

# Analyse génétique de 3 échantillons de truites de Lozère (Tarn et Jonte)

Projet LOZ2  
Rapport de janvier 2013



© [http://www.communes.com/languedoc-roussillon/lozere/sainte-enimie\\_48210/photos,159654.html](http://www.communes.com/languedoc-roussillon/lozere/sainte-enimie_48210/photos,159654.html)

Analyses statistiques, interprétation, rédaction: **Patrick Berrebi**  
Analyses moléculaires: **Zhaojun Shao**

\* 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](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)



## 1. Introduction

La présente étude fait suite à celle de 2009 ayant montré que le haut Tarn (Mas Camargues) était peuplé de truite très probablement autochtones, sans trace de croisement avec des truites domestiques (Berrebi & Cherbonnel, 2009).

Le Tarn a été et continu d'être aleviné en Lozère sur sa partie basse (aval de Sainte Enimie) et n'est plus aleviné sur l'ensemble des têtes de bassin (Tarn amont, Tarnon et haut bassin de la Jonte). Il l'a été depuis des décennies avec la souche Chapeauroux (issue de géniteurs locaux de l'Allier), puis par translocations depuis l'Allier, puis avec la souche du Mt Lozère (géniteurs locaux également). La détection de l'influence des souches Chapeauroux et Mt Lozère ont été recherchées en comparant des échantillons de truites de l'Allier et du Tarn (Berrebi & Cherbonnel, 2009).

Les échantillons récoltés en 2012 s'intéressent au Tarn (autour de Florac et de Sainte Enimie) et à la Jonte près de Meyrueis. Le détail des échantillons choisis est présenté au Tableau 1 (lignes en jaune). Ils ont été livrés au laboratoire le 26 septembre 2012. Valérie Prouha a été la correspondante de la Fédération de la Lozère pour la pêche et la protection des milieux aquatiques lors de cette étude.

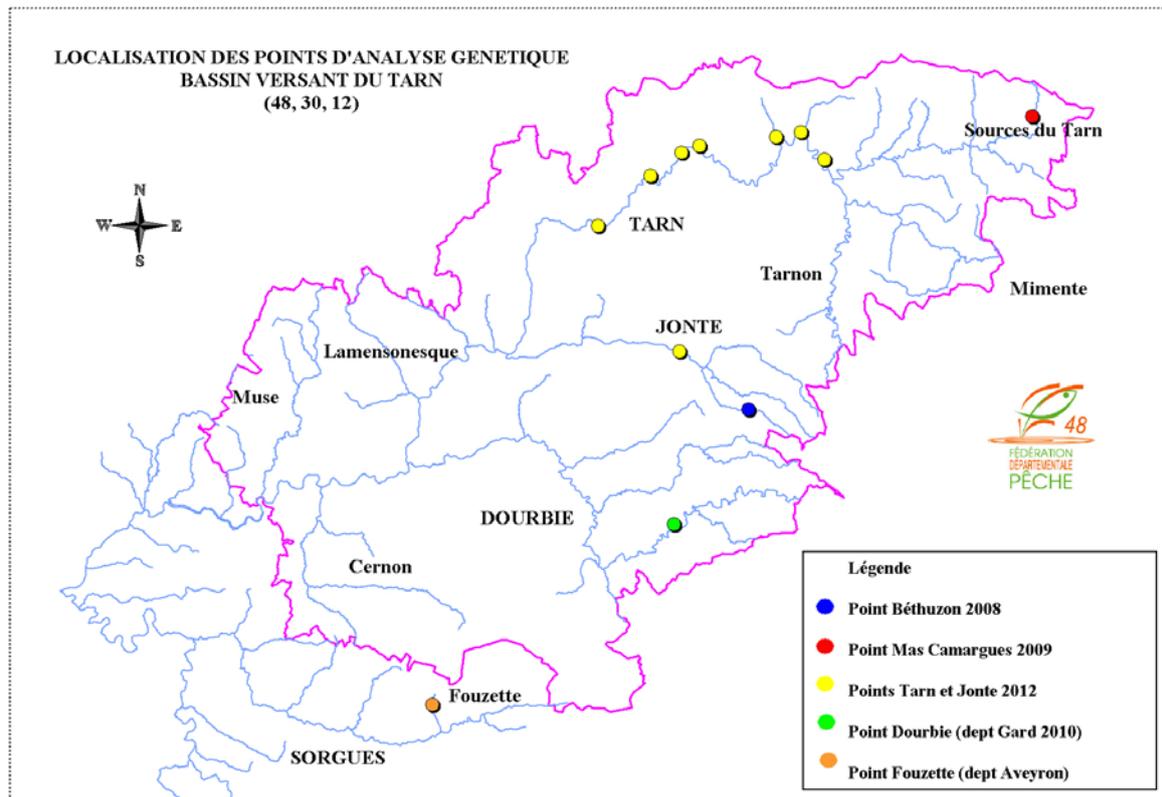
## 2. Echantillonnage

L'échantillonnage de 2012 concerne 3 stations, mais du fait de la rareté des truites à certains endroits (perturbations thermique et hydromorphologique fortes sur le tronçon Florac-Sainte Enimie), jusqu'à 4 sites de captures ont été nécessaires pour atteindre le nombre de 30 truites.

