

Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises

Programme GENETRUTTA

Septembre 2013 (GT2013)

1/3



© Dessin de Bruno MATHIEU <bruno.troglo@orange.fr>

Analyses statistiques, interprétation, rédaction: **Patrick Berrebi ***

Analyses moléculaires: **Zhaojun Shao ** & Genindexe*****

* Institut des Sciences de l'Evolution, UMR5554 UM2/CNRS/IRD, Université Montpellier 2, CC065,
place E. Bataillon, 34095 Montpellier cedex, tel: 04 67 14 37 32, patrick.berrebi@univ-montp2.fr

** Institut des Sciences de l'Evolution, zhjshao@gmail.com

***** Genindexe, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle,
tel: 05 46 30 69 66, contact@genindexe.com

1. Introduction

Ce projet d'analyse entre dans le cadre de la description des lignées génétiques de truites de France. Ce programme national, considéré comme essentiel à une gestion des peuplements de truites respectueuse de la biodiversité naturelle de l'espèce, a fait déjà l'objet de nombreuses études départementales ou régionales. Mais jusqu'à présent, seul le programme GENESALM 2006-2008 (Berrebi & Cherbonnel, 2009) avait comme objectif une description homogène de tout le territoire français.

Le présent programme GENETRUTTA 2012-2015 se donne comme objectif de compléter la distribution géographique des analyses génétiques de façon à avoir une vision claire de la structuration nationale des peuplements de truites, comblant ainsi les zones non abordées par GENESALM. Pour cela, les nouvelles analyses de GENETRUTTA s'ajoutent à celles produites par GENESALM, impliquant l'emploi des mêmes méthodes moléculaires (microsatellites) et, dans la mesure du possible, des mêmes chercheurs (ISEM) et des mêmes laboratoires techniques (ISEM et GENINDEXE).

La mise en place du présent programme GENETRUTTA est à l'initiative de la Fédération Nationale de la Pêche en France et de la protection du milieu aquatique (FNPF, correspondants Bernard Breton et Jérôme Guillouët) qui a établi une convention financière de trois ans avec l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM, corr. Patrick Berrebi) de mi-2012 à mi-2015. Cette convention finançant 21 stations échantillonnées dans le cadre de prélèvements réalisés avant 2013 est complétée par des analyses financées par l'ISEM en fonction de ses moyens et de l'aide de L'Observatoire de REcherche Méditerranéen de l'Environnement (OSU OREME) de Montpellier. A cela, depuis 2012, pour compléter le maillage national de GENETRUTTA, se rajoute un appel à participation des Fédérations Départementales pour la pêche en France et de la protection du milieu aquatique (FD) dont les commandes d'analyse sont fortement cofinancées par la FNPF. Ces analyses, prises en charge par les FD, concernent uniquement des rivières préalablement désignées comme nécessaires à la couverture de GENETRUTTA.

Avertissement: ce rapport n'est que le premier d'une série de trois. Les tableaux et figures sont donc provisoires. La diffusion de ce rapport dans son entier est libre. Cependant la diffusion de tableaux et figures séparément doit obtenir l'accord de Patrick Berrebi.

2. Echantillonnage

Les échantillons analysés lors de la première année proviennent de diverses origines. Ils sont constitués de prélèvements de nageoire (en général l'extrémité inférieure de la caudale) conservés dans 2 ml d'alcool à 96°. Après mesures et photographies éventuelles, chaque truite est relâchée.

- En particulier, l'Office National de l'Eau et des Milieux Aquatiques (ONEMA, corr. Nicolas Poulet) a mis à disposition de GENETRUTTA les pêches d'inventaire du Réseau Hydrobiologique et Piscicole (RHP). De ce fait, l'ISEM a pu planifier des échantillonnages sur tout le territoire national en fonction des zones sous-échantillonnées par GENESALM. Tous les échantillons fournis en 2011 par l'ONEMA n'ont pas été analysés lors de cette première année. Les échantillons ont été constitués par les Délégations Inter Régionales (DIR): la DIR1 Nord-Ouest (corr. Christophe Blanchard et Sylvain Chauvigné), DIR2 Bretagne Pays de la Loire (corr. José Berdayès, Thibault Vigneron et Sylvie Tomanova), DIR3 Nord-Est (corr. Sébastien Manné), DIR4 Centre Poitou-Charentes (corr. Martial Thiret), DIR5 Rhône-Alpes (corr. Sandro Parussatti et Nicolas Roset), DIR6 Auvergne Limousin (corr. Lucien Jonard et William Sremski), DIR7 Sud-Ouest (corr. Laurence Blanc), DIR8 Méditerranée (corr. Stéphane Lefebvre et Michael Cagnan) et DIR9 Bourgogne Franche-Comté (corr. Nicolas Bergher et Julien Bouchard).

- La seconde source d'échantillons de tissus de truite est le réseau des FD. Basée sur le volontariat, cette collection de première année a concerné la FD45 du Loiret (corr. Laurent Delliaux), la FD15 du Cantal (corr. Agnès Tronche), la FD81 du Tarn (corr. Bénédicte Prouff), la FD46 du Lot (corr. Laurent Fridrick), la FD66 des Pyrénées Orientales (corr. Olivier Baudier), la FD64 des Pyrénées Atlantiques (corr. Fabrice Masseboeuf), la FD05 des Hautes-Alpes (corr. David Doucende) et la FD04 des Alpes de Haute Provence (corr. Vincent Duru et Christian Calvignac). Certaines FD ayant participé en 2013 à ces échantillons ne sont pas citées ici car les échantillons seront traités dans le prochain rapport 2014.

- A ces échantillons constitués pour le programme GENETRUTTA s'ajoutent les échantillons géographiquement complémentaires déjà analysés lors du programme GENESALM (Tableaux 1, notés GSALM2 en dernière colonne). Parmi ces échantillons figurent trois piscicultures (Tableau 1C).

- Enfin l'ISEM possède une grande collection d'échantillons de truites, surtout de France, mais aussi de l'étranger (environ 25000 fragments de nageoire) dont certains seront mis à contribution lors de la dernière année si une partie du réseau hydrographique français reste sans échantillonnage récent.

Toutes les truites génotypées (que ce soit pour GENESALM ou pour GENETRUTTA) n'ont pas été retenues car le présent projet ne s'intéresse qu'aux truites sauvages: les truites considérées comme domestiques ou hybrides à forte composante domestique ont été éliminées (voir aspect technique dans la partie 4. *Méthodes statistiques*). Seule la station Aubette a été retirée du calcul (en raison de la présence importante de truites non sauvages, voir Figure 4) et ne figure pas dans les Tableaux 1.

Les caractéristiques des truites retenues pour cette première année de GENETRUTTA sont résumées dans les Tableaux 1A, B et C, et leur distribution géographique dans la Figure 1.

3. Méthodes moléculaires

Les morceaux de nageoire de truites prélevés au bord de la rivière et mis immédiatement dans l'alcool peuvent être conservés ainsi plus de 10 années. L'ADN d'un minuscule morceau (1 mm x 2 mm) est extrait dans une mixture de protéinase K (détruit les protéines et libère l'ADN) et de Chelex (chélateur des enzymes destructeurs naturels de l'ADN et de certains inhibiteurs) pendant au moins deux heures. Après centrifugation, le surnageant dilué sert d'**extrait d'ADN**.

Les extraits d'ADN sont rajoutés à un mélange réactionnel (le mix) capable d'**amplifier** le petit morceau d'ADN cible: le marqueur microsatellite (synthèse artificielle de l'ADN cible ou PCR). Le milieu réactionnel se charge alors d'une très grande quantité de fragments d'ADN artificiel cible.

Les variants de longueur des microsatellites (les allèles) sont caractéristiques de chaque truite (deux allèles, chacun légué par un des parents de la truite) et sont la base des calculs futurs. Pour les mesurer, ils sont mis à migrer sous un champ électrique dans un gel d'acrylamide (la **migration**) puis scannés. Un analyseur d'image permet de mesurer automatiquement la longueur des fragments d'ADN, ces mesures sont contrôlées par un technicien expérimenté car elles comportent de nombreux pièges.

La matrice de génotypes est constituée à partir de ces mesures. Elle constitue la base de toutes les analyses statistiques.

4. Méthodes statistiques

Les données moléculaires (génotypes) obtenues, codées, permettent d'établir une matrice. Additionnée de la matrice des échantillons de référence (pour les comparaisons) déjà analysés (voir Tableau 1C), la matrice finale permet d'effectuer les traitements statistiques suivants, constitués de deux étapes principales.

L'**analyse multidimensionnelle** (ici un Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC effectuée grâce au logiciel GENETIX) produit un diagramme qualitatif où chaque truite est positionnée en fonction de son génotype à tous les marqueurs microsatellites. Plus deux points sont rapprochés, plus les truites qu'ils représentent se ressemblent génétiquement. Plus ils sont éloignés et plus les truites sont différentes. Cela permet de détecter des "nuages" de points correspondant à des lignées génétiques et de comprendre de quel type sont les truites analysées.

Ici, les analyses multidimensionnelles ont été utilisées pour détecter les truites domestiques insérées dans les échantillons naturels (chapitre 5.2.). Le but du présent programme est de décrire l'organisation des lignées génétiques de truites sauvages de France, les formes domestiques sont donc éliminées. Les AFC ont aussi servi à décrire les subdivisions régionales (chapitre 5.3.).

