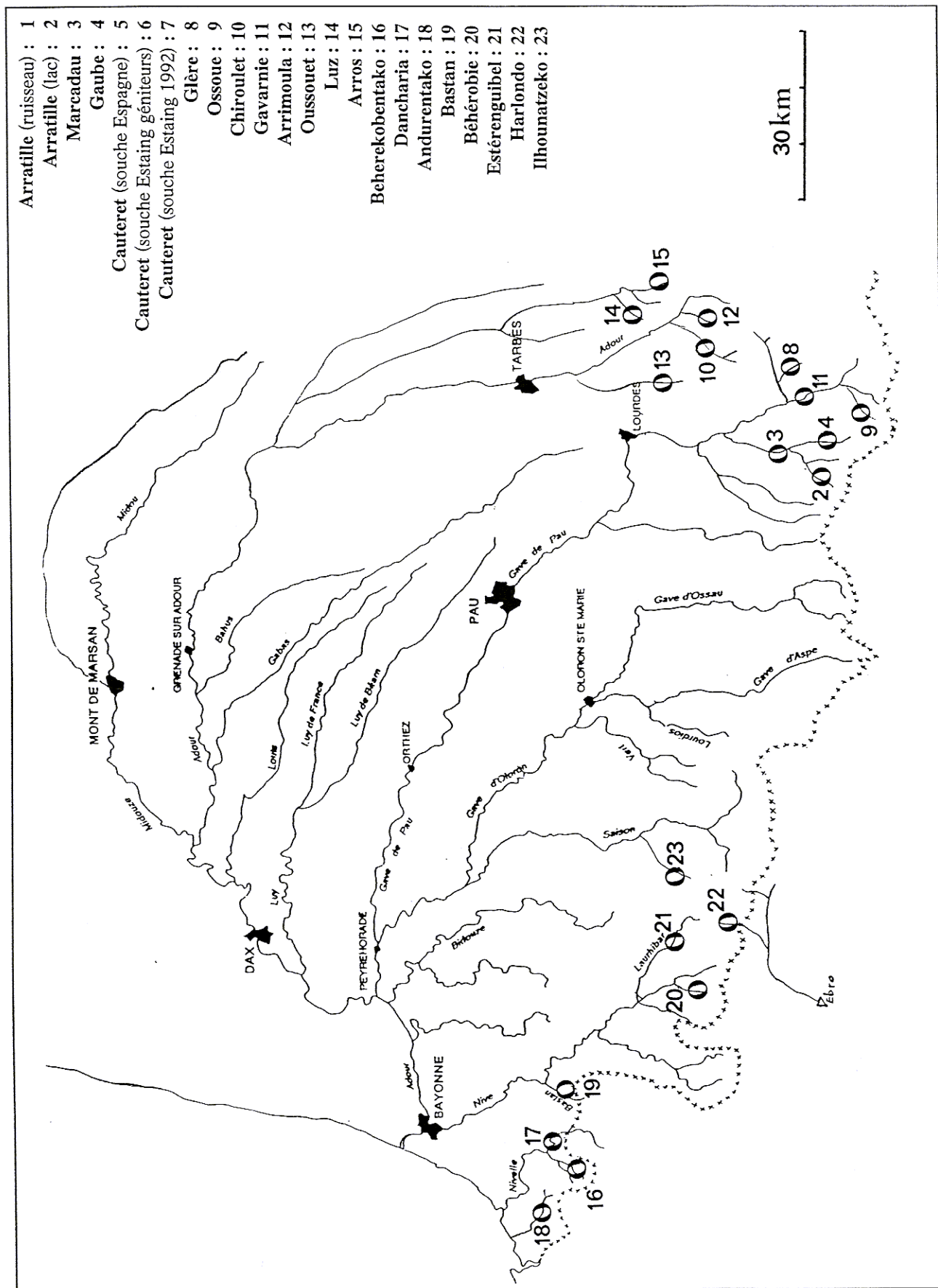


Figure 1 : emplacement des 20 stations ayant fait l'objet de prélèvements.

N° station	nom	lieu	sous-bassin	bassin	date	altitude	N
1	Aratille	ruisseau émissaire	Gave de Pau-Cauterets	Adour	oct91	2247	22
2	Aratille	lac	Gave de Pau-Cauterets	Adour	oct91	2247	34
3	Marcadeau	Puntas	Gave de Pau-Cauterets	Adour	sept92	1410	30
4	Gaube	Huas	Gave de Pau-Cauterets	Adour	sept92	1620	30
5	Cauteret	pisciculture	<i>souche espagnole</i>	-	sept92	-	19
6	Cauteret	pisciculture	<i>souche Estaing géniteurs</i>	-	sept92	-	5
7	Cauteret	pisciculture	<i>souche Estaing 1982</i>	-	sept92	-	20
8	Glère	refuge Lienz	Gave de Pau-Gavarnie	Adour	sept92	1600	30
9	Ossoue	sous barrage	Gave de Pau-Gavarnie	Adour	sept92	1630	30
10	Chiroulet		Adour de Lesponne	Adour	sept92	1062	30
11	Gavarnie	pont Napoléon	Gave de Pau-Gavarnie	Adour	juil93	750	30
12	Arrimoula	pont de Peyras	Adour de Payolle	Adour	juil93	930	30
13	Oussouet	Ardoisières	Adour	Adour	juil93	550	30
14	Luz	Uzer	Arros	Adour	juil93	520	30
15	Arros	Bulan	Arros	Adour	juil93	420	29
16	Beherekobentako		-	Nivelle	sept93	75	24
17	Dancharia		-	Nivelle	sept93	65	30
18	Andurentako	Herboure	-	Untxin	sept93	55	5
19	Bastan		Nive	Adour	sept93	140	29
20	Béhérobie		Nive de Béhérobie	Adour	sept93	325	30
21	Esterenguibel	Esterençuby	Nive de Béhérobie	Adour	sept93	295	30
22	Harlondo		Egurgi	Ebre	sept93	900	22
23	Ilhounatzeko		Nive-Lauribar	Adour	sept93	365	30

Tableau I : caractéristiques des 23 échantillons effectués dans les Pyrénées de l'est.

Analyses biochimiques

Au laboratoire, le traitement des prélèvements est classique. Seules les principales étapes seront évoquées rapidement.

Les tissus sont décongelés, broyés, centrifugés et le surnageant est prélevé, constituant l'extrait enzymatique.

L'électrophorèse consiste à faire migrer dans un champ électrique, les protéines enzymatiques incluses dans un gel d'amidon hydrolysé horizontal. La vitesse de migration des protéines enzymatiques est fonction de leur charge électrique. Une mutation au niveau de l'ADN codant (donc héréditaire) peut provoquer une modification de ces charges, ce qui devient visible sur le gel.

Après migration, les gels sont colorés par des solutions permettant de détecter l'activité enzymatique recherchée. Les taches colorées permettent de distinguer les différents types d'enzymes (les allèles), de reconnaître leur état homozygote (2 copies) ou hétérozygote (1 copie), et ainsi de les comptabiliser au niveau de l'individu et au niveau de la population.

Analyses statistiques

Ces lectures de gels sont converties en tableaux de génotypes qui sont traitées statistiquement par le logiciel Genetix (Belkhir *et al.*, 1996) ou par le programme AFC.exe de M. Roux. Globalement, 4 étapes successives permettent une description interprétable des données :

- calcul des fréquences alléliques (voir tableau II) : ce calcul permet de mesurer l'importance relative, dans chaque échantillon, des différents allèles à chaque locus;

- calcul des distances génétiques de Nei : basé sur les différences de fréquences alléliques à chaque locus, nous avons choisi la distance de Nei de 1978, comportant une pondération pour les faibles effectifs (l'échantillon Andurentako ne comporte que 5 truites);

- construction d'un arbre phylogénétique : dans ce cas d'analyse intraspécifique, nous avons choisi de reconstituer les relations phylogénétiques par un arbre phénétique (basé sur les distances) suivant l'algorithme FITCH (sans horloge moléculaire, c'est à dire autorisant un taux d'évolution variable dans chaque branche);

- analyse multidimensionnelle : par l'Analyse Factorielle des Correspondances, il est possible de garder la totalité de l'information individuelle, alors que toute autre méthode, passant par le calcul de paramètres divers, comprime l'information en une moyenne par échantillon ou par locus. Ainsi, la série de projections proposées plus bas situent toutes les truites dans un hyper-espace en fonction de toutes leurs caractéristiques génétiques simultanément. Les corrélations multilocus sont ainsi mises en évidence.

