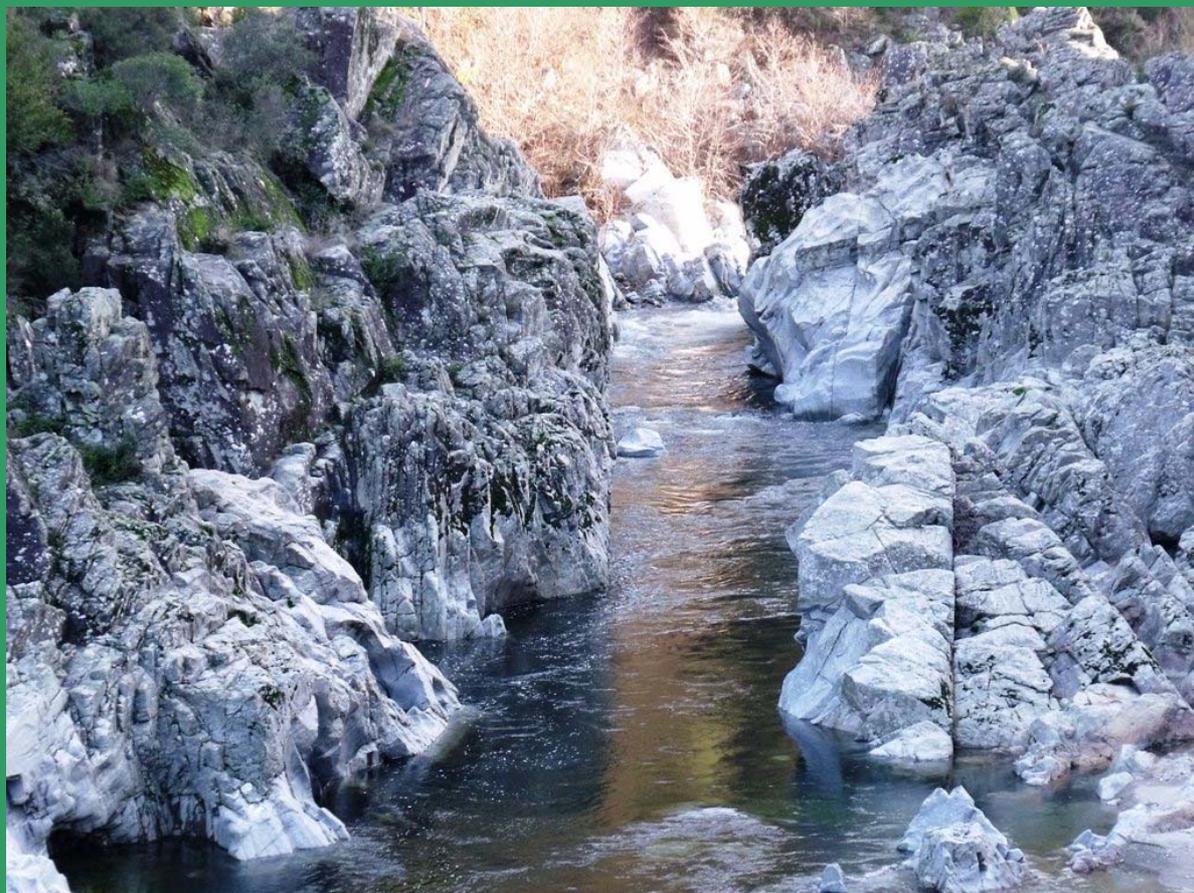


Analyse génétique de deux populations de truites du bassinversant des Gardons: Galeizon et Gardon de St Jean, département du Gard

Projet GAR3
Rapport de décembre 2012



© Fédération de Pêche 30

Analyses statistiques, interprétation, rédaction: **Patrick Berrebi** *
Analyses moléculaires: **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
** **Genindexe**, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle, tel: 05 46 30 69 66, contact@genindexe.com



1. Introduction

Pour la troisième année, la Fédération du Gard pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique a effectué deux pêches d'échantillonnage pour analyses génétiques en juillet 2012 dans le Galeizon et le Gardon de Saint Jean.