N°	n° GS ou GT	RIVIERE	ss-bassin	FLEUVE	Dépt.	nbre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
1	GT.42B	Petit Fecht	Ill	RHIN	68	14	L419	T20479-T20485	2008	ONEMA	GT2013
2	GT.40A	Cleurie	Moselle	RHIN	88	20	L418	T20443-T20462	2008	ONEMA	GT2013
3	GT.38C	Méholle		MEUSE	55	20	L416	T20394-T20413	2011	ONEMA	GT2013
4	GT.37B	Marche	Chiers	MEUSE	8	16	L415	T20367-T20385	2011	ONEMA	GT2013
5	GS-25	Hem		AA	62	20	L254	T16671-T16690	2008	FD62	GSALM2
6	GS-24	Créquoise		CANCHE	62	20	L214	T15668-T15690	2008	FD62	GSALM2
7	GT.33	Scie		SCIE	76	18	L478	T21770-T21791	2011	ONEMA	GT2013
8	GT.29A	Aujon	Aube	SEINE	52	17	L413	T20300-T20321	2011	ONEMA	GT2013
9	GT.28	Yonne		SEINE	58	20	L467	T21500-T21521	2011	ONEMA	GT2013
10	GT.64	Cléry	Loing	SEINE	45	19	L543	T24101-T24120	2012	FD45	GT-LOIRET
11	GT.32	Gland	Oise	SEINE	25	19	L470	T21585-T21604	2011	ONEMA	GT2013
12	GS-23	Grande Vallée		GRANDE VALLEE	50	20	L219	T15816-T15835	2006	FD50	GSALM2
13	GT.13	Chênélais		COUESNON	35	20	L430	T20690-T207161	2011	ONEMA	GT2013
14	GT.11	Goyen		GOYEN	29	20	L427	T20620-T20639	2011	ONEMA	GT2013
15	GS-16	Andrable		LOIRE	42	20	L224	T15948-T15968	2009	FD42	GSALM2
16	GS-22	Chantelouve	Allier	LOIRE	48	20	L223	T15922-T15943	2008	FD48	GSALM2
17	GS-19	Cronce	Allier	LOIRE	43	20	L221	T15866-T15885	2009	FD43	GSALM2
18	GT.17	Sioule	Allier	LOIRE	63	16	L433	T20779-T20798	2011	ONEMA	GT2013
19	GT.51	Petite Sauldre	Cher	LOIRE	18	20	L404	T20045-T20064	2011	ONEMA	GT2013
20	GS-33	Vienne		LOIRE	87	20	L227	T16038-T16057	2008	FD87	GSALM2
21	GT.16A	Egrenne	Mayenne	LOIRE	61	20	L472	T21629-T21648	2011	ONEMA	GT2013
22	GS-07	Le Son		CHARENTE	16	20	L263	T16865-T16884	2008	FD16	GSALM2
23	GS-06	Maronne		DORDOGNE	15	20	L328	T18383-T18407	2009	FD15	GSALM2
24	GT.53	Cère		DORDOGNE	15	20	L342	T18654-T18677	2010	FD15	CANT1
25	GT.62	Lasmolinerie	Cère	DORDOGNE	15	20	L343	T18684-T18703	2010	FD15	CANT1
26	GS-39	Dronne	Isle	DORDOGNE	24	20	L152	T12921-T12941	2008	FD24	GSALM2
27	GT.05B	Ariège		GARONNE	9	20	L405	T20065-T20086	2011	ONEMA	GT2013
28	GS-21	Béthuzon	Tarn	GARONNE	48	20	L222	T15893-T15912	2008	FD48	GSALM2
29	GS-03	Foulette	Tarn	GARONNE	12	20	L218	T15786-T15805	2008	FD12	GSALM2
30	GT.66	Rec Escur	Tarn	GARONNE	81	20	L549	T24197-T24216	2012	FD81	TARN2
31	GT.45	Verdier	Tarn	GARONNE	81	20	L324	T18323-T18342	2010	FD81	TARN1
32	GT.68	Montroucoux	Tarn	GARONNE	81	20	L551	T24237-T24256	2012	FD81	TARN2
33	GT.67	Verdet	Tarn	GARONNE	81	19	L550	T24217-T24236	2012	FD81	TARN2
34	GT.41	Arn	Tarn	GARONNE	81	20	L323	T18303-T18322	2010	FD81	TARN1
35	GT.50	Ayguebelle	Tarn	GARONNE	81	20	L326	T18363-T18382	2010	FD81	TARN1
36	GS-30	Oulas	Tarn	GARONNE	81	20	L262	T16835-T16854	2008	FD81	GSALM2
37	GT.06A	Boralde Flaujac	Lot	GARONNE	12	20	L407	T20125-T20145	2011	ONEMA	GT2013
38	GS-05	Epie	Lot	GARONNE	15	20	L329	T18413-T18432	2009	FD15	GSALM2
39	GT.61	Bervezou	Lot	GARONNE	46	20	L489	T22071-T22091	2011	FD46	LOT2
40	GS-04	Maresque de Moyrazès	Tarn	GARONNE	12	20	L217	T15756-T15782	2008	FD12	GSALM2
41	GT.03	Adour		ADOUR	64	17	L410	T20213-T20232	2011	ONEMA	GT2013
42	GT.72	Souye	Luy de France	ADOUR	64	20	L101	T24751-T24770	2012	FD64	GT-PA1
43	GT.71	Saison	Gave de Pau	ADOUR	64	20	L092	T24731-T24750	2012	FD64	GT-PA1
44	GT.73	Hestapeko erreka	Bidouze	ADOUR	64	19	L105	T24771-T24790	2012	FD64	GT-PA1

Tableau IA : Caractéristiques des truites du versant atlantique analysées dans ce rapport. L'ordre des bassins suit le sens inverse des aiguilles d'une montre en commençant par la Mer du Nord et en finissant par l'Adour. Voir les détails explicatifs dans la légende du Tableau 1B.

N°	n° GS ou GT	RIVIERE	sous-bassin	FLEUVE	dépt.	nombre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
45	GT.76	Grafouil		TECH	65	7	L544	T24122-T24129	2012	FD66	PO7
46	GT.65	Boulzane		AGLY	66	17	L547	T24167-T24186	2012	FD66	PO7
47	GT.49A	Vis		HERAULT	30 & 34	20	L480	T21829-T21849	2011	ONEMA	GT2013
48	GT.46	Dranse d'Abondance	Leman	RHONE	74	20	L441	T20899-T20919	2011	ONEMA	GT2013
49	GS-02	Valserine		RHONE	1	9	L257	T16745-T16753	2008	FD01	GSALM2
50	GS-15	Saine	Ain	RHONE	39	19	L215	T15697-T15716	2008	FD39	GSALM2
51	GS-01	Albarine	Ain	RHONE	1	10	L258	T16754-T16764	2008	FD01	GSALM2
52	GT.44	Rhien	Saône	RHONE	70	20	L468	T21532-T21551	2011	ONEMA	GT2013
53	GS-28	Bessay	Saône	RHONE	71	19	L256	T16721-T16742	2008	FD71	GSALM2
54	GT.34	Isère		RHONE	73	20	L297	T17844-T17866	2010	FD05	FR-IT1
55	GT.63	Drac	Isère	RHONE	5	17	L526	T23671-T23690	2012	FD05	DRC1
56	GS-09	Drôme		RHONE	26	20	L260	T16795-T16814	2008	FD26	GSALM2
57	GS-10	Ouvèze		RHONE	26	9	L261	T16825-T16834	2008	FD26	GSALM2
58	GT.23	Durance		RHONE	5	19	L288	T17714-T17767	2010	FD05	DUR6
59	GT.30	Durance		RHONE	5	17	L292	T17730-T17782	2010	FD05	FR-IT1
60	GT.36	Ubayette	Durance	RHONE	4	20	L298	T17877-T17898	2010	FD04	FR-IT1

Tableau 1B : Caractéristiques des truites du versant méditerranéen analysées dans ce rapport. L'ordre des bassins va d'ouest en est. La première colonne est le numéro d'ordre des échantillons qu'on retrouve dans les analyses d'assignement (Figures 5 et 6). Les échantillons en **GS** (deuxième colonne) = analysés lors du programme GENESALM, **GT** = présent programme GT2013. L'**origine** est l'organisme qui a fourni les échantillons. Les sigles des **rapports** renvoient à la liste bibliographique en fin de texte.

N°	SOUCHE	département	nombre	n° ISEM éch.	n° ISEM individus	Date	origine	RAPPORT
62	souche atlantique	Isère	15	L266	T16941-T16955	2008	pisciculture	GSALM2
62	souche atlantique	Seine Maritime	15	L267	T16956-T16970	2008	pisciculture	GSALM2
61	souche méditerranéenne	Alpes Maritimes	29	L156	T13061-T13090	2008	pisciculture	GSALM2

Tableau 1C : Caractéristiques des truites de pisciculture utilisées dans ce rapport à titre de référence. S'agissant d'établissements commerciaux, leur nom n'est pas donné. Voir les informations complémentaires en légende du Tableau 1B.

L'**analyse d'assignation** (ici une méthode bayésienne appliquée avec le logiciel STRUCTURE) permet d'assigner chaque truite à un sous-groupe. Ces sous-groupes ne tiennent pas compte de l'origine des truites mais seulement de leur génotype. Cette méthode, plus quantitative, peut chiffrer avec précision la composition génétique d'un échantillon (par exemple les pourcentages de truites sauvages et domestiques dans un échantillon) ou d'une truite hybride (lors de l'emploi du modèle "avec admixture").

Le point le plus délicat est de savoir combien de sous-groupes (k) sont contenus dans les truites analysées, aussi des essais avec k allant de 2 à 20 sont nécessaires. Il faut que les partitions obtenues aient un sens biologique (ici le sens biologique est la logique hiérarchique des bassins). Plus k augmente et plus le découpage du réseau détaille les différences: pour k=2, les bassins versants atlantique et méditerranéen se séparent; pour k=3 les fleuves atlantiques se séparent entre nord-Garonne et sud-Loire (Figure 7). Par contre, au-delà de k=16, le découpage se fait dans et non plus entre les truites. Une méthode automatique (dite méthode Evanno) aide à la décision.

Du point de vue technique, le modèle "sans admixture" a été choisi et chaque *run* comportait 50000 *burn'in* suivis de 150000 itérations. Chaque niveau de k est testé entre 3 fois (pratique courante) et 20 fois (méthode Evanno).