L'ensemble de ces calculs servent d'aide à l'interprétation finale dont l'objectif est (i) de déterminer les divers types de truites présents dans cette région, (ii) de rechercher leur origine et de les nommer, (iii) d'essayer de caractériser l'état de chaque peuplement aussi bien au niveau de leur polymorphisme que de l'impact des repeuplements, impact très variables d'après les études déjà effectuées dans les Pyrénées Orientales.

Toutefois, concernant ce dernier point, nous savons que l'estimation de l'introggression ne sera que partielle, les allozymes étant insuffisants pour distinguer entre truite atlantiques sauvages et truites domestiques.

Résultats

Fréquences alléliques

Le tableau II donne les fréquences des allèles aux 18 locus polymorphes (sur un total de 31 locus analysés). Le locus *CK1*, dont les fréquences à plusieurs stations sont suivies d'une astérisque, a subi un recalcul car tous les génotypes ne peuvent pas être distingués. Les fréquences sont donc recalculées en supposant un équilibre Hardy-Weinberg (panmixie) qui n'est pas démontré. C'est donc une approximation. Ceci entraîne que pour les calculs statistiques qui suivent, ce locus a été éliminé malgré l'information intéressante (environ 5%) qu'il contient.

Relations phylogénétiques

La figure 2 représente l'arbre phylogénétique obtenu en traitant les distances génétiques de Nei (1978) par l'algorithme de Fitch. En première approximation, 4 groupes se détachent, pouvant être provisoirement nommés. Une analyse plus précise sera faite dans la discussion du rapport :

groupe I : les truites méditerranéennes (Harlondo et Cauteret-Espagne) ont été prélevées dans des affluents de l'Ebre qui coule vers la Méditerranée;

groupe II : les truites basques (Andurentako, Dancharia et Beherentako);

groupe III : les truites de type atlantique moderne, indistinguables par allozymes, des truites domestiques (Luz, Arros, Chiroulet, Oussouet, Cauteret-Estaing, Arrimoula).

Entre ces trois groupes, plusieurs sous-unités se distinguent :

Sous-groupe a, les truites du ruisseau de la Glère

Sous-groupe b, constitué de Arratille, Ossoue, Marcadau, Ilhounatzeko et Gavarnie semble intermédiaire entre les groupes II et IV. Nous verrons plus loin si il mérite le terme de "groupe"

Sous-groupe c, constitué de Bastan, Gaube, Béhérobie et Estérenquibel semble mixte, entre le groupe II et l'ensemble 1. Il sera analysé plus précisément.

LOCUS	POPULATION																						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
AAAT 1	22	33	29	28	18	4	20	29	29	26	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	30	22	30
(N)	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
70	1.0000	1.0000	0.7414	0.8929	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7759	0.8654	0.7500	0.5833	0.7133	0.8000	0.8276	1.0000	1.0000	1.0000	0.9483	0.9500	0.8833	0.9545	0.8500
100	0.0000	0.0000	0.2586	0.1071	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2241	0.1346	0.2500	0.4167	0.2333	0.2000	0.1724	0.0000	0.0000	0.0000	0.0517	0.0500	0.1167	0.0455	0.1500
130	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
AAAT 4	22	30	29	28	10	5	18	11	29	30	26	30	29	30	29	24	28	4	28	30	28	22	30
(N)	0.0455	0.0667	0.0862	0.0536	0.0000	0.0000	0.0556	0.3182	0.0000	0.0833	0.0385	0.0000	0.0172	0.0667	0.0000	0.3750	0.2500	0.0000	0.2143	0.3833	0.3750	0.0000	0.0667
65	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1538	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0208	0.0893	0.1250	0.1607	0.0333	0.0000	0.0000	0.0000
81	0.9545	0.9333	0.9138	0.9464	1.0000	1.0000	0.9444	0.6818	1.0000	0.9167	0.8077	0.5828	0.9333	1.0000	0.6042	0.6607	0.8750	0.5179	0.5833	0.6250	0.5000	1.0000	0.9333
100	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
130	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
ADH	22	26	27	29	19	5	19	30	29	30	30	30	29	30	29	24	28	5	29	30	30	22	30
(N)	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2955	0.0000
80	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	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7045	1.0000
100	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
CK1	22	33	30	30	18	5	20	29	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	30	22	30
(N)	0.7867*	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8173*	1.0000	1.0000	0.3876*	0.7417*	1.0000	1.0000	0.7417*	0.7417*	1.0000	1.0000
100	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1823*	0.0000	0.0000	0.6124*	0.2583*	0.0000	0.0000	0.2583*	0.2583*	0.0000	0.0000
125	0.2133*	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
CK3	22	34	30	30	18	5	20	30	30	29	30	30	30	30	26	24	30	5	28	30	30	22	30
(N)	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	1.0000	0.9615	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0000	1.0000
100	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	0.0000	0.0385	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
110	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
FBI 1	22	25	28	22	17	5	19	30	17	28	29	30	29	30	29	24	29	5	29	30	30	22	30
(N)	0.5455	0.6000	0.5000	0.2045	0.2353	0.7000	0.8421	0.2167	0.5588	0.8036	0.7586	0.7833	0.9310	0.8333	1.0000	0.2392	0.2759	0.3000	0.5172	0.4833	0.5500	0.4555	0.4667
100	0.4545	0.4000	0.5000	0.7955	0.7647	0.3000	0.1579	0.7833	0.4412	0.1964	0.2414	0.2167	0.0690	0.6667	0.0000	0.7708	0.7241	0.7000	0.4483	0.5167	0.4500	0.9545	0.5333
130	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0345	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
FBI 1	22	33	29	28	19	5	19	21	25	29	19	30	28	30	29	20	26	4	27	26	25	21	25
(N)	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1034	0.1316	0.0167	0.1071	0.0000	0.0690	0.2250	0.2115	0.3750	0.1481	0.1731	0.0400	0.0000	0.1800
85	0.6364	0.7576	0.9138	0.9464	1.0000	0.6000	0.5263	0.7619	0.6400	0.7241	0.5526	0.6500	0.4464	0.6167	0.3793	0.4500	0.4231	0.6250	0.5000	0.5000	0.7800	1.0000	0.4600
100	0.2955	0.1818	0.0172	0.0357	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0172	0.3158	0.2833	0.1697	0.2500	0.3103	0.3250	0.3654	0.0000	0.3519	0.3269	0.1800	0.0000	0.3000
135	0.0682	0.0606	0.0690	0.0179	0.0000	0.4000	0.4737	0.2381	0.3600	0.1552	0.0000	0.0500	0.2857	0.1333	0.2414	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0600
IDH 3	22	33	30	29	19	4	19	30	29	30	30	30	29	30	29	24	29	5	29	30	29	22	30
(N)	0.8182	0.8636	0.7500	0.9737	0.9828	0.9737	1.0000	1.0000	1.0000	0.9667	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9667	0.9310	0.9773	1.0000
100	0.0682	0.0000	0.1833	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0227	0.0000
127	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
135	0.1136	0.1364	0.0667	0.0172	0.0263	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	0.0000	0.0000	0.0690	0.0000	0.0000
IDH 5	22	34	30	29	18	5	16	23	30	28	30	30	30	30	26	24	30	5	28	30	30	22	30
(N)	0.5862	0.7500	0.3333	0.2241	0.0556	1.0000	0.0000	0.5652	0.5500	0.8929	0.3833	0.8833	0.8167	0.9500	0.3615	0.0000	0.0000	0.0000	0.0357	0.2667	0.4000	0.0227	0.5500
90	0.4316	0.7500	0.6667	0.7759	0.9167	0.0000	0.0000	0.4348	0.4500	0.6167	0.6167	0.1167	0.1933	0.0500	0.0385	0.9375	0.9833	1.0000	0.9643	0.7333	0.6000	0.9773	0.4500
100	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
110	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
115	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0278	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Tableau II : Fréquences alléliques des loci polymorphes aux 23 échantillons des Pyrénées de l'est (début).