| N° | localité                         | sous bassin        | N station | N rivière  | date       | n° ISEM         | n° LOZ2         |
|----|----------------------------------|--------------------|-----------|------------|------------|-----------------|-----------------|
| 1  | Haut Tarn - Mas Camargues        | Tarn               |           | 30         | 22/07/2009 | T15333 à T13362 |                 |
| 2  | Tarn aval Florac (1 Fayet)       | Tarn               | 12        | 30         | 14/09/2012 | T23431 à T23442 | 61 à 72         |
| 3  | Tarn aval Florac (2 Cantonnet)   | Tarn               | 4         |            | 14/09/2012 | T23443 à T23446 | 73 à 76         |
| 4  | Tarn aval Florac (3 Quézac)      | Tarn               | 14        |            | 21/09/2012 | T23447 à T23460 | 77 à 90         |
| 5  | Tarn aval Sainte Enimie (site 1) | Tarn               | 9         |            | 30         | 06/09/2012      | T23371 à T23379 |
| 6  | Tarn aval Sainte Enimie (site 2) | Tarn               | 4         | 06/09/2012 |            | T23380 à T23383 | 10 à 13         |
| 7  | Tarn aval Sainte Enimie (site 3) | Tarn               | 7         | 11/09/2012 |            | T23384 à T23390 | 14 à 20         |
| 8  | Tarn aval Sainte Enimie (site 4) | Tarn               | 10        | 11/09/2012 |            | T23391 à T23400 | 21 à 30         |
| 9  | Genesalm-21 Béthuzon             | Jonte/Tarn         |           | 30         | 2008       | T15893 à T15921 |                 |
| 10 | Jonte aval Meyrueis              | Tarn               |           | 30         | 14/09/2012 | T23401 à T23430 | 31 à 60         |
| 11 | Dourbie                          | Tarn               |           | 30         | 15/09/2010 | T17918 à T17941 |                 |
| 12 | Genesalm-03 Fouzette             | Sorgues/Tarn       |           | 30         | 2008       | T15786 à T15815 |                 |
| 13 | Genesalm-35 Pisciculture 1 (65)  | -                  |           | 15         | 2008       | T17001 à T17015 |                 |
| 14 | Genesalm-38 Pisciculture 2 (01)  | -                  |           | 15         | 2008       | T17016 à T17030 |                 |
| 15 | Genesalm-22 Chantelouve          | Chapeauroux/Allier |           | 26         | 2008       | T15922 à T15947 |                 |

*Tableau 1 : Description des échantillons de truite analysés dans ce rapport. Les lignes en jaune sont les échantillons de 2012. Les lignes en gris sont les références domestiques atlantiques commerciales. Les autres échantillons servent de comparaison géographiquement plus ou moins proches.*

Afin de comparer ces échantillons avec d'autres effectués dans les mêmes rivières et autour, l'échantillon du haut Tarn de 2009 a été repris dans les analyses statistiques (échantillon n°1, Tableau 1). Pour accompagner l'échantillon 2012 de la Jonte, un prélèvement de 2008 du Béthuzon (son affluent) est rajouté à la liste. La Dourbie, affluent rive gauche du Tarn se déversant dans le Tarn à proximité de la Jonte sert de comparaison régionale. Enfin la Fouzette est dans le sous-bassin des Sorgues, autre affluent gauche du Tarn. Les deux échantillons de truites domestiques commerciales vont permettre de détecter d'éventuels repeuplements avec la truite domestique nationale et celui de Chantelouve permettra de rechercher une influence de l'Allier.



**Figure 1** : localisation des échantillons de 2012 ainsi que des références utilisées dans les calculs

### 3. Méthode moléculaire

Cet échantillonnage a été analysé au niveau de 6 locus microsatellites: Oneµ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, MST 543 et Ss0sL438.

Pour cela, les échantillons de nageoire sont traités à la protéinase K (destruction des tissus et libération de l'ADN) et au Chelex (élimination des enzymes et inhibiteurs qui détruiraient l'ADN ou empêcheraient la PCR).

Les PCR (amplifications artificielles à l'identique d'une courte partie de l'ADN) se font en thermocycleur et les produits amplifiés sont mis à migrer dans des gels d'acrylamide dénaturant (brins d'ADN séparés les uns des autres).