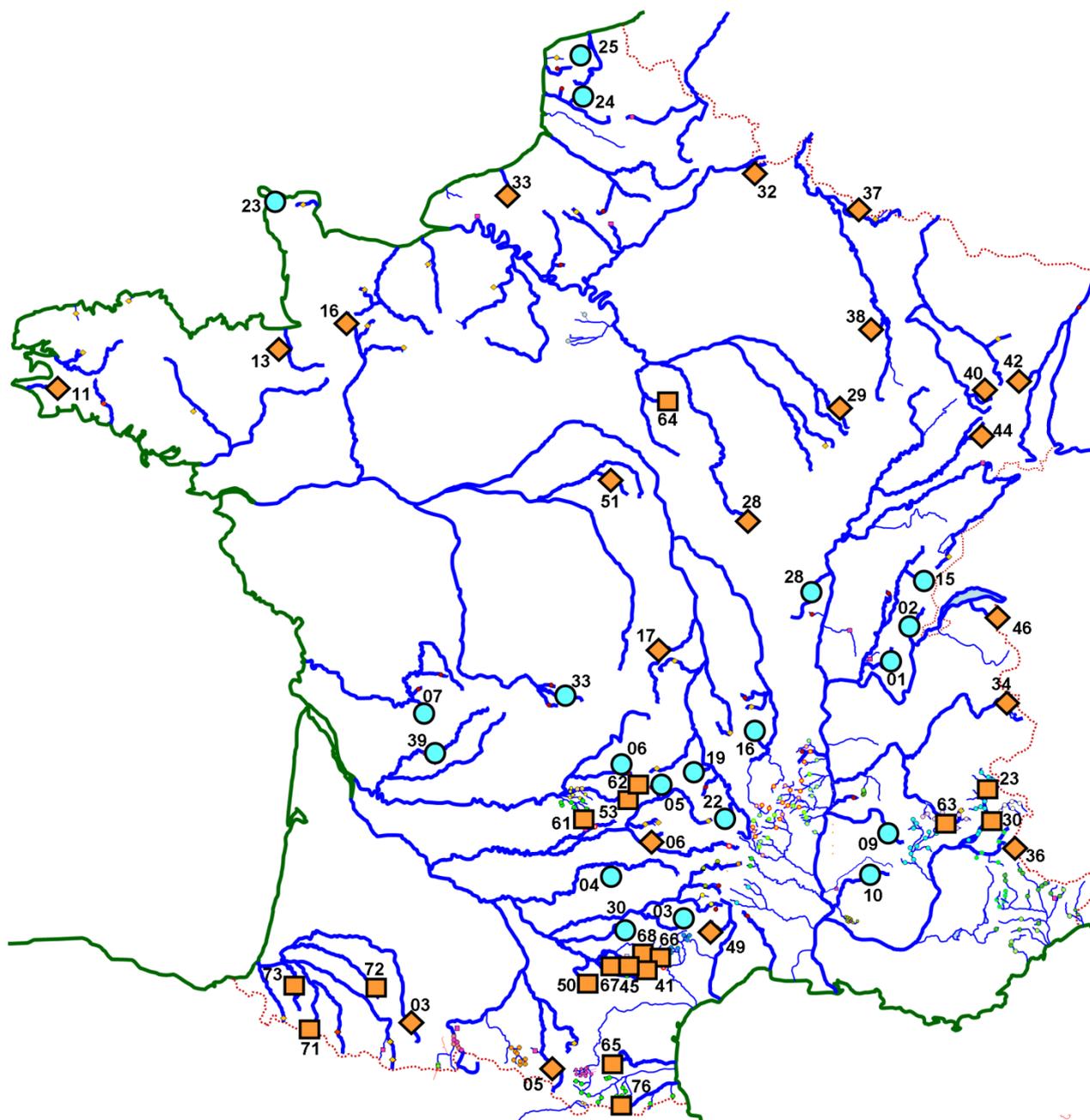


Figure 1 : Sur cette carte, les ronds bleus sont les stations analysées à l'occasion du programme GENESALM (2006-2008) et pris en compte dans la présente étude. Les formes en oranges correspondent aux échantillons sélectionnés pour la première année de GENETRUTTA: les carrés sont les échantillons fournis par diverses FD et les losanges par l'ONEMA. Dans cette carte "de travail" figurent aussi (en minuscule, presque invisibles) les presque 500 stations analysées par l'ISEM depuis 2005 (presque 500 autres stations, analysées entre 1991 et 2004 ne sont pas représentées).

La correspondance avec les Tableaux 1 se fait de la façon suivante: les chiffres à côté des ronds bleus correspondent aux échantillons GENESALM et donc aux numéros en GS; les chiffres à côté des carrés ou losanges oranges correspondent aux échantillons GENETRUTTA et donc aux numéros en GT.

5. Résultats

5.1 - Analyse multidimensionnelle

Les analyses multidimensionnelles présentées dans les Figures 2 à 4 doivent être considérées comme un débroussaillage des données. Elles donnent la meilleure représentation des ressemblances et dissemblances entre échantillons de référence de pisciculture (en blanc) et l'échantillon naturel testé (en rouge). Seuls des exemples de test sont représentés. En réalité, 60 tests ont été faits (une AFC pour chacun des échantillons des tableaux 1A et 1B) pour éliminer les truites de pisciculture de lignée atlantique (38 truites ont été retirées) et de lignée méditerranéennes (une seule a été trouvée dans nos échantillons et retirée).

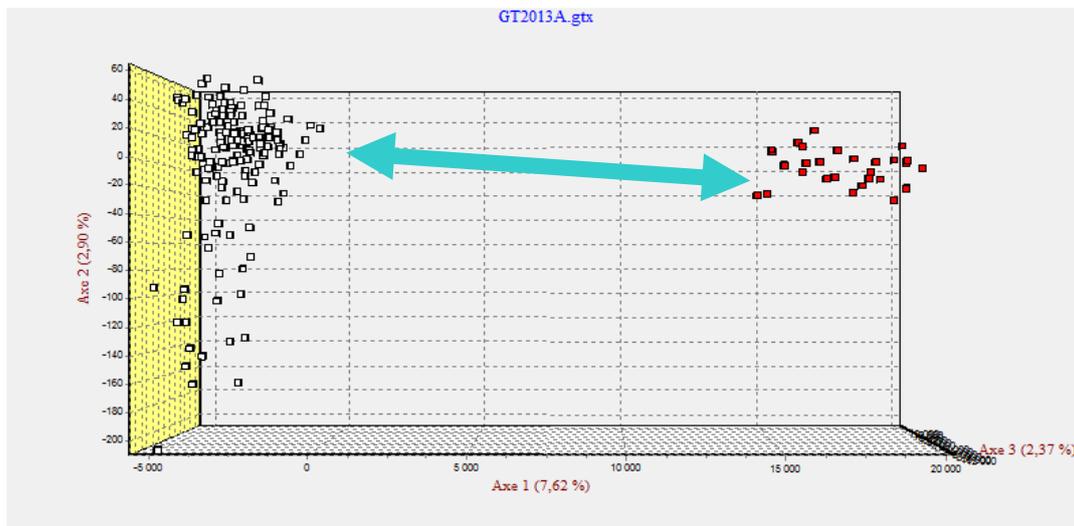


Figure 2 : A titre d'exemple, les truites de la Drôme (points rouges) ne présentent aucune trace de formes domestiques (points blancs à gauche). Le large espace vide entre points rouges et blancs garantit ce diagnostic. Dans ce cas, l'ensemble de l'échantillon a été conservé dans les analyses statistiques.

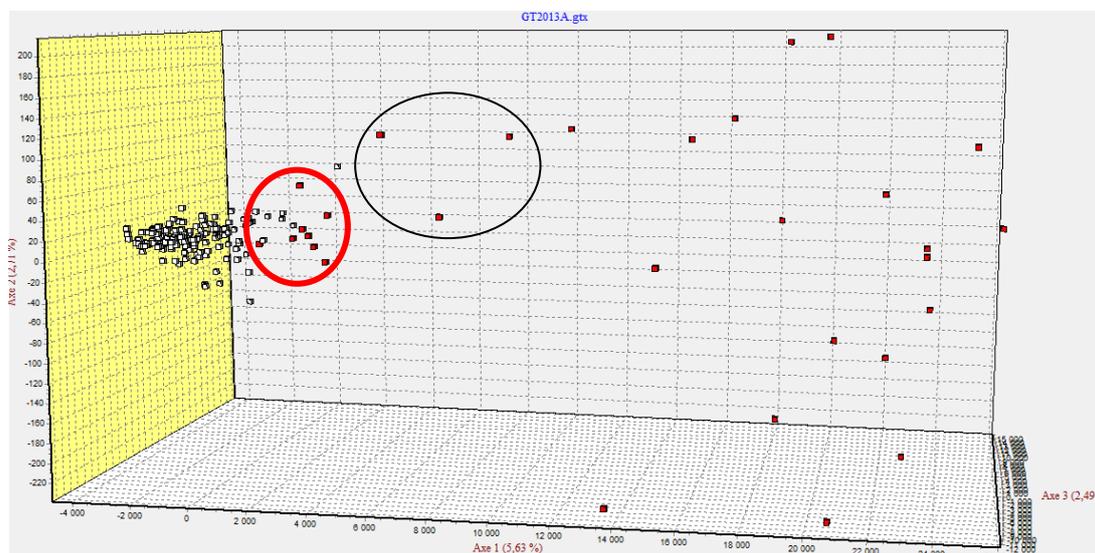


Figure 3 : Dans ce second exemple (points rouges = Maresque de Moyrazès, affluent du Tarn dans le département de l'Aveyron; points blancs = truites domestiques), les huit truites correspondant aux points rouges dans l'ellipse rouge ont été retirées: pêchées dans la rivière, elles sont très fortement hybridées avec la lignée domestique. Les trois truites dans l'ellipse noire ont été conservées malgré leur statut hybride probable. Le choix des truites à retirer est arbitraire puisqu'il existe théoriquement tous les intermédiaires hybrides entre une truite sauvage et une truite domestique. Où placer la barre est une question d'exigence. Ici seules les truites très proches des domestiques ont été retirées.