LOCUS	POPULATION																						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
KDH 2																							
(N)	22	34	30	29	19	4	19	30	29	30	30	30	29	30	29	24	29	5	29	30	30	22	30
100	0.7955	0.9265	0.9667	0.9138	0.9474	0.7500	0.9211	0.3167	0.5172	0.4500	0.5667	0.8833	0.7759	0.1500	0.3621	1.0000	1.0000	1.0000	0.8103	0.6500	0.7667	1.0000	0.6167
200	0.2045	0.0735	0.0333	0.0862	0.0526	0.2500	0.0789	0.6833	0.4828	0.5500	0.4333	0.1167	0.2241	0.8500	0.6379	0.0000	0.0000	0.0000	0.1897	0.3500	0.2333	0.0000	0.3833
KDH3																							
(N)	22	34	30	30	18	4	18	28	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	30	22	29
51	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0345	0.0833	0.1333	0.0000	0.1034
61	0.0455	0.0284	0.0667	0.1167	0.0000	0.1250	0.1111	0.0179	0.1500	0.3833	0.0333	0.4167	0.4667	0.1500	0.2759	0.1250	0.1167	0.2000	0.0000	0.0000	0.0167	0.0227	0.0000
75	0.9545	0.9706	0.9333	0.8833	1.0000	0.8750	0.8889	0.9821	0.8500	0.6167	0.9667	0.5833	0.5333	0.8500	0.7241	0.7708	0.6500	0.7000	0.9655	0.9167	0.8500	0.9773	0.8966
110	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	0.0000	0.0000	0.1042	0.2333	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
MPI																							
(N)	42	34	30	28	13	5	18	24	28	19	28	30	29	30	29	24	29	5	29	30	22	30	30
100	0.4318	0.4265	0.1667	0.7143	1.0000	0.5000	0.4444	0.5583	0.8393	0.5769	0.6766	0.6167	0.3621	0.2833	0.4828	0.9167	1.0000	0.8000	0.8276	0.6500	0.6500	0.8318	0.8000
105	0.5682	0.5735	0.8333	0.2857	0.0000	0.5000	0.5556	0.4417	0.1607	0.4211	0.3214	0.3833	0.6379	0.7167	0.5172	0.0833	0.0000	0.1000	0.1724	0.3500	0.3500	0.6682	0.2000
G3PEHZ																							
(N)	22	34	29	30	18	4	19	30	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	30	22	30
30	0.6582	0.5588	0.0000	0.1500	0.0000	0.0000	0.1053	0.0633	0.0000	0.0000	0.0000	0.1333	0.0333	0.0667	0.0172	0.6208	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0227	0.0000
100	0.9318	0.9412	1.0000	0.8500	1.0000	1.0000	0.8947	0.9167	1.0000	1.0000	1.0000	0.8667	0.9667	0.9333	0.9828	0.9792	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9773	1.0000
6 PCD																							
(N)	22	34	30	30	18	4	20	30	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	22	30	30
80	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	0.0000	0.0517	0.8000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
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	1.0000	0.9483	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
PCI 2																							
(N)	22	34	30	30	18	4	20	30	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	22	30	30
1	0.0000	0.0294	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	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	1.0000	0.9706	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.3167	0.9667	1.0000	0.9167	0.9833	1.0000	1.0000	1.0000	0.9583	0.8333	0.8000	0.9655	0.9667	0.9833	1.0000	1.0000
200	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.6833	0.0333	0.0000	0.0833	0.0167	0.0000	0.0000	0.0000	0.0417	0.1667	0.2000	0.0345	0.0333	0.0167	0.0000	0.0000
PCI 3																							
(N)	22	34	30	30	18	4	20	30	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	22	30	30
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9722	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9833	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
110	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0278	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0167	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
130	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	0.0167	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
PCY																							
(N)	22	34	30	30	18	4	20	30	30	30	30	30	30	30	29	24	30	5	29	30	22	30	30
65	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1207	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
90	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0333	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0172	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7931	1.0000	1.0000	0.9500	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9828	0.9667	0.9833	1.0000	1.0000
150	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0682	0.0000	0.0000	0.0167	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0667	0.0000	0.0000	0.0167
TF																							
(N)	20	30	0	26	16	5	0	29	26	11	30	29	29	25	29	22	30	5	27	29	25	5	25
80	0.0000	0.0000	-----	0.0000	0.2813	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	0.0000	0.0000	0.5000	0.0000
98	0.0000	0.0000	-----	0.0000	0.0000	0.0000	-----	0.0000	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	0.0000	0.0000
100	0.7250	0.7167	-----	0.1115	0.0313	1.0000	-----	0.9310	1.0000	0.6618	0.9233	1.0000	0.9828	1.0000	1.0000	0.7727	1.0000	1.0000	1.0000	0.9138	0.8600	0.1667	1.0000
102	0.2750	0.2833	-----	0.2885	0.6675	0.0000	-----	0.0650	0.0000	0.3182	0.0667	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2273	0.0000	0.0000	0.0000	0.0690	0.1000	0.3333	0.0000

Tableau II : Fréquences alléliques (fin).

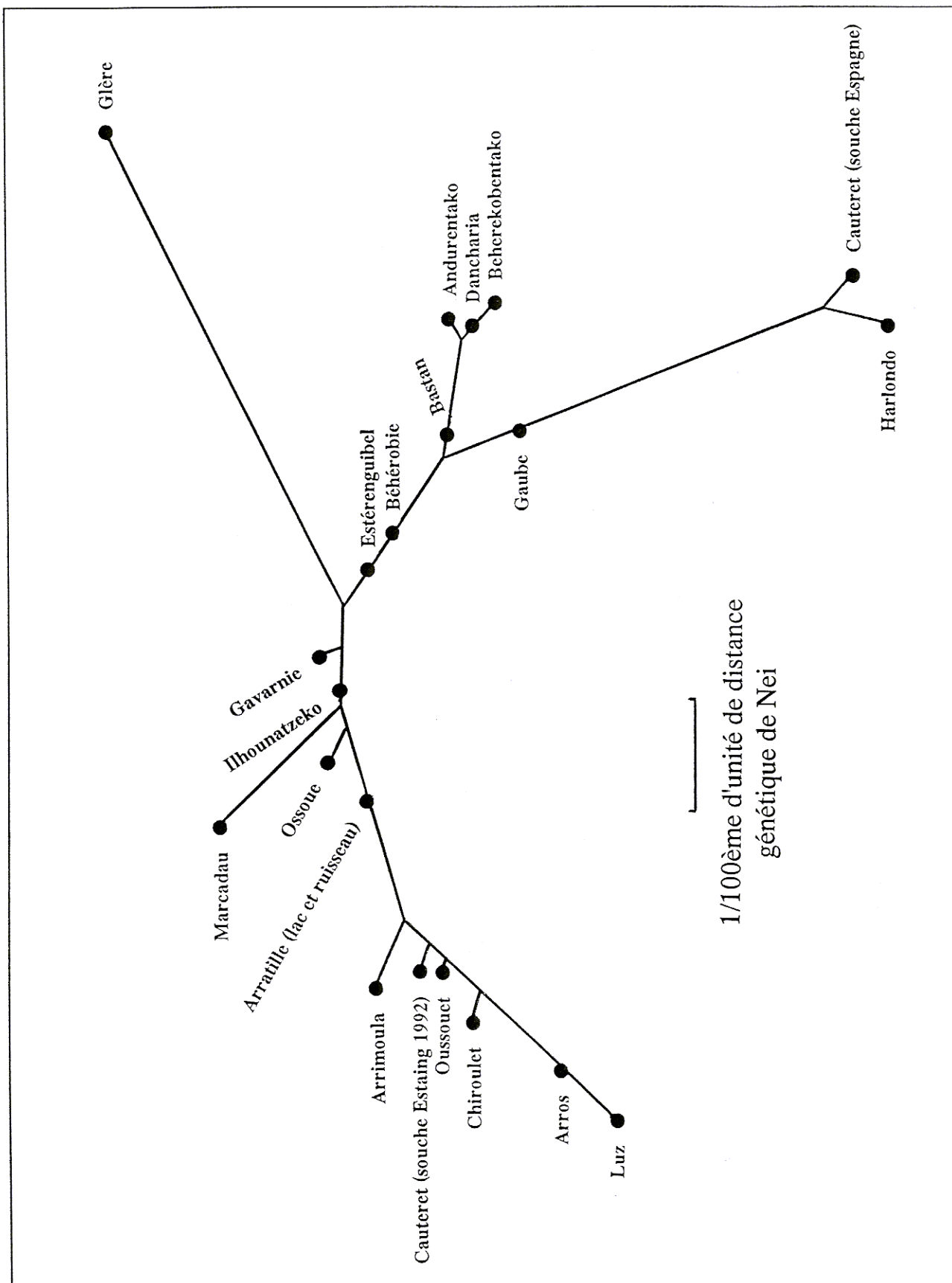


Figure 2 : Arbre phylogénétique des distances génétiques de Nei (Fitch).