Les migrations sont scannées (scanner FMBIO II) grâce aux radicaux fluorescents des amorces et interprétés en terme de génotypes avec l'aide d'un analyseur d'image FMBIO IMAGER 8. La matrice de génotypes obtenue est la base de tous les calculs statistiques.

## 4. Méthode statistiques

La matrice de données génotypiques additionnée des génotypes de référence d'origine connue (liste en Tableau 1) dont deux lots de 15 truites provenant de piscicultures élevant la souche domestique INRA-SEMII, la plus répandue en France, sert de base aux calculs.

Dans le but de répondre aux questions posées, deux méthodes complémentaires sont employées:

- Une méthode plutôt qualitative est l'**analyse multidimensionnelle** (ici l'AFC). Elle permet de visualiser chaque truite dans un hyper-espace qui favorise le regroupement des truites génétiquement semblables et sépare celles qui sont dissemblables. Il s'agit d'un défrichage des données.

- Une méthode plutôt quantitative consiste à rechercher les meilleurs regroupements de truites (**assignment**) au moyen du logiciel STRUCTURE. Le nombre de partitions testées (k) doit aboutir à la définition des lignées génétiques différenciées. Ces assignments permettent de proposer des pourcentages de chaque échantillon aux k types génétiques reconnus.

- La mesure du polymorphisme se fait avec  $H_o$  (proportion de génotypes hétérozygotes) et  $H_{nb}$  (proportion de génotypes hétérozygotes théoriques: ce qu'on observerait si la population était en équilibre panmictique).

- Le paramètre  $F_{is}$  dépend de la différence entre  $H_o$  et  $H_{nt}$  et décrit donc la panmixie de la population, c'est à dire la libre reproduction entre tous les reproducteurs; cette panmixie se réduit quand il y a migration, comme l'arrivée de F1 depuis les affluents (classique en rivières méditerranéennes) et surtout alevinage.

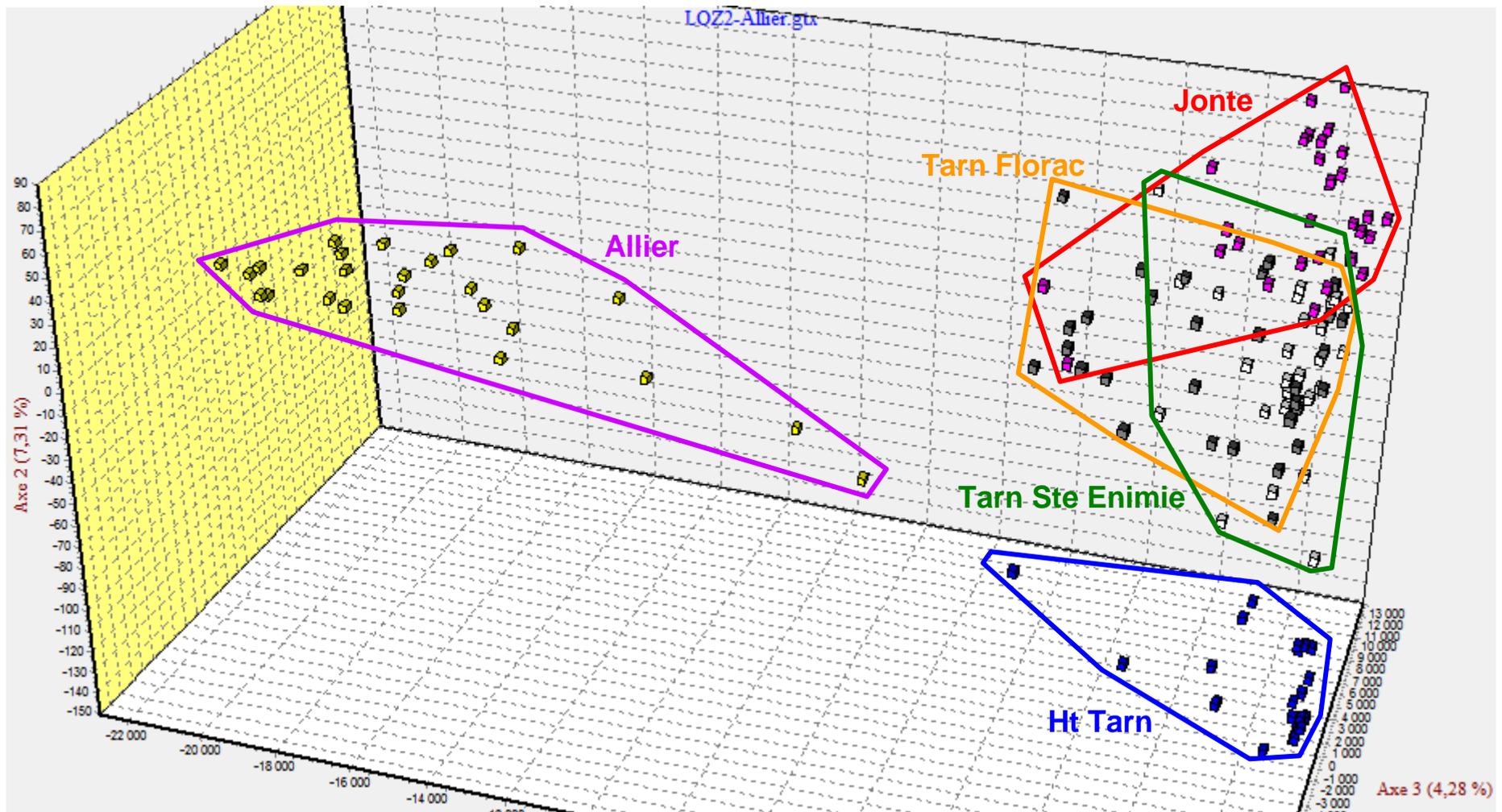
- Les distances génétiques (ici celle de Cavalli-Sforza & Edwards) mesurent la quantité de différence entre deux échantillons. Un test de significativité est appliqué (1000 permutations).