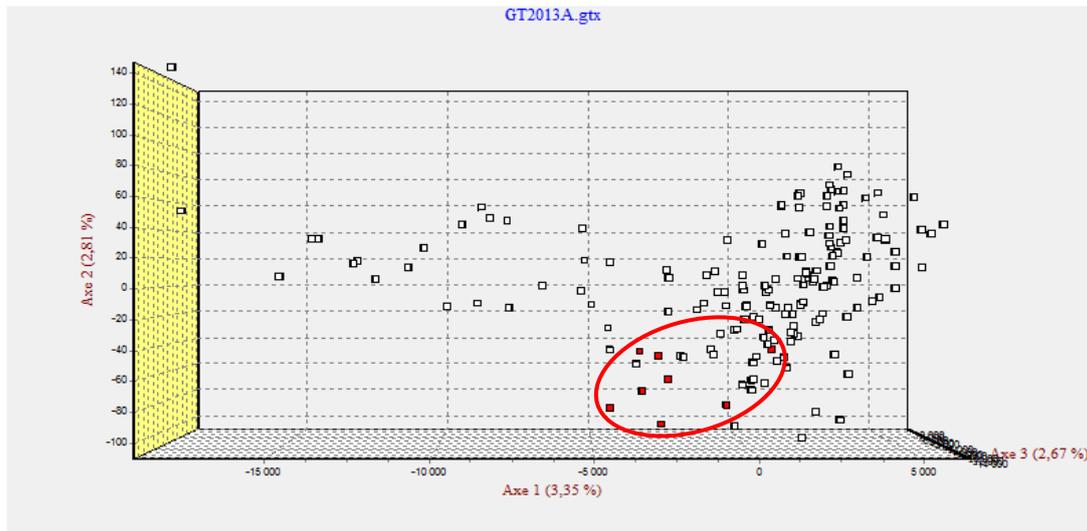


Figure 4 : Dernier exemple, l'Aubette, rivière du Val d'Oise affluent de l'Epte, elle-même affluent de la Seine, ne présente que des truites domestiques (les points rouge représentent l'Aubette et ne sont pas distincts des points blancs représentant les truites de pisciculture)

5.2 - Analyse d'assignation - Structure nationale

Au total, 1117 truites sauvages, débarrassées des formes domestiques issues de repeuplements récents et d'hybrides majoritairement domestiques, se distribuent en 60 stations naturelles décrites dans les Tableaux 1A et B (44 dans le versant atlantique et 16 dans le versant méditerranéen). Pour les analyses comparatives, elles sont accompagnées de deux échantillons de pisciculture soit 59 truites domestiques (29 de lignée méditerranéenne et 30 de lignée atlantique provenant de deux piscicultures commerciales nationales).

La représentation des résultats est subjective: étant généralement sédentaires, les truites sauvages sont différenciées dans chaque affluent d'un même bassin. Elle est aussi différenciée dans la même rivière entre amont et aval d'un obstacle naturel infranchissable à la remontée. Dans la plupart des cas donc, "aller au bout" de la description n'a pas de sens: chaque station est différente!

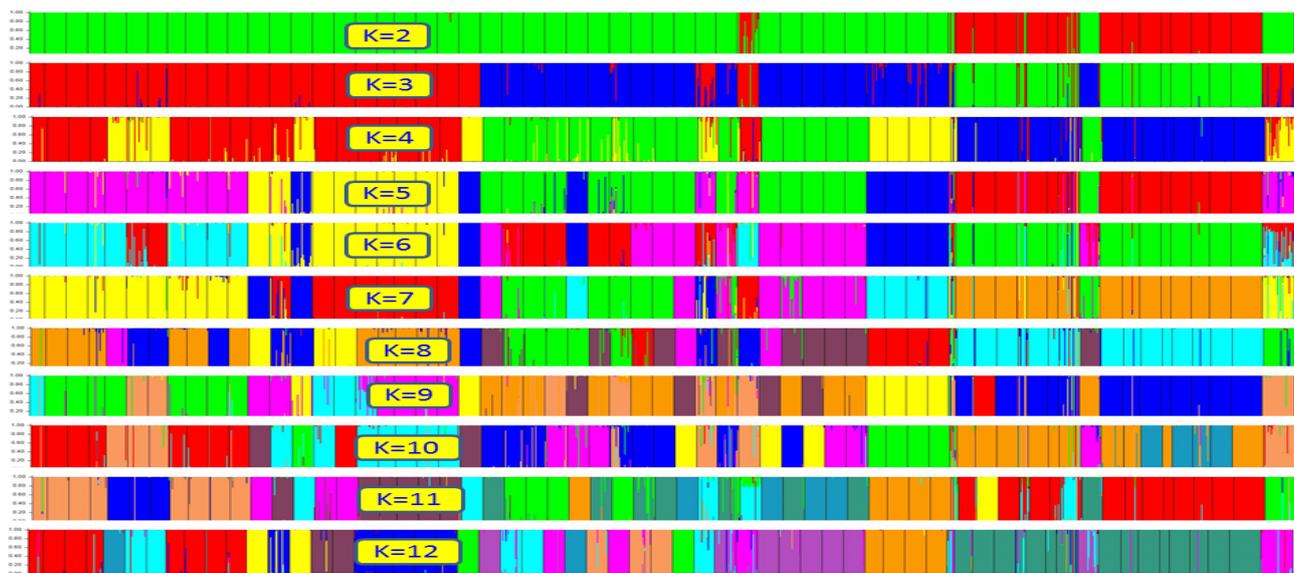


Figure 5: Etapes d'analyse d'assignation montrant un des découpages proposés par le logiciel STRUCTURE pour chacun des pas de k (k = nombre de sous-groupes imposés). Attention, les couleurs sont distribuées au hasard par le logiciel et n'ont pas de signification propre. Voir explications à la Figure 6.

Il faut donc faire des choix de présentation d'une réalité complexe. C'est en analysant les résultats de l'analyse d'assignation k par k (cela veut dire en découpant l'ensemble en 2, puis 3, puis 4... jusqu'à 12 sous-groupes, Figure 5) et en rapportant ces partitions sur une carte que le choix d'étape de 5 sous-groupes a été arrêté (Figure 6).

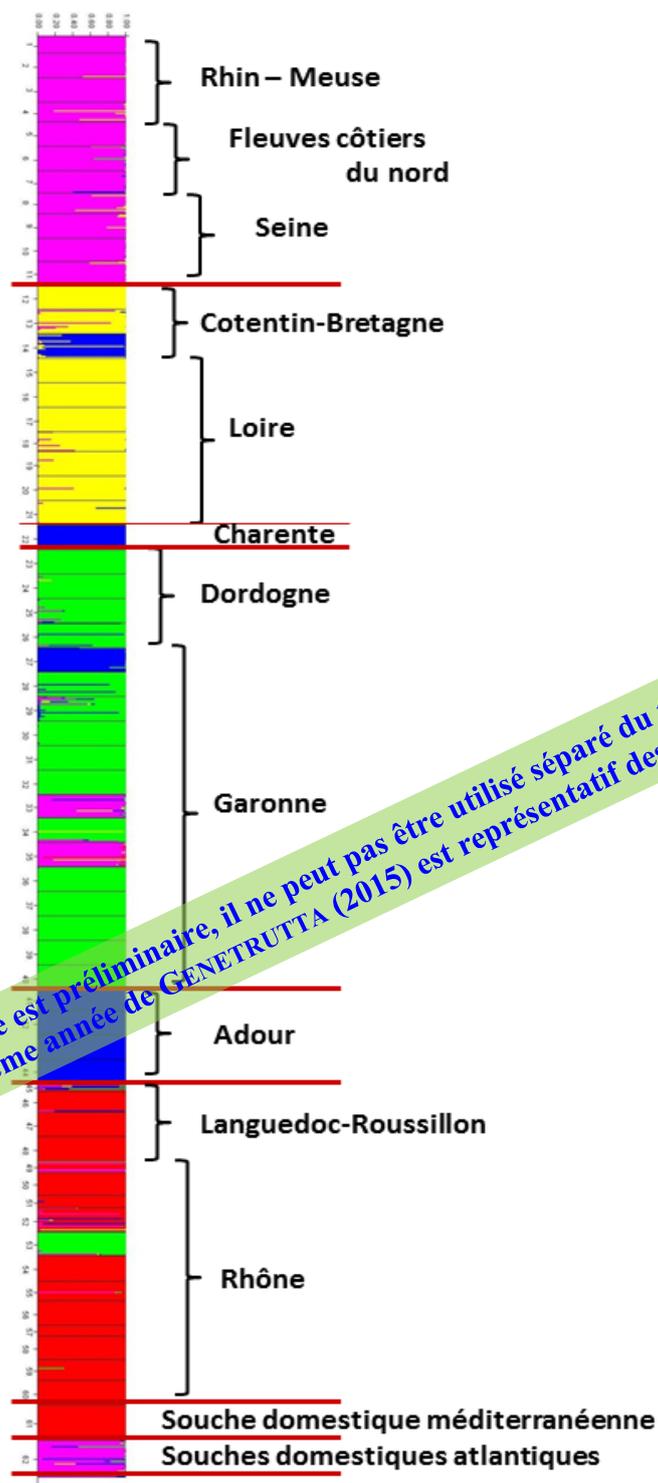


Figure 6: Etape de l'analyse d'assignation choisie pour $k=5$, permettant l'élaboration de la carte géographique des grandes subdivisions des peuplements naturels français (Figure 7). Il est inévitable que certains échantillons soient mal classés: il s'agit soit d'erreurs de lecture des génotypes, soit d'autres artefacts comme de "drop-out" (les variants les plus longs ne sont pas visibles sur le gel d'analyse), l'homoplasie (deux variants apparemment identiques sont issus d'histoires évolutives différentes; l'homoplasie est élevée dans les études à large distribution géographique comme ici)...

