

**Etude génétique de
la truite commune (*Salmo trutta*)
dans quelques sites du
Parc national du Mercantour
(marqueurs allozymiques)**



Patrick BERREBI, février 2002

Laboratoire ECOSYSTEMES LAGUNAIRES
Equipe Ecologie Fonctionnelle et Evolution des Poissons
Université Montpellier 2, CC093,
place E. Bataillon
35095 MONTPELLIER cedex 05

AVERTISSEMENT

Le rapport que vous avez entre les mains est le compte rendu de recherches commandées au Laboratoire Ecosystèmes Lagunaires par l'organisme demandeur de l'étude. Il ne s'agit donc pas d'une publication scientifique proprement dite.

*La propriété des données décrites ici est double : elles appartiennent à l'organisme demandeur de l'étude et aux scientifiques producteurs des données. Cette double propriété entraîne des obligations : en aucun cas l'ensemble ou une partie de ce document ne peut être reproduit sans l'accord des différentes parties, et en particulier, **toute reproduction des données de ce rapport par la presse doit faire l'objet d'un accord des parties.***

**Etude génétique de
la truite commune (*Salmo trutta*)
dans quelques sites du
Parc national du Mercantour
(marqueurs allozymiques)**

Montpellier, février 2002
rédaction : Patrick BERREBI
analyses technique : Ghislaine CATTANEO-BERREBI

INTRODUCTION

La Truite commune (*Salmo trutta*) est une espèce emblématique en France du fait de ses exigences de pureté de l'eau et de l'intérêt halieutique majeur qu'elle suscite auprès des pêcheurs sportifs.

La systématique de cette espèce a évolué depuis quelques décennies. On a observé que dans une population homogène atlantique, une partie des truites peuvent dévaler (considérées comme *Salmo trutta trutta* si c'est vers la mer, ou *S. t. lacustris* si c'est vers un lac), et une partie peut rester sédentaire (*S. t. fario*). La nomenclature subdivisant les populations occidentales en trois sous espèces ne doit donc plus être utilisée (sauf en tant que noms vernaculaires) car ces entités ne constituent que des écotypes d'une seule espèce.

Parce qu'elle est un excellent marqueur de la qualité des eaux et constitue un enjeu économique, cette espèce est au centre de nombreux projets scientifiques et de gestion. Ce rapport rend compte d'une étude génétique qui avait pour but essentiel de préciser si des populations de souche méditerranéenne étaient encore présentes au sein du territoire de la zone centrale du parc national du Mercantour, de manière à ce que des actions de conservation soient entreprises par les gestionnaires concernés (Fédérations de pêche, A.P.P.M.A., C.S.P., D.D.A.F., Parc national du Mercantour).

La présente étude, commandées en 2000 par le Parc national du Mercantour au Laboratoire Ecosystèmes Lagunaires de l'Université Montpellier 2, se donne comme objectif de décrire par des marqueurs génétiques performants (les enzymes ou allozymes) la composition et donc la variabilité génétique des truites présentes dans les têtes de réseaux hydrographiques situés dans la zone centrale du Parc national, suivant deux directions :

- essayer de déterminer quel pouvait être le peuplement naturel avant l'intervention de l'homme afin de savoir si la zone était composée d'un peuplement homogène ou non;

- estimer l'impact des repeuplements qui, comme partout en France, ont été généralement intensifs depuis des décennies et ont employé, dans leur immense majorité, des souches de pisciculture de type atlantique. Une estimation qualitative du mode de pénétration des gènes domestiques imputables à ces pratiques et de l'ancienneté de ces repeuplements sera également réalisée.

MATERIEL ET METHODES

Echantillonnage

Le présent rapport concerne un échantillonnage de 187 truites. Le **tableau I** reprend la liste des échantillons prélevés à l'occasion de deux pêches (19-21 septembre 2000 et 19 septembre 2001) avec l'aide du Parc, de la Fédération, du CSP, de généticiens de Montpellier et de bénévoles locaux.

L'échantillonnage concerne 7 stations naturelles et 2 souches de pisciculture. La seconde pêche n'a pas permis un prélèvement de sang (les truites ont été apportées congelées et entières au laboratoire) et les transferrines n'ont pas pu être analysées. En plus, des analyses plus restreintes (limitées au marqueur *LDH-C1*) ont été réalisées pour les deux piscicultures ayant joué un rôle dans les repeuplements des dernières années.