L'historique des alevinages sur ces deux zones fait ressortir que :

- Sur le bassin versant du Gardon de Saint Jean, depuis 2008, 80 boîtes Vibert de souche méditerranéennes ont été disposées sur le petit chevelu de ce secteur. Pour les années précédentes ce sont des centaines de milliers d'œufs et d'alevins de souche atlantique qui étaient déversés.

- Pour ce qui est du Galeizon : un arrêt total des alevinages de repeuplements est effectif depuis 2008. A noter que la partie supérieure du Galeizon se situe dans le département de la Lozère, l'AAPPMA gestionnaire de cette partie amont alevine toujours à partir d'effectif issu de leur pisciculture fédérale en souche atlantique.

2. Echantillonnage

Les deux échantillons de 2012 sont parvenus au laboratoire de génétique (ISEM) de l'Université Montpellier II le 13 juillet 2012. Ils appartiennent au sous-bassin du Gard, affluent droit du Rhône. Dans cette étude, ils sont comparés à des populations locales (d'autres affluents du Rhône) ainsi qu'avec des échantillons de pisciculture. Le détail de ces échantillons figure dans le Tableau 1.

n°	rivière	sous-bassin	N	n° ISEM	date
1	Galeizon	Gard	30	T22341 à T22370	juil-12
2	Gardon Saint Jean	Gard	30	T22371 à T22400	juil-12
3	Arre	Hérault	30	T19692 à T19721	juil-11
4	Cèze	Cèze	30	T19643 // T19741	juil-11
5	Pisciculture Isère	-	15	T16941 à T16957	2008
6	Pisciculture Seine et Marne	-	15	T16958 à T16970	2008

Tableau 1 : échantillons de 2012 (en jaune) et échantillons de référence méditerranéens (en vert) et domestiques atlantiques (en gris)

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 comparatifs.

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 (**assignation**) au moyen du logiciel STRUCTURE. Le nombre de partitions testées (k) doit aboutir à la définition des lignées génétiques différenciées. Ces assignations permettent de proposer des pourcentage de chaque échantillon aux k types génétiques reconnus.