C'est cette analyse qui a permis de dessiner la carte globale de la Figure 7.

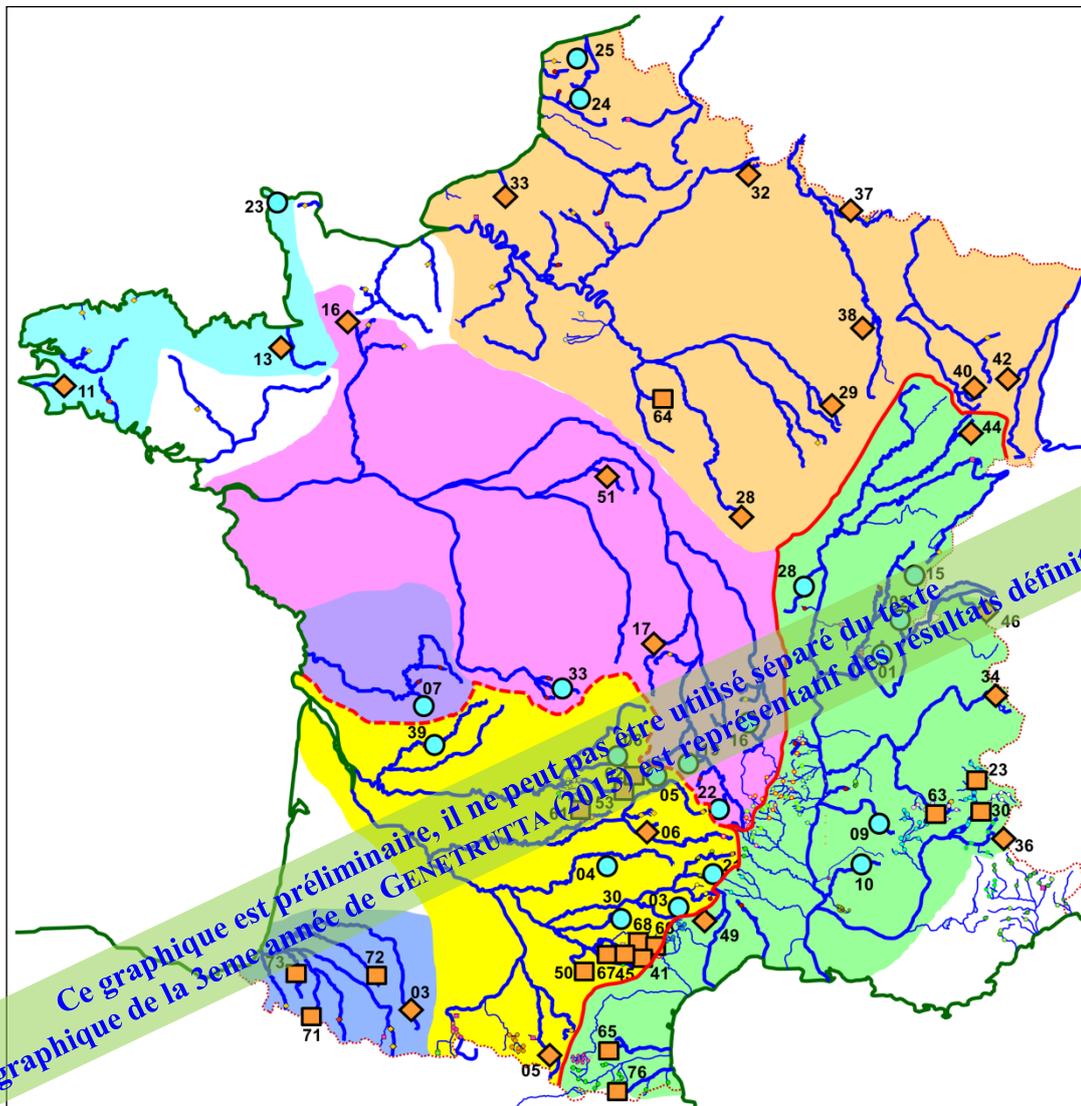


Figure 7 : Transposition géographique des résultats obtenus à la Figure 6 (les couleurs ont été changées). La signification des signes utilisés est expliquée dans la légende de la Figure 1.

- Selon l'analyse progressive représentée en Figure 5, la première grande subdivision des truites françaises oppose les formes atlantiques aux méditerranéennes (ligne rouge continue).
- La structure suivante sépare les peuplements atlantiques nord et sud (ligne rouge en pointillés).
- Les subdivisions suivantes distinguent au nord les ensembles Nord, Bretagne et Loire-Charente, et les deux ensembles sud Garonne et Adour.

Quelques zones en blanc seront à compléter lors de la seconde année (par exemple : Normandie, Bretagne, Loire moyenne, Champagne-Ardenne, arc méditerranéen...)

5.3. - Structuration régionale

Sont successivement présentées ci-dessous les relations entre truites d'un même sous-groupe, en suivant le premier découpage proposé par l'analyse de la Figure 6.

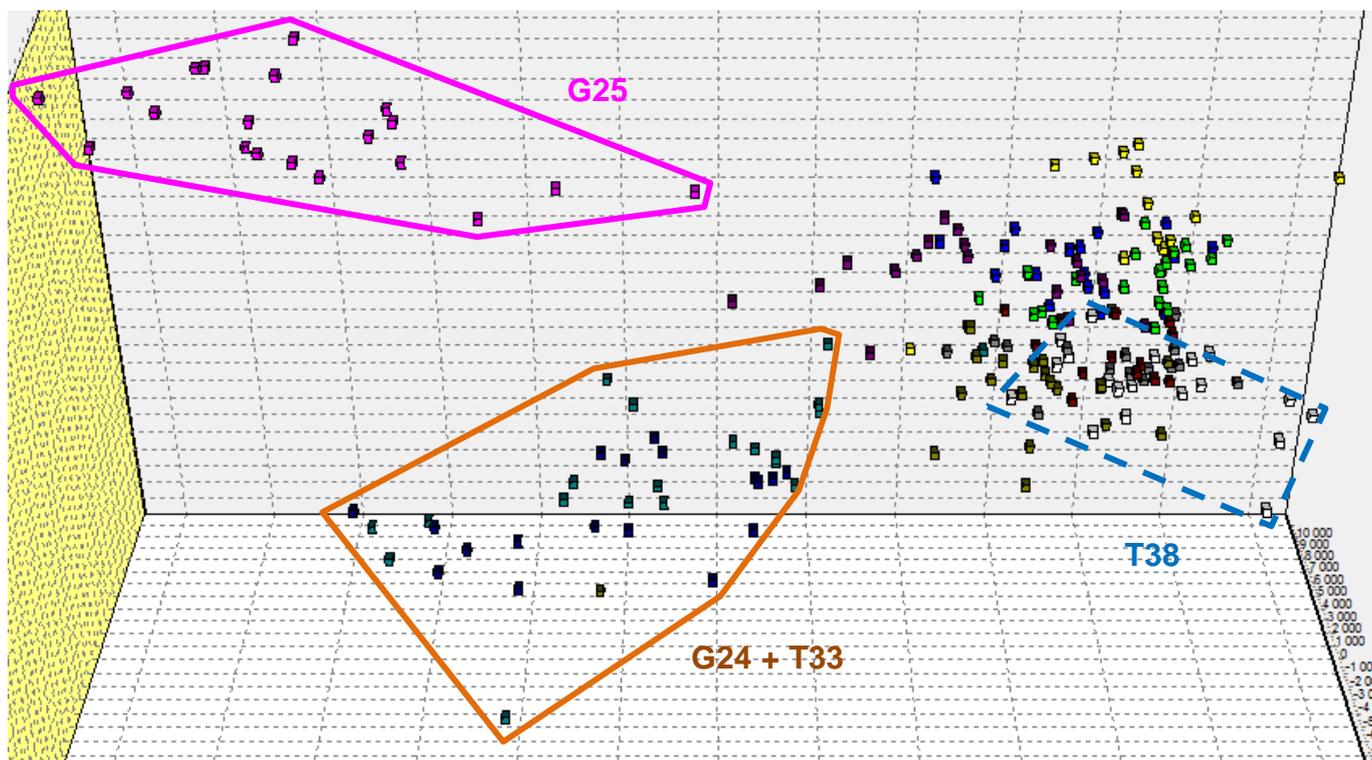


Figure 8 : Détail de la différenciation génétique observable dans les populations du groupe Nord. Les entités G25 et G24+T33 sont reportées par des couleurs sur la carte de la Figure 14, l'entité T38, faiblement différenciée (le long de l'axe 3, le moins informatif des trois premiers axes), y fera l'objet d'une simple ellipse.