L'emplacement des différentes stations choisies après concertation avec les Fédérations de pêche, les A.P.P.M.A. concernées, la D.D.A.F. 06 et le Parc national est donnée à la **figure 1**.

Analyses biochimiques

Sur le terrain, lors de la pêche 1, les truites sont anesthésiées sitôt après capture, mesurées et disséquées sur place : muscle, foie, œil et sang (séparé par centrifugation en sérum et hématies) sont prélevés sur chaque spécimen.

Au laboratoire, les tissus sont décongelés, broyés en présence de tampon, centrifugés et le surnageant est prélevé, constituant l'extrait enzymatique.

L'électrophorèse consiste à faire migrer dans un champ électrique, les protéines enzymatiques insérées 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 qui les code (donc héréditaire) peut provoquer une modification de ces charges, ce qui devient visible sur le gel.

campagne de pêche	n° lab.	n° terrain	n° station	bassin hydrographique	nom station	effectif
pêche 1	T5019/5043	M1 à M25	1	Rhône/Verdon	Serpentine	25
	T5044/5067	M26 à M49	2	Rhône/Durance	Ubayette	24
	T5068/5072	M50 à M54	3	Rhône/Durance	Lac du Lauzanier	5
	T5073/5097	M55 à M79	4	Roya	Maglia	25
	T5098/5127	M80 à M109	5	Roya	Vallon de Fontanas	30
pêche 2	T5167/5186	-	6	Bévéra	Cabanes Vieilles	20
	T5187/5205	-	7	Var/Vésubie	Vallon de Planchette	19
piscicult.	T5128/5146	-	8	-	Pisciculture de Caïros-Fontan	19
	T5147/5166	-	9	-	Pisciculture de Roquebilière	20

Tableau I : liste des échantillons capturés lors des deux pêches. La première colonne représente la numérotation "laboratoire" des truites et la seconde colonne la numérotation de terrain. La pêche 1 a eu lieu du 19 au 21 septembre 2000; la pêche 2 a eu lieu le 19 septembre 2001.

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.

15 systèmes enzymatiques ont été analysés.

Analyses statistiques

Ces lectures de gels sont converties en tableaux de génotypes (voir annexe) qui sont traités statistiquement par le logiciel GENETIX (Belkhir *et al.*, 1996) ou par le programme AFC.EXE de M. Roux.

Globalement, quatre étapes successives permettent une description interprétable des données :

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

- l'hétérozygotie de chaque échantillon (ici l'*hétérozygotie théorique non biaisée*) a été calculée. Ce paramètre Hnb donne une idée de la diversité génétique présente à chaque station (bas tableau II).

- l'analyse multidimensionnelle : par l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC), 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 situe les truites (ayant subi une analyse complète) dans un hyper-espace en fonction de toutes leurs

caractéristiques génétiques simultanément. Les corrélations multilocus sont ainsi mises en évidence.

RESULTATS ET INTERPRETATION

Analyse du tableau de fréquence (tableau II)

Le tableau de fréquence ci-dessous reproduit l'ensemble des données obtenues, présentées sous forme synthétique. D'autre part, le détail des résultats bruts, poisson par poisson, est donné dans le grand tableau en **annexe** à la fin du rapport.

Comment lire le tableau de fréquences? Les sigles suivis d'une astérisque (sAAT-1*, sAAT-4, FBP-1 etc.) sont les noms des enzymes analysées. Les chiffres sur la ligne (N) donnent le nombre de poissons analysés (entre 0 et 30) pour chaque enzyme. Les chiffres en dessous (100 et 130; 100; 60, 80 et 100 etc.) sont les noms des différentes formes (ou allèles) que peuvent prendre les enzymes pour chaque poisson. Enfin, les chiffres portés dans le tableau (0.9200, 0.0800, 1.0000, 0.1250... etc.) donnent les fréquences des allèles (marqueurs) à chaque station d'échantillonnage (par exemple, 50% est indiqué 0.50 et 3% est indiqué 0.03).

Les locus pour lesquels seul l'allèle 100 est indiqué sont monomorphes. Le locus *CK-AI* est traité à part : il n'est pas possible d'y distinguer les génotypes 100/100 et 100/125. Il est donc nécessaire d'extrapoler la seule fréquence sure (celle du génotype 125/125) en considérant le locus en équilibre panmictique.