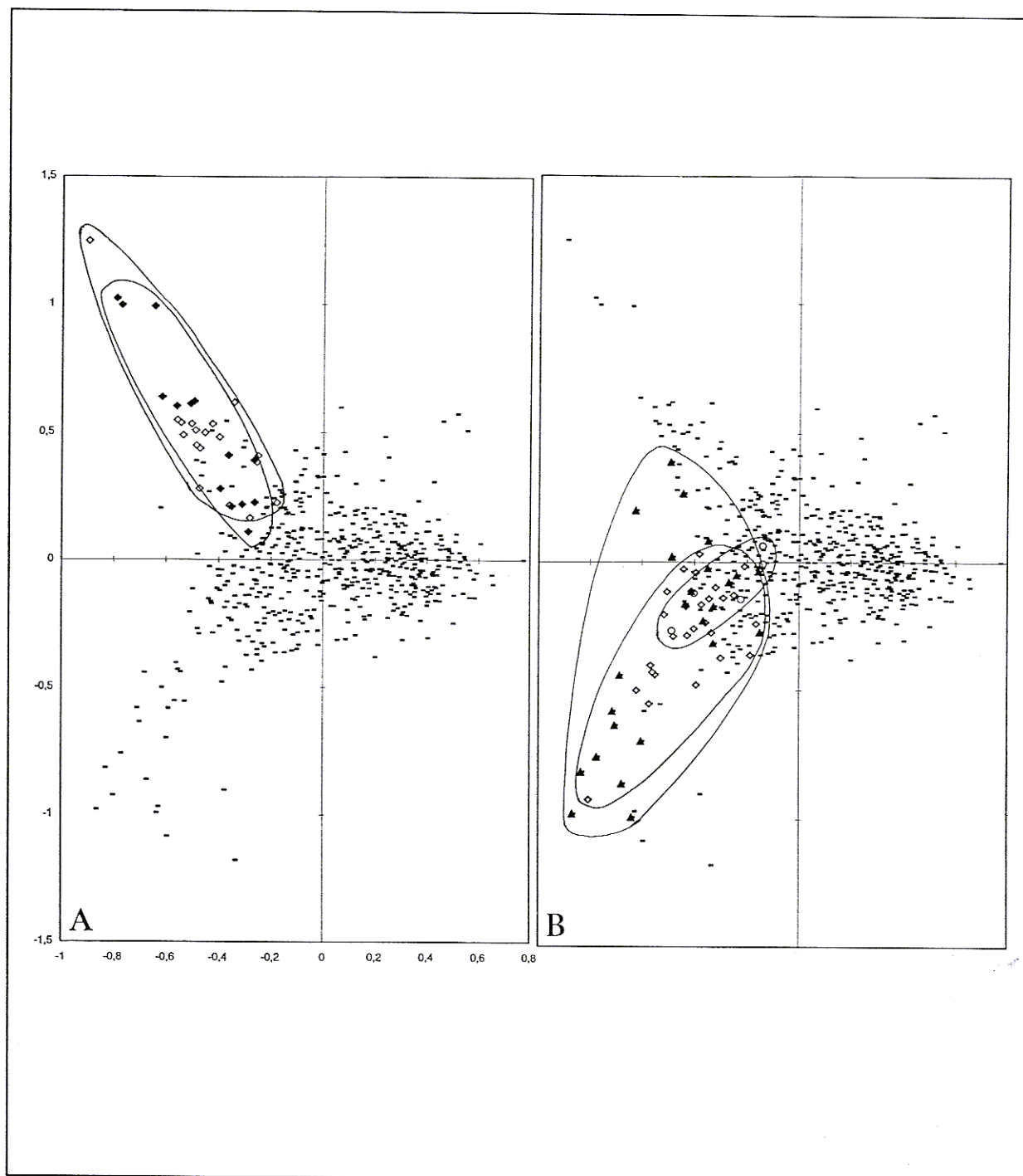


Figure 3 : Cette figure représente diverses projections de la même Analyse Factorielle des Correspondances. Afin de ne pas multiplier les figures, seules les populations génétiquement typiques sont représentées. Les autres possèdent dans des proportions diverses des caractères génétiques de ces trois groupes principaux. Les graphes A, B et C représentent le plan principal (axe 1 horizontal, axe 2 vertical):

A montre la position "*haut-gauche*" des truites de la station **Harlondo** (losanges noirs) et de la **souche espagnole de Cauteret** (losanges blancs). Il s'agit de la forme méditerranéenne;

B en position "*bas-gauche*" les stations **Andurentako** (ronds blancs), **Dancharia** (losanges gris) et **Beherekobentako** (triangles noirs), représentant la forme atlantique ancestrale;

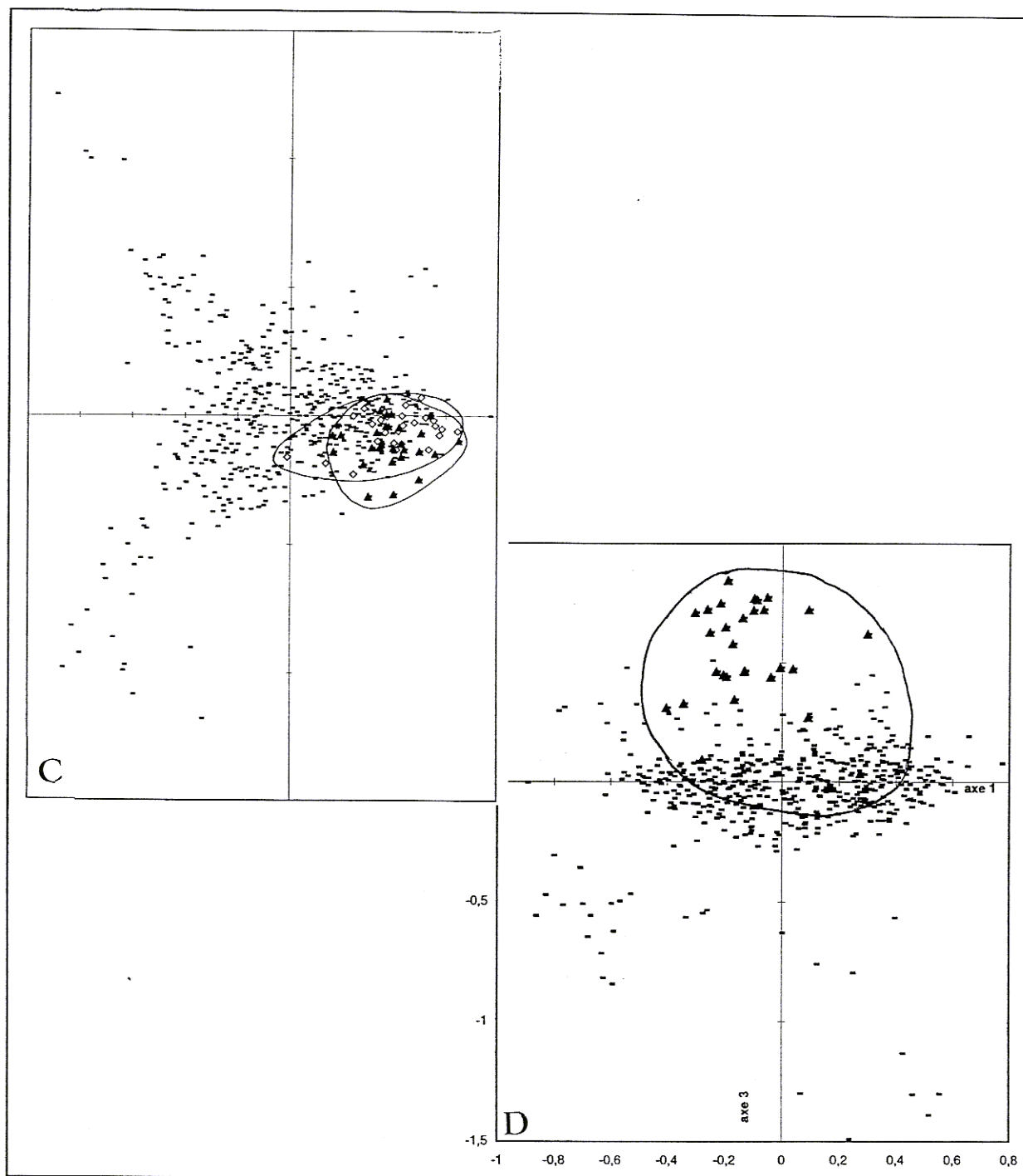


Figure 3 (suite) : Suite des projections de la même Analyse :

C représente toujours le plan principal 1-2. En position opposée aux deux autres groupes sur l'axe 1 (le plus informatif), en position "centre-droit", les stations Luz et Arros, la forme atlantique moderne, sauvage ou domestique.

Le graphe **D** représente un *plan secondaire* (axe 1 horizontal, axe 3 vertical) car c'est le long de l'axe 3 que la population de la **Glère** se distingue. Cette population ne représente pas un « groupe » proprement dit et a une importance secondaire : population isolée sur l'axe phylogénétique mais probablement composée des types atlantique ancestrale + atlantique moderne + une composante locale qui se manifeste sur l'axe 3.