## 5. Résultats

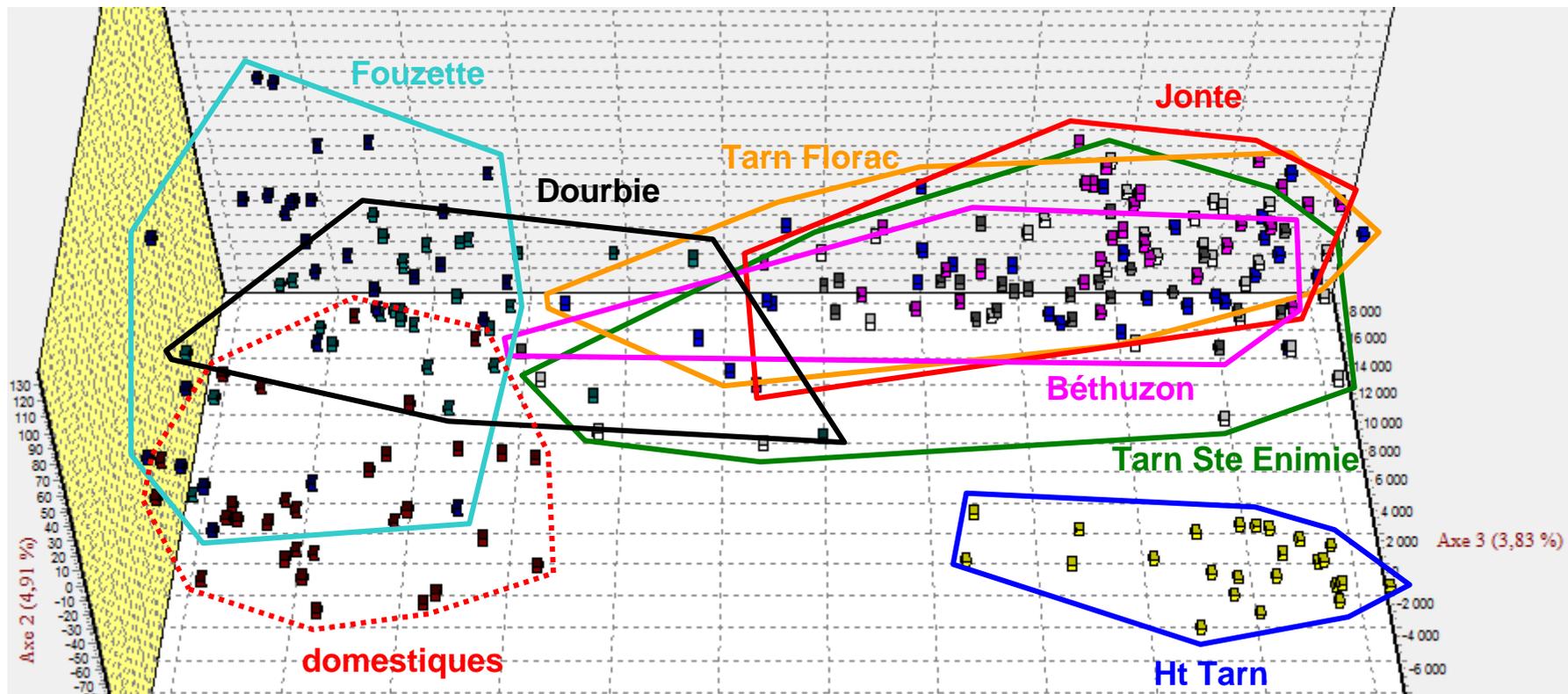
### 5.1 - Analyse multidimensionnelle

La première analyse (Figure 2), montre qu'il n'y a aucune ressemblance entre les échantillons 2012 et le Chapeauroux (Allier).