15 systèmes enzymatiques ont été analysés, fournissant 31 locus présumptifs. Parmi ceux-ci, 18 se sont montrés polymorphes (donc informatifs) sur l'ensemble de l'échantillonnage pris en compte, ce qui assure une assez bonne description des structures génétiques.

Impact des repeuplements : les fréquences des marqueurs

Le **tableau III** indique, entre autres paramètres, les pourcentages de gènes sauvages (c'est à dire le pourcentage de formes méditerranéennes) dans les différents échantillons. La moyenne est calculée à partir des seuls locus *LDH5-C1* et *TF* considérés comme des marqueurs fiables de l'origine atlantique ou méditerranéenne. Le marqueur *FBP-1*, moins fiable, est donné à titre indicatif, montrant des valeurs généralement supérieures car l'allèle 150 est présent (faiblement) en Atlantique aussi. Pour les échantillons non analysés pour *TF*, seul *LDH-C1* est pris en compte. Ce calcul tient compte des effectifs respectifs analysés à chaque locus diagnostique.

Nous pouvons classer les stations selon leur taux d'introgession.

1) dans les sites naturels

- les stations fortement méditerranéennes présentent autour de 85% d'allèles sauvages (Ubayette et Fontanas). Notons que lors d'une étude

(suite page 12)

Tableau II : première partie

	Serpentine	Ubayette	Lauzanier	Maglia	V. Fontanas	C. Vieille	V. Planche	P. Caïros	P. Roquebi
sAAT- 1									
(N)	25	24	5	25	30	19	19	0	0
100	0.9200	0.9792	1.0000	0.9600	0.9833	0.8947	0.9474	-	-
130	0.0800	0.0208	0.0000	0.0400	0.0167	0.1053	0.0526	-	-
sAAT- 2									
(N)	25	24	5	25	30	19	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
sAAT 4									
(N)	24	24	5	25	29	0	13	0	0
60	0.1250	0.0417	0.2000	0.0600	0.1724	-	0.1923	-	-
80	0.0208	0.0417	0.3000	0.0600	0.0000	-	0.0000	-	-
100	0.8542	0.9167	0.5000	0.8800	0.8276	-	0.8077	-	-
ADH									
(N)	24	24	5	25	30	10	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
CK-A1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	0.6000	1.0000	0.9333	0.9000	1.0000	-	-
125	0.0000	0.0000	0.4000	0.0000	0.0667	0.1000	0.0000	-	-
CK-A2									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
CK-C1									
(N)	25	24	5	25	30	20	0	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-	-
FBP-1									
(N)	21	21	1	24	26	0	14	0	0
100	0.5238	0.0952	0.0000	0.4375	0.2308	-	0.0714	-	-
150	0.4762	0.9048	1.0000	0.5625	0.7692	-	0.9286	-	-
FBP-2									
(N)	22	21	0	24	26	0	14	0	0
100	1.0000	1.0000	-	1.0000	1.0000	-	1.0000	-	-
FH-1,2									
(N)	23	24	5	25	29	0	19	0	0
100	0.5870	0.9375	0.6000	0.8400	0.8448	-	0.7368	-	-
110	0.2609	0.0417	0.3000	0.0600	0.1034	-	0.1579	-	-
135	0.1522	0.0208	0.1000	0.1000	0.0517	-	0.1053	-	-
mIDHP-1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
sIDHP-2									
(N)	24	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8947	-	-
200	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1053	-	-
s-IDHP-3									
(N)	23	24	5	25	30	20	14	0	0
100	1.0000	0.2917	0.7000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
200	0.0000	0.7083	0.3000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	-	-