Les trois groupes et certains des sous-groupes sont caractérisés par des allèles enzymatiques précis. C'est l'AFC (figure 3) qui permet de découvrir ces corrélations multiples :

- la forme atlantique moderne s'oppose à toutes les autres par les marqueurs : PGM*65, FH1*135, IDH3*127, LDH5*90, AAT1*130, MPI*105, MDH2*200 et FBP1*100 (stations types : Luz et Arros).

Les diverses formes ancestrales ont deux marqueurs en commun : LDH5*100 et FBP1*150. Cependant, parmi ces formes ancestrales, deux groupes bien différenciés sont détectables :

- la forme atlantique ancestrale est caractérisée par les marqueurs MDH3*110, CK1*125, AAT4*80 et 130 et dans une moindre mesure PGI2*200, AAT4*65, FH1*85, MDH3*61;

- la forme ancestrale méditerranéenne est caractérisée par ADH*60, TF*80 et 102 et dans une moindre mesure IDH3*135.

Les allèles (nombreux) non cités sont distribués sensiblement au hasard dans tous les échantillons. Si certains sont absents d'une partie des stations, le hasard suffit à l'expliquer compte tenu de la fréquence du marqueur et de l'effectif de l'échantillon.

Plus précisément, en dehors des extrêmes ou "pôles" que constituent ces trois groupes, une majorité d'échantillons se trouvent en position intermédiaire (voir arbre). Même si on peut classer ces populations en sous-groupe, une analyse complémentaire est nécessaire pour savoir si elles appartiennent simplement à un cline entre groupes connus, ou si elles constituent des entités distinctes.

Pour cela, une AFC légèrement différente a été entreprise : elle utilise les centres de gravité des échantillons ce qui permet de concentrer l'analyse sur les seules différences inter échantillons. D'autre part, un échantillon de pisciculture (pisciculture de Fontanelle, dans le Vaucluse, élevant la souche de La Canourgue, échantillonnage : juin 1994) a été ajouté.

Des groupes de centres de gravité apparaissent à la figure 4 :

(i) nous retrouvons les groupes I et II (truites méditerranéennes et basques).

(ii) le groupe III est bien individualisé et inclue la souche de pisciculture. Donc, du point de vue enzymatique, il n'y a pas de différence notable entre les échantillons capturés à Luz, Arros, Oust, Chiroulet, Arrimoula, la souche d'Estaing et la souche domestique de Fontanelle : il s'agit de la forme "atlantique moderne".

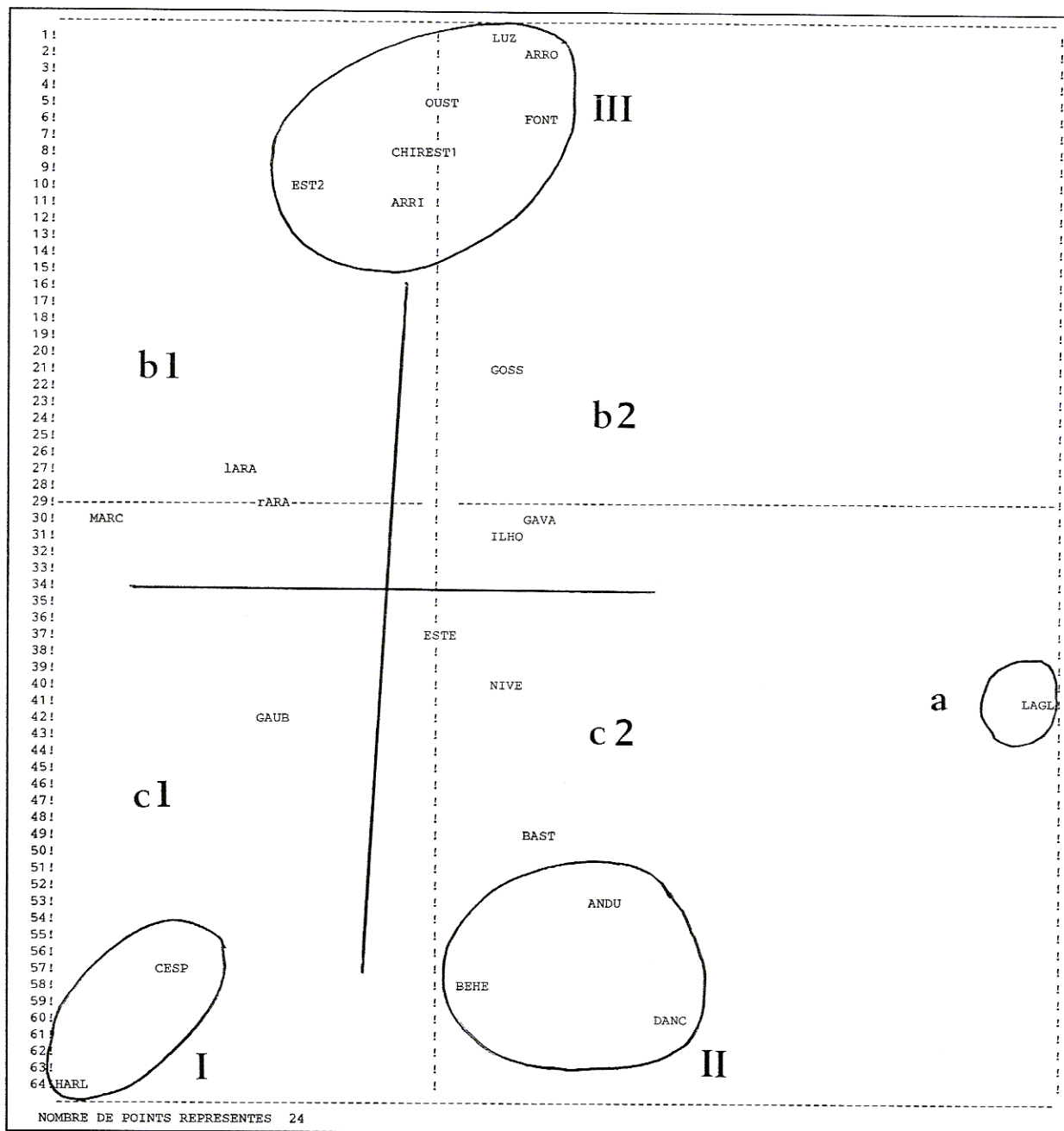


Figure 4 : Projection du premier plan (axes 1 x 2) d'une AFC des centres de gravité des échantillons. Un échantillon de pisciculture a été ajouté (FONT). Trois pôles génétiques apparaissent, celui des truites atlantiques modernes (en haut) qui s'oppose à ceux des truites méditerranéennes (bas-gauche) et atlantiques ancestrales (bas-droit).

Signification des abréviations : **ANDU** = Andurentako; **ARRI** = Arrimoula; **ARRO** = Arros; **BAST** = Bastan; **BEHE** = Béhérekobentako; **CESP** = souche espagnole de Caunteret; **CHIR** = Chiroulet; **DANC** = Dancharia; **EST1** = souche Estaing de Caunteret (géniteur); **EST2** = souche Estaing de Caunteret (descendants); **ESTE** = Estérenguibel; **FONT** = pisciculture de Fontanelle; **GAUB** = Gaube; **GAVA** = Gavarnie; **GOSS** = Ossoue; **HARL** = Harlando; **IARA** = lac d'Arratille; **LUZ** = Luz; **MARC** = Marcadau; **NIVE** = Béhérobie; **OUST** = Oussouet; **rARA** = ruisseau émissaire du d'Arratille.

(iii) les sous-groupes doivent retenir notre attention :

- le **sous-groupe a** est encore limité à l'échantillon de la Glère, et n'est accompagné par aucun autre centre de gravité : c'est la possession du marqueur PGI2*200 à 68% qui explique cette position particulière. Mais cet allèle est présent par ailleurs dans le groupe II dit "basque". Cet allèle est absent dans les peuplements méditerranéens. Ce sous-groupe est donc considéré comme intermédiaire entre groupes II et III (environ autant de LDH5*100 que de LDH5*90, seul vrai marqueur discriminant ces groupes). L'existence de gorges en aval accrédite l'hypothèse d'un effet fondateur expliquant la différenciation.

- le **sous-groupe b** éclate en b1 et b2 :

b1 : Marcadau et Arratille se situent à mi chemin entre les groupes II et III, entre les plus modernes (atlantiques) et les plus ancestrales (méditerranéennes). Il y a probablement une influence espagnole, par capture de cours d'eau ou par l'action de l'homme.

b2 : Ossoue, Gavarnie et Ilhounatzeko semblent plutôt intermédiaires entre les groupes I et III, c'est à dire plus purement atlantiques, avec une composante ancestrale et une composante moderne.