5. Résultats

5.1 - Analyse multidimensionnelle

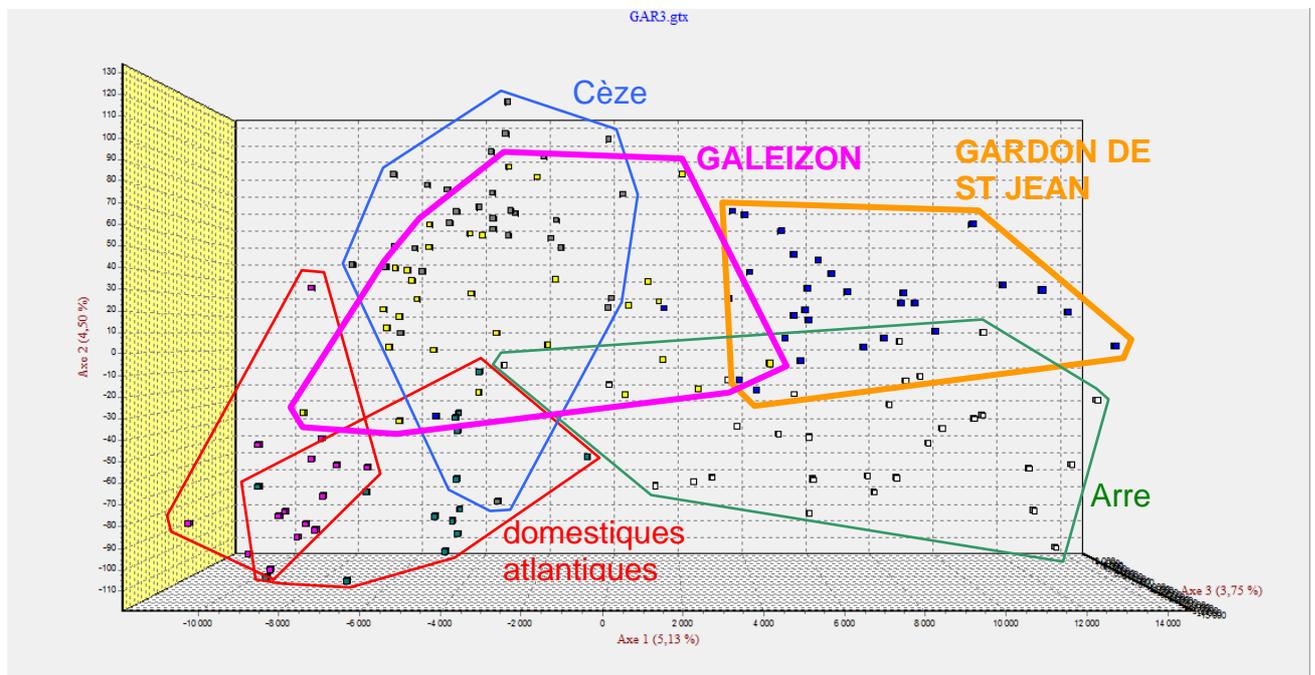


Figure 1 : l'analyse multidimensionnelle permet ici d'estimer la présence domestique (enveloppes rouges) dans les deux échantillons de 2012: Galeizon semble légèrement influencée mais pas le Gardon de St Jean.

5.2 - Analyse d'assignation

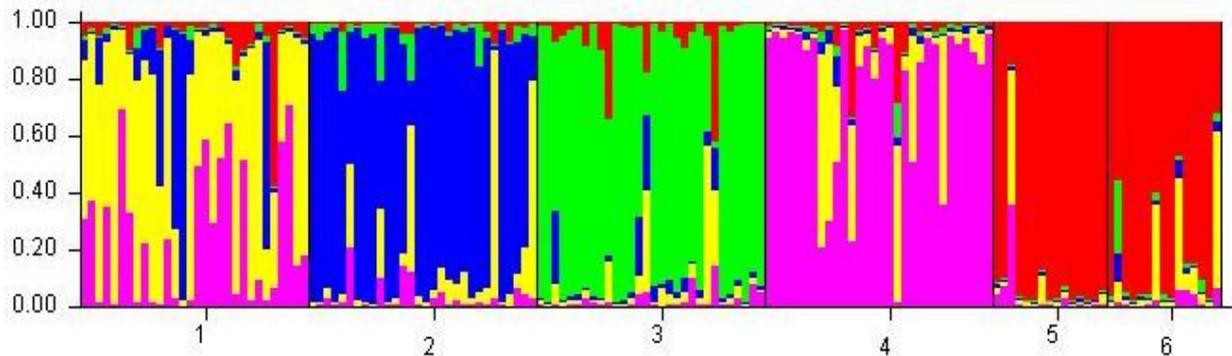


Figure 2 : Représentation graphique des 5 lignées reconnues par assignation. En rouge les truites atlantiques domestiques (1 = Galeizon; 2 = Gardon de St Jean; 3 = Arre; 4 = Cèze; 5+6= piscicultures atlantiques).

6. Interprétation

Le génotypage des truites des deux échantillons de 2012 et leur traitement statistique permettent d'affirmer que:

- très peu de gènes domestiques ont été observés dans les deux populations naturelles : environ 5,3% dans le Galeizon et 1,6% dans le Gardon Saint Jean d'après l'analyse d'assignation (Figure 1), ce qui correspond aux observations de la Figure 1; les pratiques anciennes de repeuplement en domestiques atlantiques n'ont donc laissé quasiment pas de trace dans les peuplements actuels, ces alevinages en types atlantique ont été arrêtés depuis au moins 4 ans dans le Gard; les repeuplements atlantiques de l'amont du Galeizon (Lozère) expliquent peut-être la présence de 5% de formes atlantiques;

- chacune des populations analysées (de 2011 et 2012) se distingue des autres, et d'autant plus du type domestique. Seul le Galeizon présente une certaine ressemblance avec la Cèze (partage de la couleur rose, Figure 2) probablement parce qu'ils appartiennent au bassin du Rhône, ce qui n'est pas le cas de la station Arre (Hérault). La différenciation entre Galeizon et Gardon ne peut s'expliquer que par un isolement du Gardon de Saint Jean. Les alevinages en truites domestiques méditerranéennes peuvent avoir perturbé ces résultats. Pour estimer cette perturbation, il faudrait disposer d'un échantillon de cette souche.

Fait à Montpellier le 11 décembre 2012