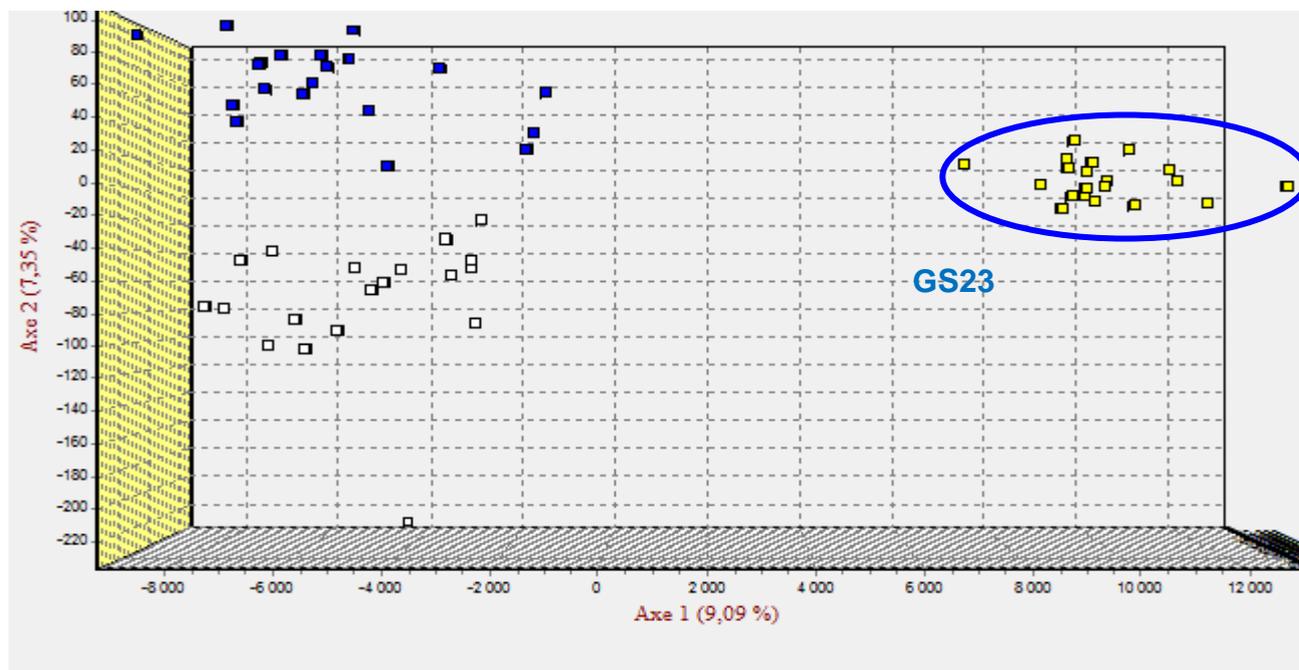


Figure 9 : Différenciation à l'intérieur du groupe Bretagne. L'axe 1 (horizontal) étant le plus informatif, c'est le Cotentin (échantillon GS-23) qui se distingue des autres localités (mais Goyen et Couesnon sont aussi différenciés).

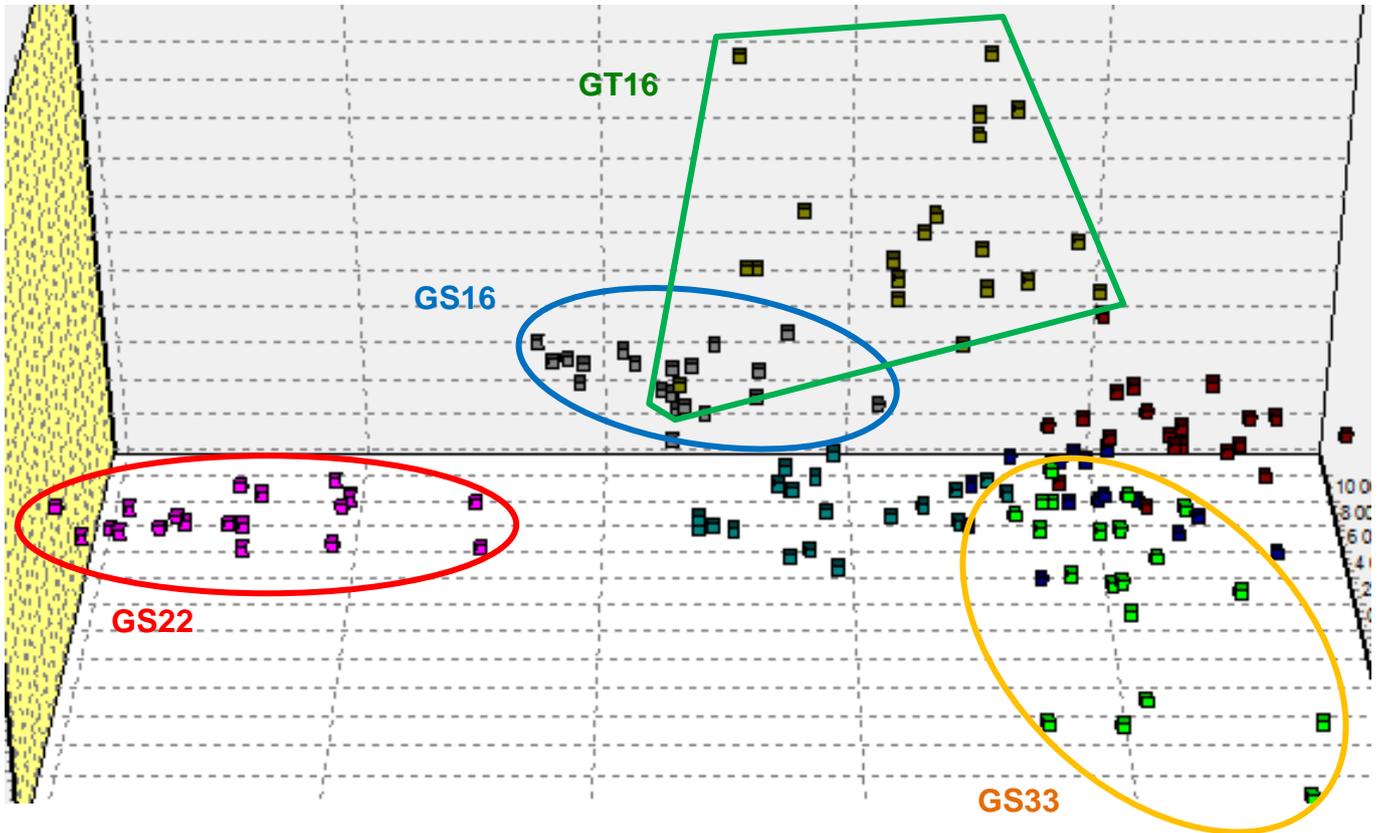


Figure 10 : Le groupe Loire montre quatre zones différenciées par rapport au centre du graphique (= cours principal de la Loire). GT16 et GS16 se différencient le long de l'axe 3.

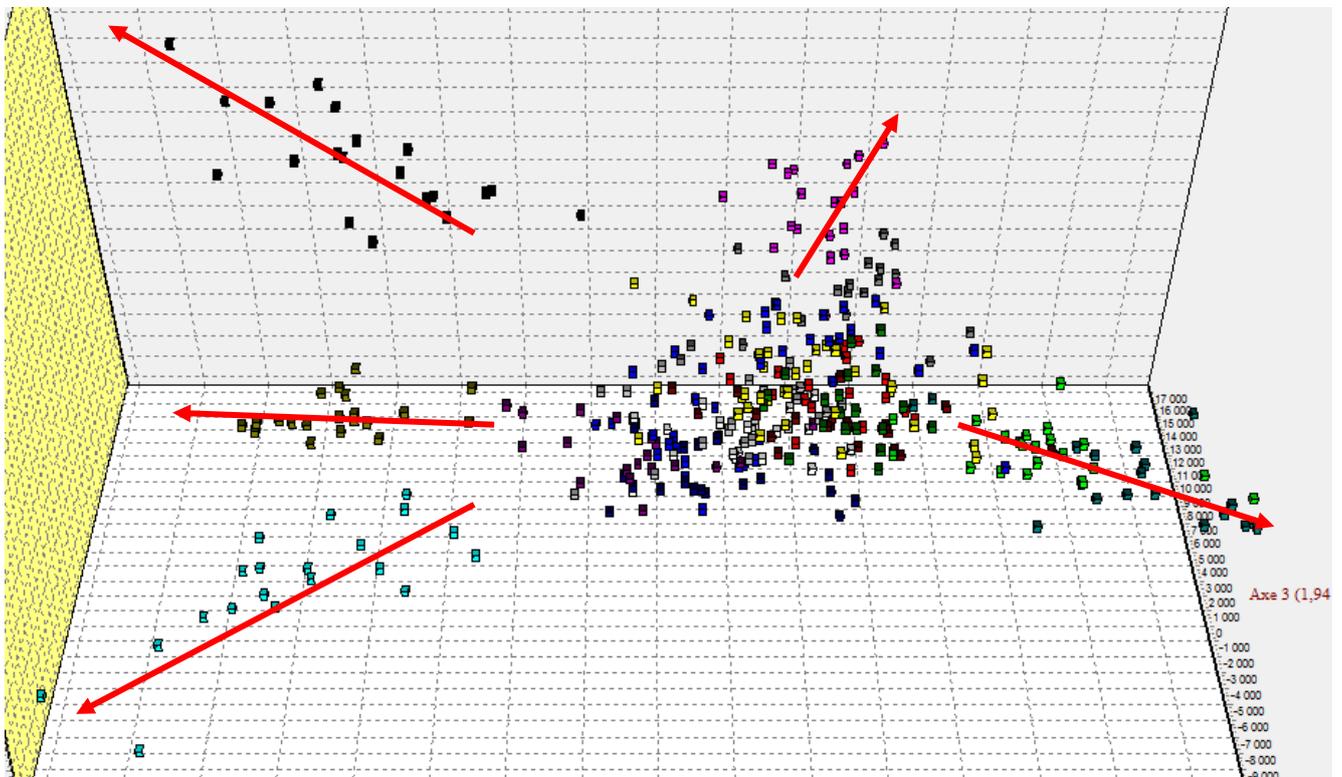


Figure 11 : Il est difficile de décrire des sous-unités régionales claires à l'intérieur du groupe Garonne. Nous observons un nuage central indifférencié entouré d'échantillons isolés différenciés (flèches rouges). Par conséquent, pour ce groupe, les échantillons différenciés sont simplement indiqués en rouge dans la carte générale de la Figure 14.