- le sous-groupe c présente également deux tendances, avec

c1 : Gaube semble avoir intégré des marqueurs méditerranéens

c2 : Estérenguibel, Béhérobie et Bastan possèdent des marqueurs basques.

Cette analyse nous montre donc que deux logiques prédominent dans cette région : entre les trois pôles de différenciation (groupes I, II et III), les groupes b1 puis c1 semblent strictement intermédiaires entre I et III, les groupes b2 et c2 se situent à des degrés divers entre II et III.

En conclusion de cette partie descriptive, nous voyons que **les enzymes ne mettent pas en évidence de subdivisions parmi les truites de la forme atlantiques modernes. Cependant il existe forcément des truites sauvages et des truites domestiques dans les échantillons attribués à cette forme. Ceci confirme la nécessité de poursuivre l'investigation par des marqueurs plus discriminants : microsatellites (en cours, DEA et thèse de Didier Aurelle) et ADN mitochondrial (en projet).**

Recherche des déséquilibres

Quand une population est perturbée, des déséquilibres génétiques apparaissent fréquemment. Il n'est pas certain que les repeuplements sont la seule cause de ces déséquilibres. Des déséquilibres génétiques ont déjà été observés dans des populations purement sauvages dans les Pyrénées Atlantiques

N° station	nom	altitude	N	Hétérozygotie	Fis	significativité	remarques
1	r. Aratille	2247	22	0,11	0,15	**	
2	l. Aratille	2247	34	0,10	0,15	**	
3	Marcadeau	1410	30	0,09	0,2	***	TF* non analysé
4	Gaube	1620	30	0,09	0,13	*	
5	Cauteret-Espagne	-	19	0,04	0,07	ns	
6	Cauteret-Estaing 1	-	5	0,07	0,14	ns	5 truites
7	Cauteret-Estaing F	-	20	0,07	-0,08	ns	TF* non analysé
8	Glère	1600	30	0,10	0,14	*	
9	Ossoue	1630	30	0,10	-0,02	ns	
10	Chiroulet	1062	30	0,12	0,08	ns	
11	Gavarnie	750	30	0,12	0,09	ns	
12	Arrimoula	930	30	0,10	-0,03	ns	
13	Oussouet	550	30	0,10	-0,16	ns	
14	Luz	520	30	0,08	-0,01	ns	
15	Arros	420	29	0,09	-0,09	ns	
16	Beherekobentako	75	24	0,09	0,21	**	
17	Dancharia	65	30	0,08	0,19	**	
18	Andurentako	55	5	0,08	-0,24	ns	5 truites
19	Bastan	140	29	0,09	0,1	*	
20	Béhérobie	325	30	0,12	0,25	***	
21	Esterenguibel	295	30	0,12	0,04	ns	
22	Harlondo	900	22	0,05	0,46	***	
23	Ilhounatzeko	365	30	0,10	0,14	*	

Tableau III : Déséquilibres de panmixie des échantillons analysés estimés par le paramètre Fis.

ns = non significatif (équilibre supposé), * = déséquilibre dont la probabilité est supérieure à 95%, ** = probabilité > 99%, *** = probabilité > 99,9%.

(DEA Aurelle, 1996). Cependant il est intéressant de suivre les différences de déséquilibres et d'essayer d'y trouver une logique. Traditionnellement, deux types de déséquilibres sont recherchés :

(i) les défauts de panmixie sont dus à un déséquilibre statistique vis à vis des proportions génotypiques attendues (homozygotes et hétérozygotes). On peut l'analyser par le paramètre F_{is} ;

(ii) les déséquilibres de liaison sont plus complexes. Ils correspondent à des affinités anormales entre allèles appartenant à des locus différents. Ce type de déséquilibre ne sera pas recherché dans ce rapport par souci de simplification.

Le tableau III donne la valeur des déséquilibres et leur significativité statistique. Cette significativité est calculée par simulation (logiciel Génétix, Belkhir et al., 1996), c'est à dire qu'elle tient compte de l'effectif des échantillons. Les points remarquables de ce tableau sont les suivants :

- équilibre panmictique parfait des populations du groupe III (atlantique-moderne) et presque parfait du sous-groupe b dans sa partie b2 influencée par le groupe II (atlantique-ancestral) : Ossoue et Gavarnie surtout;

- fort déséquilibre du sous-groupe b dans sa partie b1 influencée par le groupe I (méditerranéen);

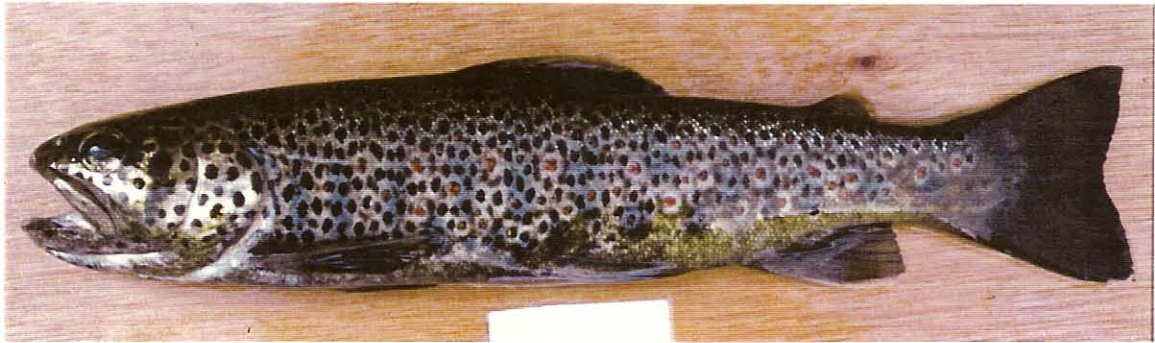
- déséquilibres presque généralisés pour les groupes I et II ainsi que le sous-groupe c entier. Seules exceptions : la souche espagnole de Caunteret et Estérenquibel. Andurentako ne peut pas être prise en compte du fait de son très faible effectif.

Morphologie externe

Le but de ce rapport n'est pas de traiter la morphologie des truites analysées. Ce travail très spécialisé est dévolu aux chercheurs de l'ENSAT. Cependant, ils ont eu l'amabilité de prêter certaines de leurs photographies et la tentation est forte de rechercher des liens entre types morphologiques et types génétiques.

C'est donc avec probablement une certaine subjectivité que les planches photographiques sont commentées (figures 5 à 9). Cet essai n'a pas la prétention d'être exhaustif (il ne tient pas compte, par exemple, de la variabilité morphologique intra-populationnelle) mais servira peut-être de départ à des études futures plus poussées.

L'ensemble des remarques sont faites en légende des photographies. Globalement, la morphologie corrobore remarquablement les résultats enzymatiques. Par contre, il semble y avoir plus de différences morphologiques que génétiques entre souches sauvages et domestiques de la forme atlantique moderne (figure 8). Ceci nous montre que l'analyse morphologique sera aussi



A



B



C

Figure 5 : La forme méditerranéenne :

A : truite méditerranéenne des Pyrénées Orientales (Campeille);

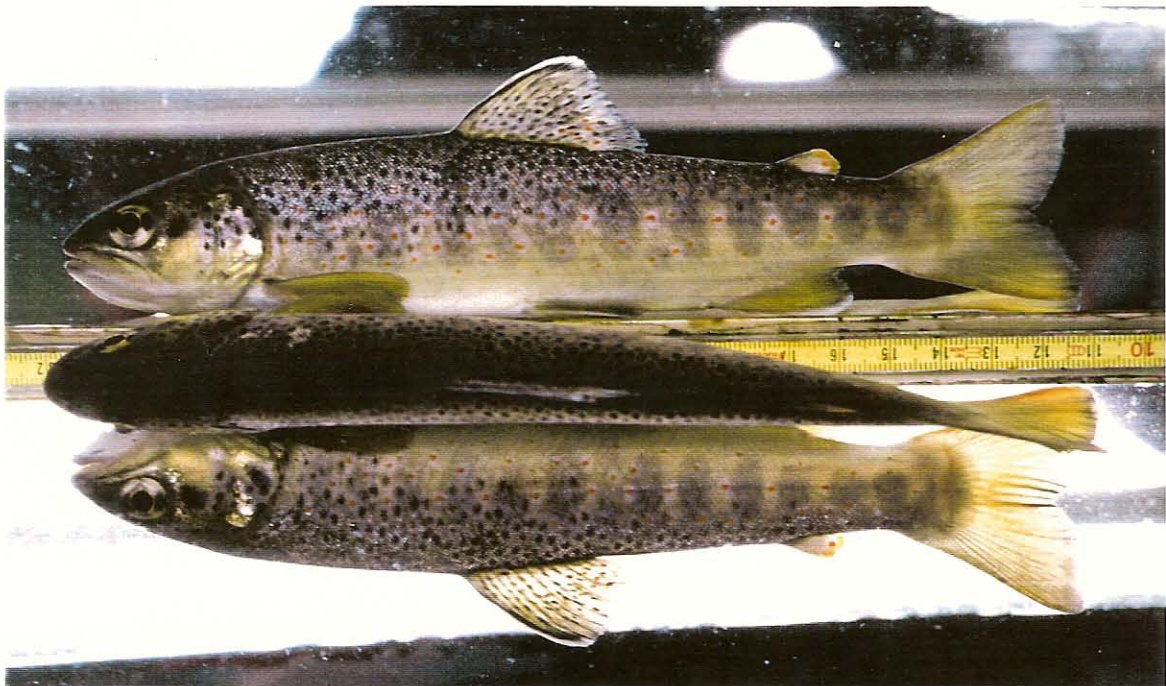
B : même type, de Corse du Nord (Haut Golo);

C : même type, des Pyrénées Atlantiques (Harlondo, bassin de l'Ebre).