Le résultat le plus remarquable de l'analyse suivante (Figure 3) est l'homogénéité des échantillons au niveau de Florac et Sainte Enimie, et leur différence vis à vis du Tarn amont. Jonte et Béthuzon ne sont pas bien discriminés.

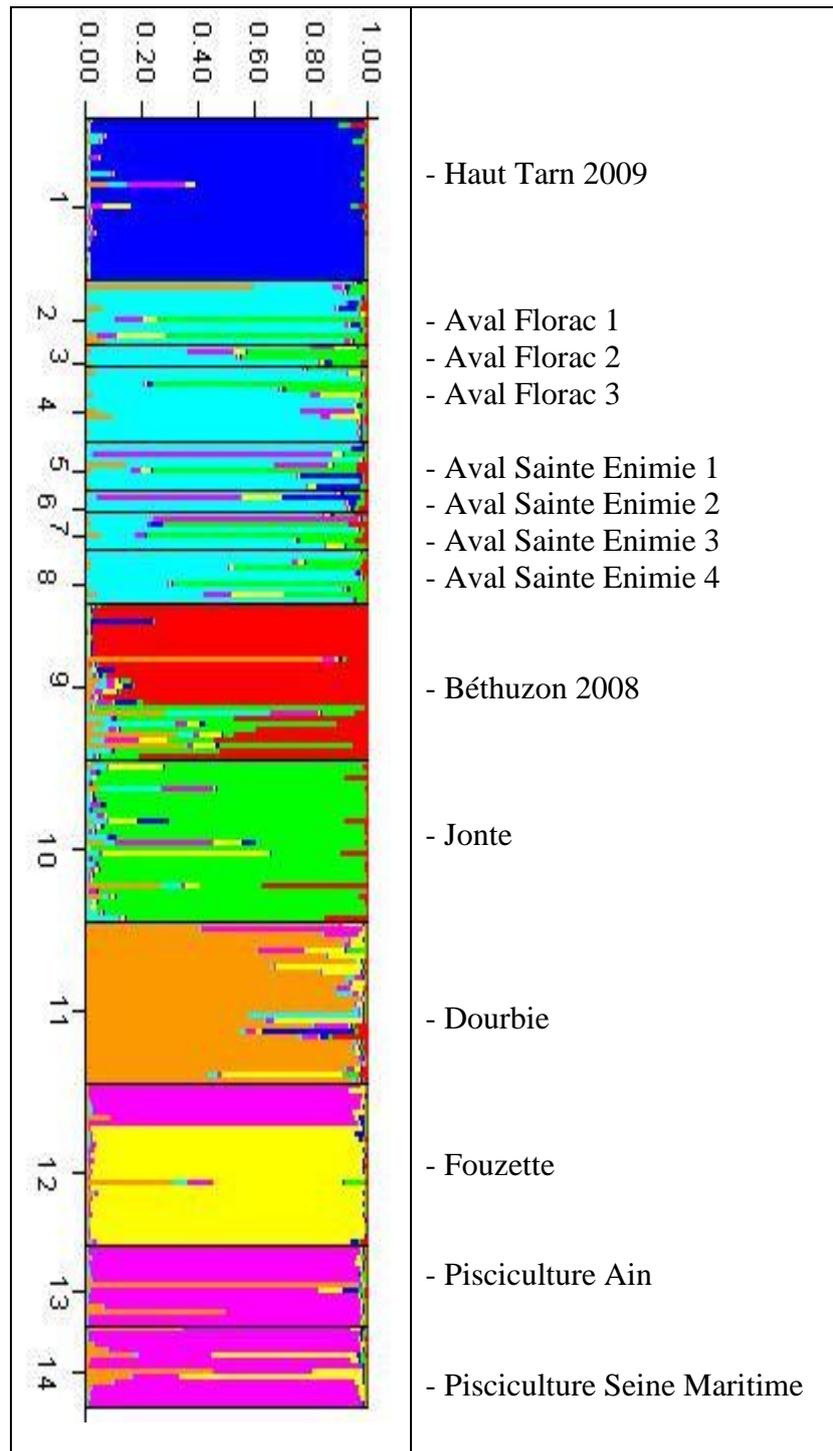


**Figure 2 :** Recherche de liens génétiques entre l'Allier (représenté par le Chantelouve, affluent du Chapeauroux, lui même affluent de l'Allier) et les stations de 2012 (Tarn et Jonte).