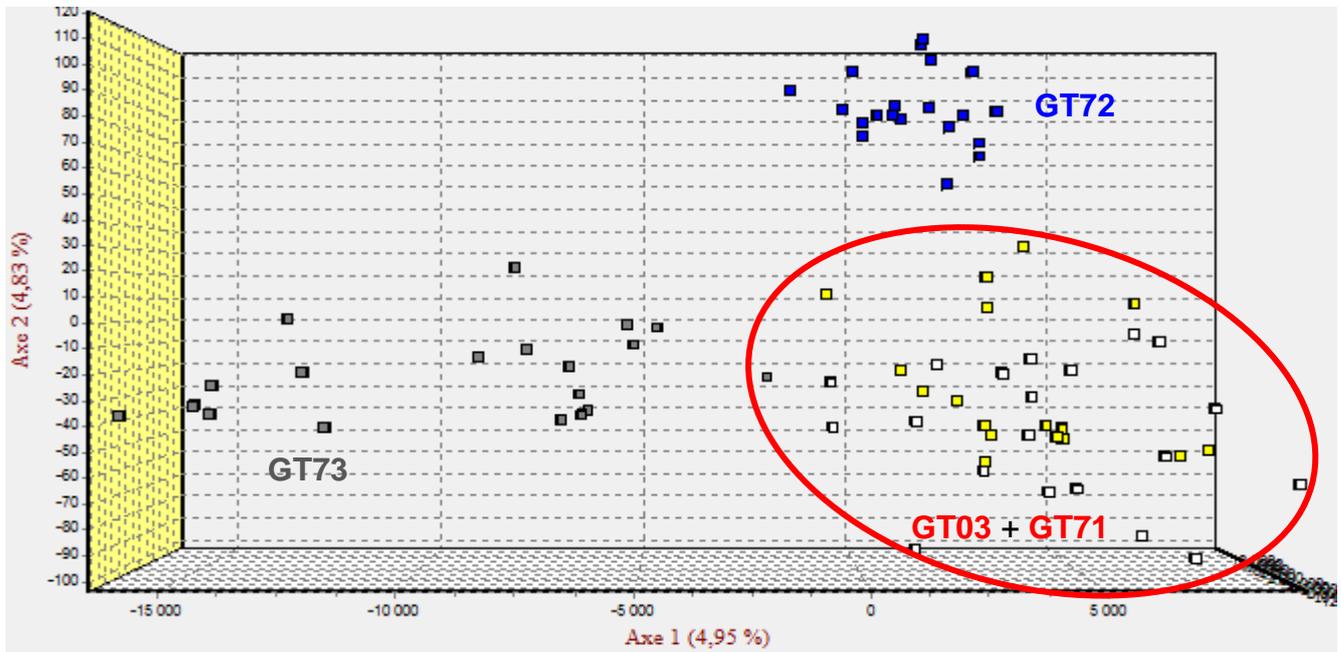


Figure 12 : Le groupe de l'Adour ne comprend que 4 stations. On ne remarque que la ressemblance entre T03 et T71 (dans l'ellipse rouge). L'histoire évolutive de la région est complexe, et cette ressemblance peut correspondre à la frontière biologique entre types atlantiques du nord et du sud (Berrebi 1997).

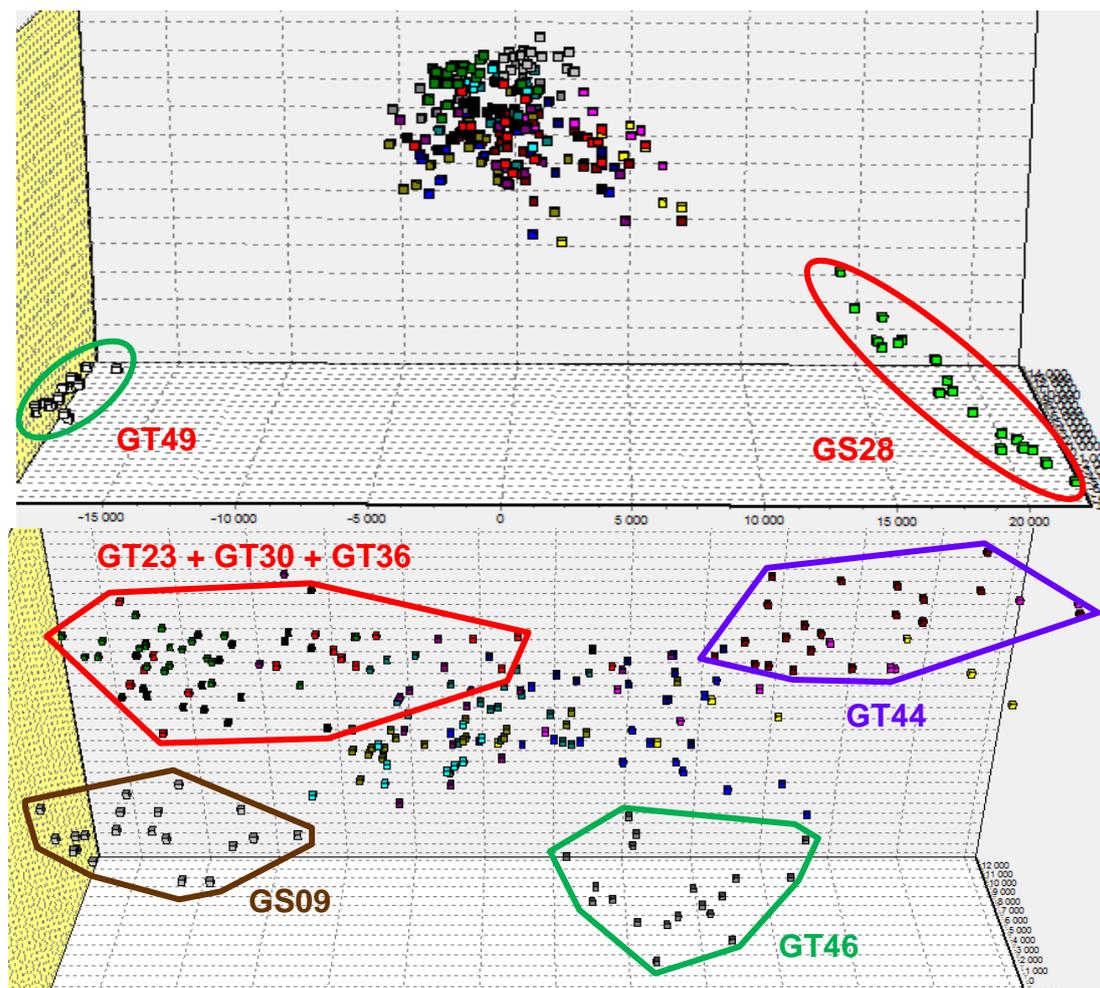


Figure 13 : La description du groupe méditerranéen a nécessité deux analyses enchainées: en haut se distinguent la Vis et la Bessay (Saône). Une fois ces dernières retirées, l'analyse du bas distingue 4 nouvelles zones par rapport au méditerranéen central.

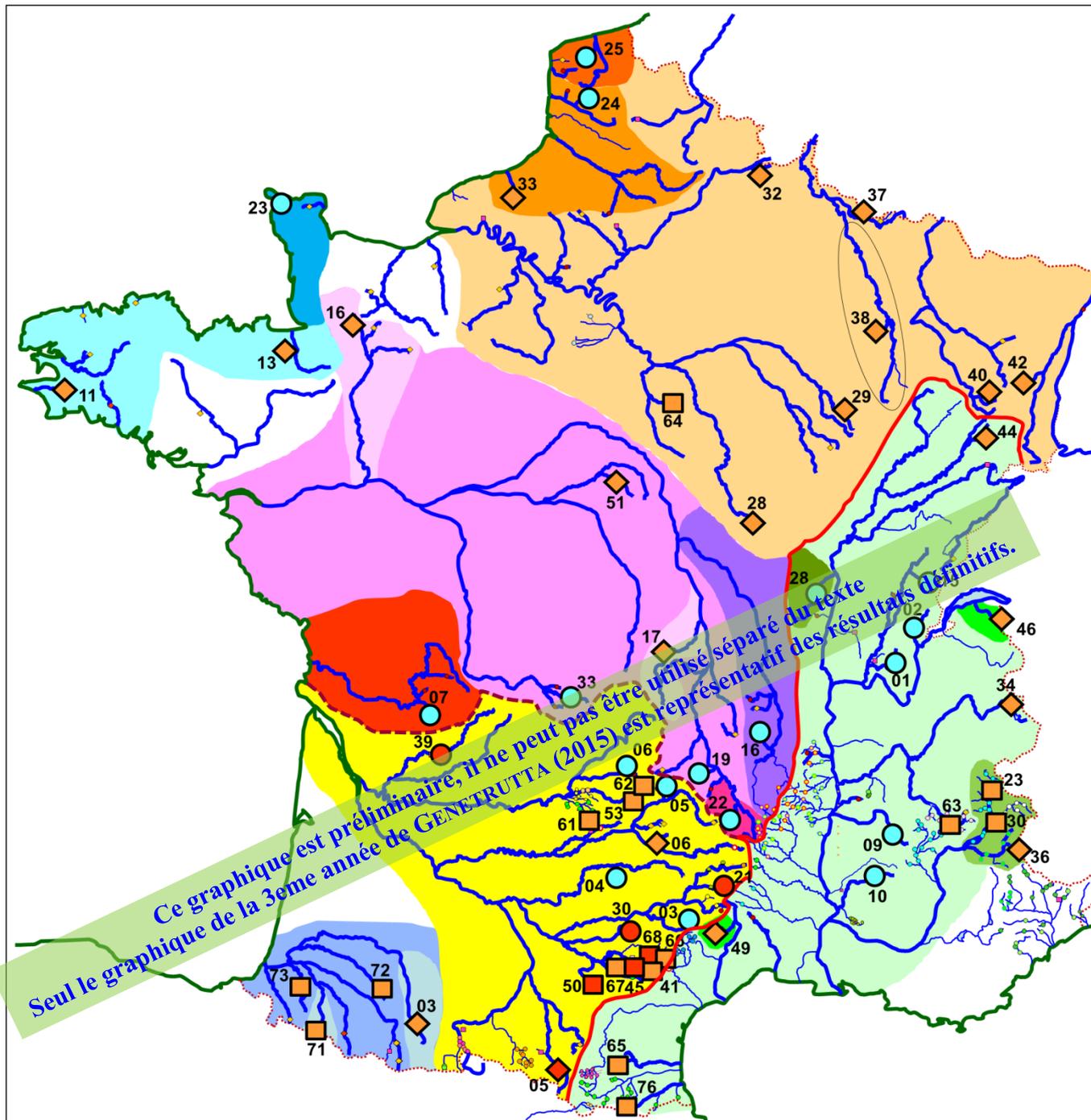


Figure 14 : Carte détaillée provisoire des principales lignes de truites françaises.