Ces trois premières truites appartiennent à des bassins méditerranéens. La similitude des robes est évidente : haute densité de taches noires et rouges de petite taille, pas de franges colorées aux nageoires (voir thèse Lascaux). Nous appellerons cette robe "léopard".



D



E

Figure 6 : Influence méditerranéenne :

Les truites présentées ici montrent une certaine ressemblance avec la forme méditerranéenne, nettement "léopard", alors qu'elle peuple des rivières atlantiques. Leur filiation est démontrée par la génétique (sous-groupe c1, figure 4).

D : truite du ruisseau de Gaube : bien qu'habitant un bassin atlantique, ces truites ont montré une filiation génétique avec la forme méditerranéenne que la morphologie confirme : forte densité de petites taches.

E : truite du Gave de Gavarnie : cet exemplaire montre des franges noires-blanches et une densité plus faible en petites tache. Mais la ressemblance reste forte avec la forme méditerranéenne.



F



G

Figure 7 : la forme atlantique ancestrale :

Quelques rares rivières ont présenté des peuplements de type purement atlantique ancestral, indemnes de truites domestiques. Par commodité, nous les appellerons "truites basques". Ces truites sont caractérisées par des taches nombreuses presque exclusivement noires, très rapprochées, nettement entourées d'un liseré blanc étroit. Ces taches sont baptisées de "style girafe".

F : truite de Dancharia (Nivelle) : totalement exempte de couleur rouge, taches également réparties d'avant en arrière dans les 2/3 supérieurs du flanc, peau sombre.

G : truite de Béhérékobentako : à taches plus petites et de coloration générale plus brun-beige.



H



I

Figure 8 : Les formes atlantiques modernes :

Génétiquement homogène au niveau allozymique, la forme atlantique moderne est représentée en France par les truites de pisciculture (souche commerciale prépondérante) et par les peuplements naturels du versant atlantique. Leurs robes ne confirment pas cette homogénéité :

H : truite de la pisciculture de Soueich, photographiée en mars 1993 : petit nombre de taches noires spécialement sur l'opercule, petites taches rouges ocellées, franges noires-blanches à certaines nageoires. Les analyses génétiques et la morphologie classent cet individu dans la souche commerciale de pisciculture (ce qui n'est le cas de toutes les truites de Soueich, analyses en cours).

I : truite d'Arros : ce type morphologique, dominant dans cette rivière, présente un triangle antéro-supérieur à forte densité de taches rappelant le "style girafe" des truites "basques". Il y a aussi de nettes franges rouges. Ces caractères l'éloignent de la forme domestique.



J



K

Figure 9 : Peuplement génétiquement intermédiaires :

J : Truite de l'Illhounatzeko : bien que génétiquement à mi-chemin (figure 4) entre les truites atlantiques modernes (III) et ancestrales (II), les truites de ce cours d'eau, classées dans le sous-groupe c2, présentent des particularités proches des truites basques : un large triangle antéro-supérieur de grandes taches noires de "style girafe", mais d'un autre côté, on retrouve les taches rouges postérieures et les franges déjà observées chez les truites d'Arros (figure 8-I).

K : truite de la Glère : génétiquement originale, il est difficile de la rattacher à un des types déjà décrit. Le petit nombre de tache semble la rattacher à la forme atlantique moderne.

utile que l'emploi des nouveaux marqueurs moléculaires dans la description de la biodiversité de la forme atlantique moderne.

Interprétation et discussion

L'ensemble des résultats exposés dans ce rapport apporte la réponse à la question principale qui a motivé ce travail : la structure géographique du peuplement des Pyrénées Atlantiques est contrastée (figure 10), mais pose aussi divers problèmes qui dépassent le cadre de la présente étude.

Réponse : Il est clair que trois groupes d'échantillons ont été mis en évidence sans difficulté et baptisés groupes I, II et III. Ces peuplements sont localisés dans certaines zones du bassin de l'Adour (figure 10) et sont caractérisés par des allèles allozymiques bien précis. Les truites méditerranéennes (I) de Harlondo et atlantiques-ancestrales (II) de Dancharia, Béhérékobentako et Andurentako, qu'on peut appeler "basques" dans cette étude, se sont avérées quasiment exemptes de pollution génétiques et méritent donc une protection dans le cadre de la conservation de la biodiversité naturelle.

Mais plusieurs questions importantes se posent :

Question 1 : Le groupe III, quoi que bien localisé et bien caractérisé par des marqueurs biochimiques précis, pose problème. On peut même dire qu'il est au coeur des préoccupations, du moins des généticiens. En effet, un échantillon typique représentatif des piscicultures française (Fontanelle, forme atlantique moderne) a été ajouté aux dernières analyses : les enzymes n'ont absolument pas pu distinguer, à l'intérieur des échantillons de cette forme, la souche domestique des souches sauvages. Par contre, bien que nécessitant confirmation, les robes des sauvages (Arros, figure 8-I) et des domestiques (figure 8-H) divergent. Les premières analyses des caeca pyloriques semblent également distinguer les deux origines possibles des truites de ce groupe (J.M. Lascaux, communication personnelle). En réalité, les choses sont un peu plus compliquées : ces peuplements classés dans le groupe III présentent des variations de robe difficiles à expliquer : on y trouve en proportion variable le type Arros dominant (figure 8-I), mais un type proche du domestique (figure 8-H) le plus souvent sans que le nombre de caeca ne diffère (environ 40 caeca chez les populations sauvages, environ 55 chez les truites domestiques). De plus, de rares spécimens de ces rivières du groupe III présentent une livrée "léopard" du type I (méditerranéen) tout en montrant des marqueurs allozymiques atlantiques!