*Figure 3 : Représentation graphique des relations entre les échantillons décrits dans le Tableau 1. La superposition entre truites domestiques et de Fouzette (voire de la Dourbie) ne sont qu'apparentes: elles se séparent sur un autre axe (voir aussi la Figure 4).*

## 5.2 - Analyse d'assignation



**Figure 4 :** Assignation des échantillons de Lozère de 2012 ainsi que des échantillons de références présentés dans le même ordre que dans le Tableau 1.

Pour l'analyse d'assignation, la meilleure partition est en 7 lignées génétiques ( $k=7$ ). Chaque couleur (Figure 4) correspond à une lignée génétique distincte que le logiciel a déterminée sans avoir utilisé l'information de l'origine géographique de chaque truite ni de leur découpage en échantillons distincts.

La différence entre Haut Tarn et les échantillons du Tarn au niveau de Florac et de Sainte Enemie est confirmée.

Le Tarn entre Florac et Sainte Enimie semble homogène (dominante bleu clair).

La différence entre Jonte et Béthuzon est également nette.

Finalement les échantillons comparatifs plus éloignés du Tarn (Dourbie et Fouzette) ne présentent pas de points communs avec les échantillons de 2012 du Tarn.

La présence domestique commerciale est faible dans tous les échantillons de 2012 (uniquement 9% à Sainte Enimie). Seule Fouzette présente quelques truites entièrement domestiques (en rose à la Figure 2 soit 26%) correspondant probablement à une pêche électrique faite de part et d'autre d'un obstacle infranchissable.

| N°      | localité                   | N  | Haut Tarn | Tarn | Jonte | Béthuzon | Dourbie | Fouzette | Pisc. |
|---------|----------------------------|----|-----------|------|-------|----------|---------|----------|-------|
| 1       | Haut Tarn - Mas Camargues  | 30 | 94        | 1    | 1     | 1        | 1       | 1        | 2     |
| 2 à 4   | Tarn près de Florac        | 30 | 1         | 75   | 13    | 1        | 4       | 3        | 3     |
| 5 à 8   | Tarn près de Sainte Enimie | 30 | 3         | 67   | 16    | 2        | 1       | 2        | 9     |
| 9       | Genesalm-21 Béthuzon       | 29 | 2         | 4    | 13    | 69       | 7       | 2        | 2     |
| 10      | Jonte aval Meyrueis        | 30 | 1         | 3    | 83    | 3        | 2       | 4        | 3     |
| 11      | Dourbie                    | 30 | 2         | 2    | 1     | 1        | 83      | 6        | 5     |
| 12      | Genesalm-03 Fouzette       | 30 | 1         | 1    | 1     | 1        | 2       | 69       | 26    |
| 13 & 14 | Domestiques                | 30 | 1         | 1    | 1     | 1        | 10      | 6        | 81    |

**Tableau 2 :** Traduction de la Figure 4 en pourcentages. Le jeu de couleurs est respecté. Le niveau de "bruit de fond" est évalué à 5%, de ce fait, ces valeurs sont mises en gris car non fiables.

### 5.3 - Diversité génétique

Le paramètre le plus représentatif de la diversité génétique d'une population est Hnb (en gras dans le Tableau 3), mais en général Ho, plus sensible aux mélanges de populations (cycle biologique avec retour des 1+ dans le lit principal, repeuplements) en diverge peu.

Les principales observations découlant du Tableau 3 sont la faible diversité du haut Tarn (0,32) par rapport à la zone Florac-Sainte Enimie (environ 0,70).

Les Fis sont généralement hautement significatifs (\*\*\*), mais compte tenu de la quasi-absence de formes domestiques commerciales (Tableau 2), on ne peut pas privilégier l'hypothèse repeuplements.

| localité                   | N  | Hnb         | Ho   | Fis  | signif. |
|----------------------------|----|-------------|------|------|---------|
| Haut Tarn - Mas Camargues  | 30 | <b>0,32</b> | 0,31 | 0,04 | ns      |
| Tarn près de Florac        | 30 | <b>0,73</b> | 0,64 | 0,13 | ***     |
| Tarn près de Sainte Enimie | 30 | <b>0,70</b> | 0,63 | 0,12 | ***     |
| Genesalm-21 Béthuzon       | 30 | <b>0,56</b> | 0,47 | 0,16 | ***     |
| Jonte aval Meyrueis        | 30 | <b>0,69</b> | 0,62 | 0,10 | ***     |
| Dourbie                    | 30 | <b>0,77</b> | 0,72 | 0,07 | **      |
| Genesalm-03 Fouzette       | 30 | <b>0,76</b> | 0,65 | 0,14 | ***     |
| Genesalm-Domestiques       | 30 | <b>0,75</b> | 0,75 | 0,04 | ns      |