Comment lire cette carte?

D'abord considérer qu'il s'agit d'extrapolations (surfaces colorées) basées sur très peu de points analysés.

La première structure à considérer est la séparation Atlantique - Méditerranée (ligne rouge) puis la séparation entre le nord et le sud de la ligne en pointillés entre Loire et Garonne.

La suite hiérarchique est la constitution de quatre groupes dans le nord atlantique (nord + Bretagne + Loire + Charente) et de deux groupes au sud atlantique (Garonne et Adour).

Enfin, à l'intérieur de chacun des groupes régionaux, des localités ou groupes de localités se distinguent et font l'objet de petites surfaces de couleurs légèrement différentes.

6. Interprétation et discussion

Ce rapport constitue le premier d'une série de trois, correspondant au programme GENETRUTTA initié par la FNPF et aidé par de nombreux organismes et personnes. Ses résultats sont donc provisoires et ne cesseront de se préciser d'ici la mi-2015.

Le présent opus a bénéficié de données issues du précédent programme GENESALM (24 échantillons utilisés), d'échantillons fournis par l'ONEMA (19), les FD (17) et l'ISEM (3), soit un total de 63 échantillons pris en compte en 2013.

Ce chiffre peut paraître important, mais considéré à l'échelle nationale, il correspond à bien moins qu'une station par département et la carte de la Figure 1 montre bien le petit nombre de points par bassin. Par conséquent, pour que la description géographique des différentes lignées françaises soit visuellement intuitive, il a été procédé à une large extrapolation (un point étant considéré comme représentatif d'un grand bassin) ce qui est bien sûr abusif. C'est pour cela qu'il n'est pas recommandé d'extraire un tableau ou une figure de son contexte dans ce rapport.

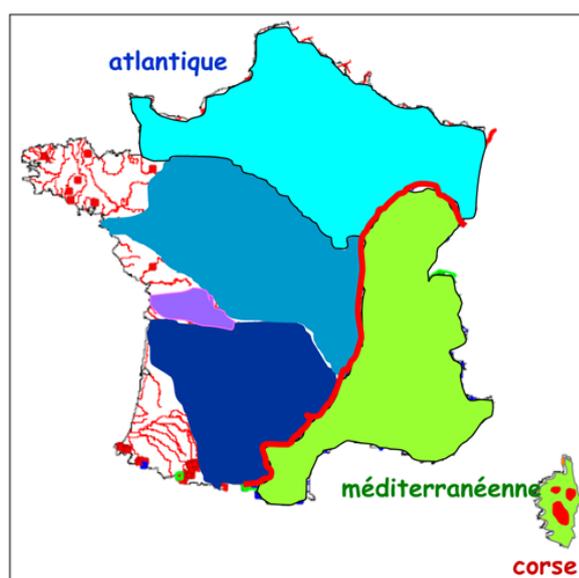


Figure 15 : Carte issue du programme GENESALM (d'autres subdivisions, ne figurant pas ici, ont été décrites à l'intérieur des 6 entités colorées).

Bénéficiant des résultats déjà intéressants du programme GENESALM (Figure 15), les résultats représentés à la Figure 14 permettent d'offrir une première vision globale des truites de France avec 5 principales régions:

- le NORD regroupe les fleuves côtiers du Pas de Calais jusqu'à l'embouchure de la Seine, le Rhin et la Meuse;
- la BRETAGNE comprend le Cotentin et la pointe bretonne;
- la LOIRE + CHARENTE se suffit de son nom;
- la GARONNE inclut Garonne et Dordogne
- l'ADOUR est une petite entité indépendante;
- le versant de la MEDITERRANEE est celui qui présente le moins de structure pour une des plus grandes surfaces.

Il a été difficile de subdiviser ces 5 régions à cause du petit nombre de points échantillonnés par bassin. Il a été mis en évidence des sous-régions comme les fleuves côtiers autour de la Somme ou le haut de la Durance, mais le plus souvent ce sont des stations isolées se distinguant des autres, empêchant une extrapolation raisonnable. Ce problème se réduira avec l'augmentation des stations analysées lors des prochaines années et l'emploi d'autres méthodes dites phylogénétiques.

Le développement de ce projet passera par une augmentation du nombre de stations. Déjà de nombreux échantillons fournis par l'ONEMA sont en réserve à l'ISEM. Les années prochaines, d'autres FD prendront l'initiative d'inclure leur département dans ce programme. Enfin l'ISEM dispose de presque mille échantillons de toutes les régions de France. Ces échantillons étant parfois anciens, ils ne seront exploités que lors de la troisième année pour les zones qui n'auront pas obtenu de pêches récentes. Ainsi les régions Alpes Maritimes et Corse seront certainement prises en compte.

Une des questions qui sera discuté (surtout en fin de programme) est l'aspect pratique. Il est clair que dans la plupart des régions françaises, la truite est extrêmement sédentaire et se différencie à très petite échelle, donnant une sorte de patchwork génétique. Vouloir protéger de si petites entités est illusoire. Jusqu'où aller dans la subdivision des types génétiques à respecter? Quels critères biologiques et quels critères de gestion pourraient être retenus pour définir cette précision?

Cette cartographie doit être utilisée pour guider les actes de gestion: Sur le plan de la gestion, quelle subdivision considérer pour piloter les repeuplements ? Avec quelle souche et où? Au vu des résultats déjà acquis sur certains bassins, il semble que seul le repeuplement à partir de souches autochtones soit raisonnable, mais puisque des milliers de souches locales ne peuvent pas être créées, jusqu'où peut-on admettre un mélange de souche qui ne soit pas dommageable à la biodiversité de la truite et au maintien de ses populations fonctionnelles ?

Toutes ces questions doivent faire l'objet d'échanges entre gestionnaires des rivières et scientifiques.

Fait à Montpellier le 27 septembre 2013

7. Références bibliographiques

- Berrebi P. 1997. Biodiversité génétique des truites fario des bassins de l'Adour, la Nivelle et l'Untxin - Marqueurs allozymiques - Rapport de janvier 1997: Université Montpellier II. ([ADOUR1](#))
- Berrebi, P., & Cherbonnel, C. (2009). *Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme Genesalm - tome 1 - version du 15 décembre 2009*: Université Montpellier 2, rapport de contrat du programme Genesalm, 22p. ([GSALM2](#))
- Berrebi, P., Cherbonnel, C., & Tronche, A. (2010). *Analyse génétique de trois populations de truites de la Haute Cère (Cantal) - octobre 2010*: Rapport de contrat pour la Fédération de Pêche du Cantal, Université Montpellier 2, 10p. ([CANT1](#))
- Berrebi, P., & Cherbonnel, C. (2011). *Composition génétique des truites de l'Agout -Agout, Thoré, Arn et Sor- Génotypage de 16 microsatellites*: Rapport d'analyse pour la Fédération de Pêche 81. ISEM, Université Montpellier 2. ([TARN1](#))
- Berrebi, P. (2011). *Report on the analyses of the nuclear data (microsatellites) obtain on the French-Italian sampling of the Alpine border populations of trout - Internal report*: Rapport interne pour préparer le rapport d'Alvise Lucarda. ([FR-IT1](#))
- Berrebi, P., Doucende, D., Reynaud, N., & Cherbonnel, C. (2011). *Analyse génétique de la population de truite fario de la Durance en amont de Serre-Ponçon - Rapport de septembre 2011*. Université Montpellier 2: Rapport de contrat avec la Fédération de Pêche des Hautes-Alpes, 29p. ([DUR6](#))
- Berrebi, P., Fridrick, L., & Cherbonnel, C. (2012). *Analyse génétique des truites des bassins versants du Bervezou et du Veyre (département du Lot, pêches de mai-août 2011) - Rapport de juin 2012*. ([LOT2](#))
- Berrebi, P., & GENINDEX. (2012). *Analyse génétique des truites du bassin du Drac - Programme (DRC1) - Rapport de décembre 2012*: Rapport d'étude pour la FD05, Université Montpellier 2.
- Berrebi, P., & Shao, Z. (2013). *Analyse génétique des truites du département du Tarn (Gijou, Vèbre, Durenque et souches de la pisciculture de Pujol) au niveau de 12 marqueurs microsatellites (participant au programme GENETRUTTA 2012-2015) - Programme TARN2 - Rapport de février 2013*: Université Montpellier 2, 8p.
- Berrebi, P., & Shao, Z. (2013). *Analyse génétique des truites de la Cléry, affluent rive gauche de l'Axe Loing, bassin de la Seine (Loiret), dans le cadre du programme national Genetrutta - Programme GT-LOIRET - Rapport de janvier 2013*: Rapport pour la FD45, Université Montpellier 2.
- Berrebi, P., & GENINDEX. (2013). *Analyse génétique de truites du département des Pyrénées Atlantiques (Luy de France, Mauléon et Bidouze) dans le cadre du programme national Genetrutta (12 microsatellites) - Programme GT-PAI - Rapport de mai 2013*: Etude pour la FD 64, Université Montpellier 2.
- Berrebi, P., & Shao, Z. (2013). *Analyse génétique des 4 échantillons de truites des Pyrénées Orientales (Tech et Agly) - Programme PO7 - Rapport de février 2013*: Université Montpellier 2, 13p.