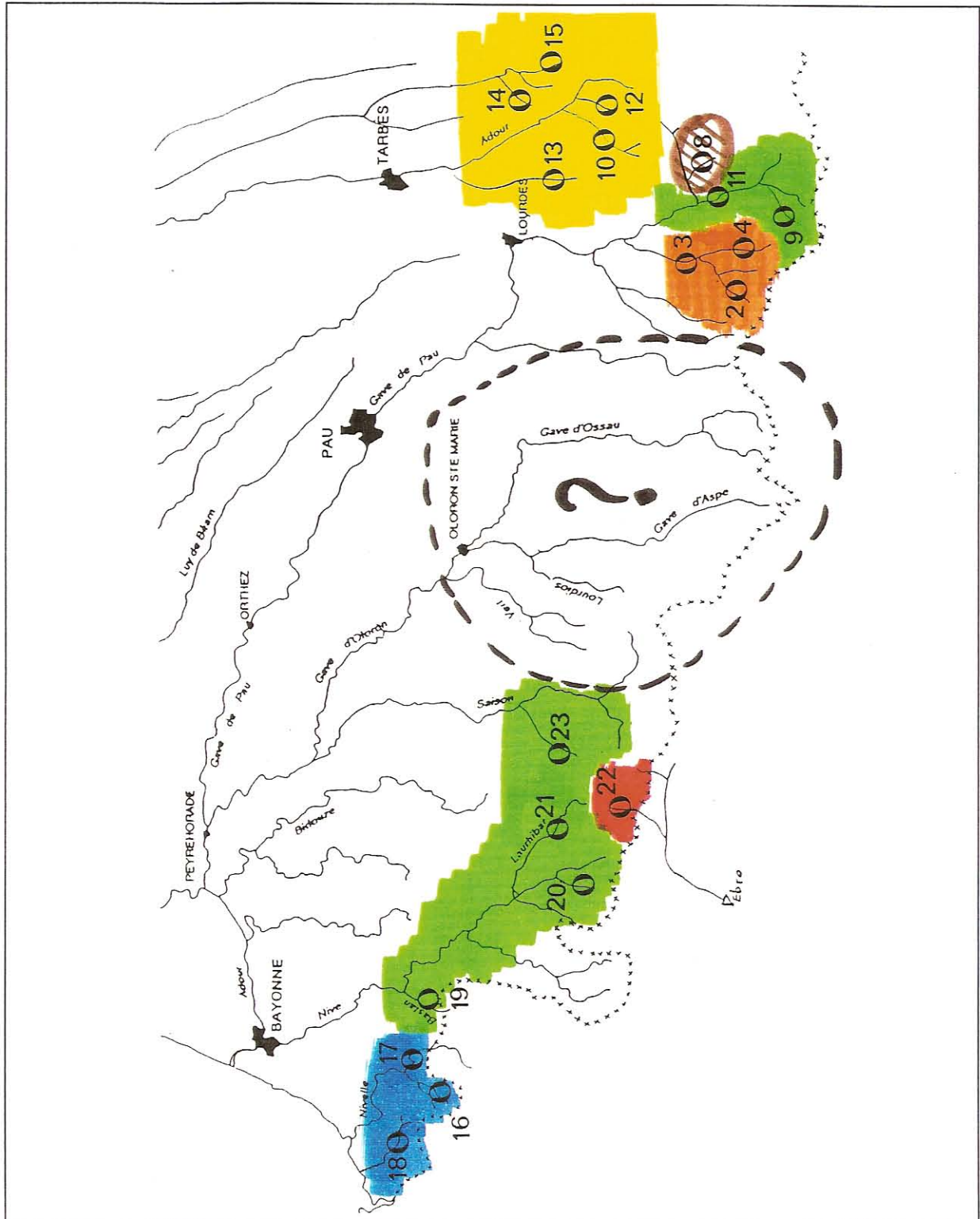


Figure 10 : Carte des entités génétiques des truites des Pyrénées Atlantiques :

- : forme méditerranéenne (groupe I)
- : forme "basque" atlantique ancestrale (groupe II)
- : forme atlantique moderne, sauvage et/ou domestique (groupe III)
- : intermédiaires entre les groupes I et III
- : intermédiaires entre les groupes II et III

L'ensemble de ces remarques vont dans le sens de l'existence de peuplements sauvages du groupe III, que les enzymes ne peuvent distinguer des truites domestiques. Ce résultat était attendu (absence connue de locus enzymatiques diagnostiques) et a motivé en partie toutes les recherches effectuées sur les microsatellites et financées par le CSP et le BRG. Des mises au point techniques et théoriques ont été effectuées lors de la thèse de C. Poteaux (1995). Les premiers essais en région atlantiques ont été tentés lors du DEA de D. Aurelle (1996) qui poursuit par sa thèse (1996-1999). Les cinq premiers locus microsatellites testés n'ont pas encore donné satisfaction. La complexité du modèle nécessitera de longues recherches.

Question 2 : La génétique (comme l'aspect des robes) a démontré une influence méditerranéenne en versant atlantique. Dans cette analyse, les échantillons Harlondo et Caunteret-Espagne ont permis de reconnaître toutes les caractéristiques génétiques (et de robe) des représentants de la forme méditerranéenne (groupe I). Les échantillons de Gaube d'abord, d'Arratille et du Marcadau dans une moindre mesure, présentent nettement des caractéristiques génétiques (figure 4) et morphologiques "léopard" (figures 6-D et 6-E) nettement influencées par le type méditerranéen.

D'où peuvent provenir ces gènes méditerranéens? Leur présence ne peut s'expliquer que de deux façons :

- (i) par l'action humaine : des poissons auraient été transportés à travers les Pyrénées, depuis l'Espagne jusqu'au sous bassin de l'Arros;
- (ii) par un phénomène naturel : capture de cours d'eau (aucune information sur la question) ou restes génétique de peuplements anciens.

Ce dernier phénomène se rencontre surtout quand un peuplement est isolé en tête de bassin : plusieurs cas sont décrits dans la littérature en Ecosse, Irlande, Norvège ou Islande; cas décrits dans les rapports non publiés sur les truites de Slovénie (Berrebi, 1994) et de Corse (Berrebi, 1995).

Hamilton (1989) a proposé l'hypothèse selon laquelle, sur la façade atlantique, la forme ancestrale a immédiatement occupé les cours d'eau libérés par les dernières glaciations. Puis, à partir de la Mer Baltique, une nouvelle forme (moderne) aurait conquis, du nord vers le sud, la plupart des cours d'eau. L'exception de la Bretagne (peuplement ancestral) est bien connu. Il faut à présent ajouter quelques cours d'eau du Pays Basque.

Si cette hypothèse est exacte, elle ne peut pas expliquer la présence de gène méditerranéens : les peuplements méditerranéens les plus proches en terme d'estuaires sont ceux de l'Espagne méditerranéenne (à environ 2000 km); les

peuplements méditerranéens les plus proches à vol d'oiseau sont dans le bassin de l'Ebre (moins de 50 km).

Il semble donc que seules la main de l'homme ou la capture d'affluents de l'Ebre soient envisageables. Mais trop peu d'informations sont disponibles pour pouvoir trancher. Une enquête est nécessaire pour savoir si l'activité humaine a pu introduire, par exemple, près de 30% de gènes méditerranéens dans les stations Arratille et Gaube (estimations tirées de l'allèle TF*102), et probablement Marcadau.

Question 3 : Après des observations comparables dans les Pyrénées Orientales (Berrebi, 1995, analyses allozymiques) et dans les Pyrénées Atlantiques (DEA Aurelle, 1996, analyses microsatellites), de forts déséquilibres génétiques ont de nouveau été mesurés lors de la présente étude. L'origine de ces déséquilibres est mystérieuse puisque

(i) ils affectent des populations purement sauvages (Harlondo, Béhérékobentako, Dancharia) comme des populations introgressées (plusieurs cas dans les Pyrénées Orientales, probablement Marcadau dans cette étude), ils ne sont donc pas uniquement dus aux repeuplements et

(ii) ils dépendent du type de truites ou de régions puisque tous les échantillons purement atlantiques modernes de la région qui entoure Bagnère de Bigorre sont en équilibre parfait, tous les échantillons purement atlantique ancestraux près de la frontière espagnole sont en fort déséquilibre.

Cette superposition des paramètres "type génétique / localisation" ne permet pas de départager les deux hypothèses explicatives possibles : action humaine (les repeuplements pratiqués dans cette région seraient particulier par les souches employées ou par l'efficacité de la méthode) ou phénomène naturel (par exemple peuplement essentiellement sauvage ne subissant aucun stress écologique ou démographique dans une région, et subissant de forts stress dans une autre). Au niveau fondamental, ces paramètres de déséquilibres sont un des objectifs du laboratoire Génome et Populations de Montpellier.

Conclusion

L'analyse allozymique de la région du bassin de l'Adour a montré l'extrême complexité de la structuration des peuplements en truites. Comme c'était parfaitement prévisible, le marqueur allozymique a apporté la richesse de description de ses nombreux marqueurs, mais a montré ses limites en ne distinguant aucune nuance à l'intérieur du groupe génétique qui peuple la plus grande partie du versant atlantique français : la forme atlantique moderne.

Or les quelques essais de reconnaissance colorée de la robe ont montré qu'à l'intérieur de cette forme, plusieurs sous-ensembles existent probablement, ne serait-ce que la forme domestique qui a été introduite dans toutes ces régions et qu'on ne décèle pas par les allozymes.

Cette étude dont la carte (figure 10) montre bien l'intérêt, ne peut donc pas se finir ainsi. Doré et déjà, une analyse poussée du marqueur microsatellitaire (plus polymorphe) est en cours et une analyse du marqueur mitochondrial est programmé pour le milieu de l'année. D'autre part, l'analyse morphologique s'impose du fait de l'apport évident de ce marqueur tel que la thèse de J.M. Lascaux (1996) l'a mis en évidence.

L'analyse du peuplement en truites fario des Pyrénées présente bien l'intérêt fondamental et appliqué qui était attendu. C'est un carrefour d'échanges post-glaciaires et anthropique qui mérite tout notre intérêt.

Divers organismes ont bien compris que seule la connaissance de la structuration géographique du puzzle pyrénéen permettra d'adapter les pratiques de gestion dans l'intérêt des peuplements naturel, des écologistes et des pêcheurs. Qu'ils en soient remerciés ici. Dans l'ordre d'implication dans ce programme qui n'est pas terminé, citons l'ENSA de Toulouse, toutes les Fédérations des départements pyrénéens réunis dans l'Association TFP, le Club Halieutique, le Conseil Supérieur de la Pêche, le Bureau des Ressources Génétiques et le Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche (ACCSV).