**Tableau 3 :** Calcul de la diversité génétique des échantillons (Hnb et Ho) et de leur équilibre panmictique (Fis)

|                 | Htarn | T-Flo | T-S.Eni | Béth  | Jont  | Dourb | Fouz  | dom   |
|-----------------|-------|-------|---------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Ht Tarn         | 0     | 0.140 | 0.132   | 0.127 | 0.147 | 0.164 | 0.174 | 0.156 |
| Tarn Florac     |       | 0     | 0.024   | 0.099 | 0.063 | 0.118 | 0.137 | 0.131 |
| Tarn ST. Enimie |       |       | 0       | 0.085 | 0.055 | 0.129 | 0.133 | 0.135 |
| Béthuzon        |       |       |         | 0     | 0.074 | 0.106 | 0.141 | 0.136 |
| Jonte           |       |       |         |       | 0     | 0.139 | 0.137 | 0.134 |
| Dourbie         |       |       |         |       |       | 0     | 0.082 | 0.085 |
| Fouzette        |       |       |         |       |       |       | 0     | 0.091 |
| domestiques     |       |       |         |       |       |       |       | 0     |

**Tableau 4 :** Distances génétiques de Cavalli-Sforza & Edwards mesurant la quantité de différence génétique entre les échantillons pris 2 à 2 (distance entre 0 et 1 équivalent à 0 - 100%). Toutes ces distances sont significatives, sauf celle entre les échantillons de Florac et de Sainte Enimie.

## 6. Interprétation et discussion

Les analyses des échantillons capturés par la Fédération de Pêche de Lozère en septembre 2012 ont abouti à plusieurs résultats importants:

- Il y a une nette différence génétique entre le haut Tarn (échantillon de 2009) et la partie plus aval (Florac et Sainte Enimie). Il en est de même entre la Jonte et son affluent le Béthuzon. Ceci démontre que la truite de la région du haut bassin du Tarn est sédentaire et ne se déplace pas vers l'aval, ni ne remonte très haut. Nous ne pouvons cependant pas écarter une perturbation de ce schéma géographique par les gestions diverses du passé, surtout celles basées sur des souches locales ou des translocations.

Il est très probable que ce que nous observons est naturel : il y a isolement de Mas Camargues du fait de la présence de cascades entre l'amont de Bedoues et Pont de Montvert mais également entre Pont de Montvert et le plateau de Mas Camargues.

La différence amont-aval du Tarn est explicable d'une part par l'écologie différente (ne serait-ce que par le débit très inférieur en amont, une population plus petite et une diversité génétique près de deux fois moindre) et d'autre part par l'effet des événements postglaciaires qui auraient façonné cette structure, comme montré en Corse: une première vague de recolonisation a permis d'atteindre la source tandis que la vague suivante, génétiquement distincte, ne le pouvait plus suite à des cassures de terrain.

- Dans le Tarn, nous observons une homogénéité presque parfaite entre les divers points de capture complémentaires (3 autour de Florac et 4 autour de Sainte Enimie) et entre les deux localités couvrant un linéaire d'environ 40 km sans obstacle majeur (distance génétique nulle, Tableau 4), ce qui doit correspondre à une distance inférieure à l'étendue d'une population partageant les mêmes aires de ponte.

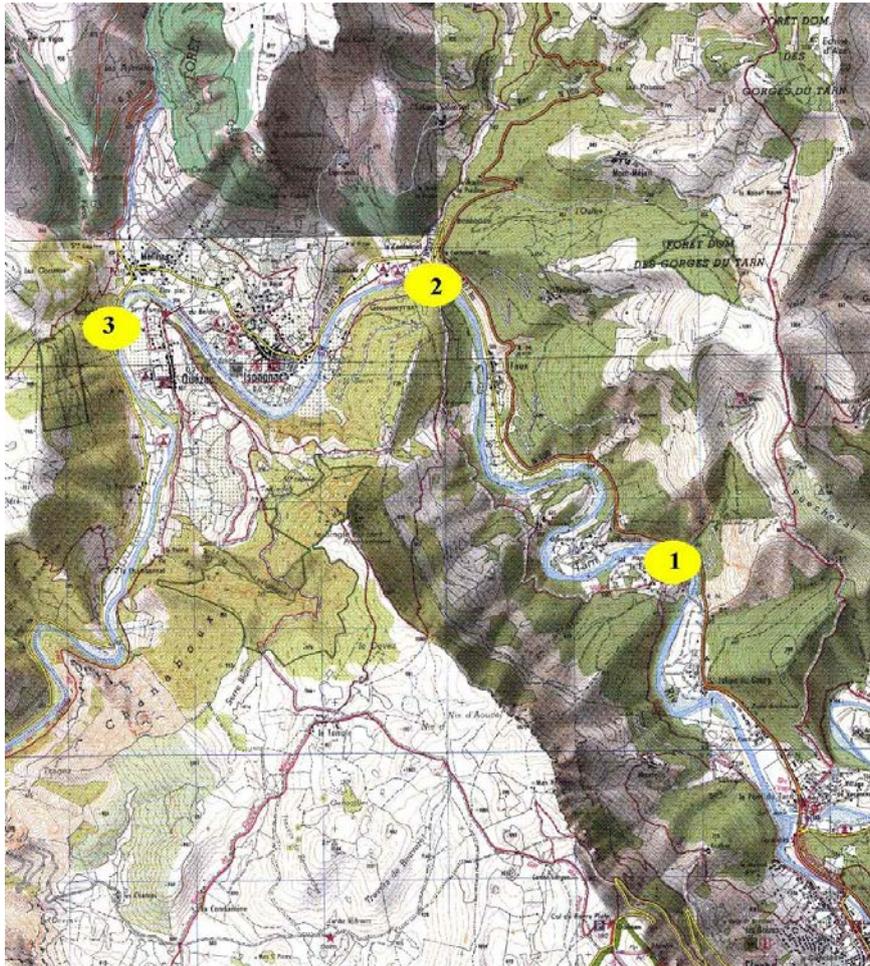
- La différence entre Jonte et Béthuzon est nette (ces truites ne partagent pas les mêmes frayères) mais la distance génétique entre ces stations (7,4%, Tableau 4) est presque deux fois inférieure à celle séparant le Tarn amont et aval (environ 14%). Des migrations d'un point à l'autre, bien qu'exceptionnelles, sont sans doute possibles.

- Les deux populations du Tarn et de la Jonte, analysées en 2012, sont quasiment purement sauvages. Des analyses génétiques permettant de vérifier définitivement le statut sauvage de ces populations sont possibles mais extrêmement complexe (génomique appliquée à tout le bassin du Tarn).

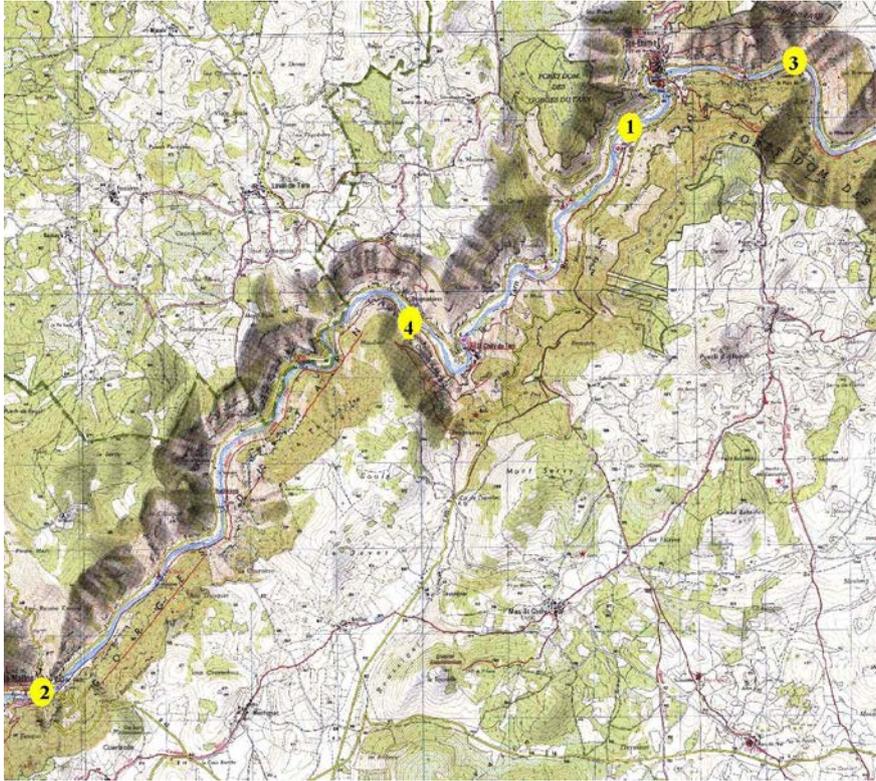
*Fait à Montpellier le 10 janvier 2013*

## 7. Référence bibliographique citée

Berrebi P., Cherbonnel C. 2009. Analyse des truites du Haut Tarn : marqueurs microsatellites - Rapport de décembre 2009. Université Montpellier 2.



*Annexe 1 : topographie des 3 points de pêche autour de Florac.*



*Annexe 2 : topographie des 4 points de pêche autour de Sainte Enimie*

*Annexe 3 : quelques photographies de truites fario prélevés*



*Truite sur la Jonte en aval de Meyrueis*



*Truite sur le Tarn en aval de Florac*



*Truite sur le Tarn en aval de Sainte Enemie*