	Serpentine	Ubayette	Lauzanier	Maglia	V. Fontanas	C. Vieille	V. Planche	P. Cairos	P. Roquebi
s-IDHP-4									
(N)	24	24	5	25	30	20	14	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
LDH-A1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	19	20
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
LDH-B1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	19	20
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
LDH-B2									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	19	20
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
LDH-C1									
(N)	24	24	5	25	29	18	13	19	19
90	0.6250	0.0625	0.3000	0.4600	0.2241	0.7500	0.4615	1.0000	0.1579
100	0.3750	0.9375	0.7000	0.5400	0.7759	0.2500	0.5385	0.0000	0.8421
sMDH-1									
(N)	24	24	5	25	30	15	19	0	0
100	0.9792	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
200	0.0208	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	-	-
sMDH-2									
(N)	24	24	5	25	30	12	19	0	0
100	0.8333	0.9583	1.0000	0.8400	0.9167	0.7917	0.8947	-	-
200	0.1667	0.0417	0.0000	0.1600	0.0833	0.2083	0.1053	-	-
sMDH-3									
(N)	25	24	5	25	30	19	19	0	0
75	0.1400	0.0000	0.1000	0.0800	0.0333	0.1316	0.0789	-	-
100	0.8600	1.0000	0.9000	0.9200	0.9667	0.8684	0.9211	-	-
sMDH-4									
(N)	25	24	5	25	30	19	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
MPI-2									
(N)	24	24	5	25	30	19	0	0	0
100	1.0000	0.9167	0.5000	0.5800	0.8500	0.6842	-	-	-
105	0.0000	0.0833	0.5000	0.4200	0.1500	0.3158	-	-	-
G3PDH-2									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
50	0.0600	0.0000	0.1000	0.0800	0.0167	0.1000	0.0526	-	-
100	0.9400	1.0000	0.9000	0.9200	0.9833	0.9000	0.9474	-	-
6 PGDH-2									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-
GPI-B1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	-	-

Tableau II : seconde partie

	Serpentine	Ubayette	Lauzanier	Maglia	V. Fontanas	C. Vieille	V. Planche	P. Cairos	P. Roquebi
GPI-B2									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9167	1.0000	1.0000	-	-
200	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0833	0.0000	0.0000	-	-
GPI-A1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9833	1.0000	1.0000	-	-
106	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0167	0.0000	0.0000	-	-
PGM-1									
(N)	25	24	5	25	30	20	19	0	0
80	0.0000	0.0000	0.0000	0.0200	0.0500	0.0000	0.0000	-	-
100	1.0000	1.0000	1.0000	0.9800	0.9500	1.0000	1.0000	-	-
mSOD-1									
(N)	24	24	5	25	30	17	14	0	0
50	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0294	0.0000	-	-
100	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9706	1.0000	-	-
TF-1									
(N)	20	24	2	24	30	0	0	0	0
80	0.0500	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	-	-	-	-
100	0.8500	0.2083	0.7500	0.5833	0.1333	-	-	-	-
102	0.1000	0.7917	0.2500	0.4167	0.8667	-	-	-	-
H nb	0.0947	0.0521	0.1404	0.1034	0.0799	0.0781	0.0768	(0.0000)	(0.0683)

Tableau II : troisième partie : fréquences alléliques et hétérozygotie (Hnb) aux 9 échantillons analysés.

	Serpentine	Ubayette	Lauzanier	Maglia	V. Fontanas	C. Vieille	V. Planche	P. Cairos	P. Roquebi
FBP-1									
(N)	21	21	1	24	26	0	14	0	0
150	0.4762	0.9048	1.0000	0.5625	0.7692	-	0.9286	-	-
LDH-C1									
(N)	24	24	5	25	29	18	13	19	19
100	0.3750	0.9375	0.7000	0.5400	0.7759	0.2500	0.5385	0.0000	0.8421
TF-1									
(N)	20	24	2	24	30	0	0	0	0
102 + 80	0.1500	0.7917	0.2500	0.4167	0.8667	-	-	-	-
% sauvages	27%	86%	57%	48%	82%	25%	54%	0%	84%

Tableau III : pourcentage moyen de formes méditerranéennes dans les 9 échantillons analysés

précédente, seulement 36% d'allèles méditerranéens avaient été décelés dans l'Ubayette en juin 1997. La carte géographique montre bien que ce sont deux zones bien distinctes. Il semble que les populations de l'amont de cette rivière soient beaucoup moins introgressées par les gènes de pisciculture. Les deux sites du Parc du Mercantour semblent hors de portée de la populations aval hybridée.

- les stations moyennement préservées ont environ 50% de chaque type génétique (Maglia et Vallon de Planchette). La présence de 57% d'allèles méditerranéens dans le lac du Lauzanier est à considérer avec prudence : seules 5 truites y ont été analysées;

- les stations fortement introgressées présentent seulement 25% d'allèles sauvages environ (Serpentine et Cabanes Vieilles).

2) dans les piscicultures, les résultats sont contrastés : la souche de la pisciculture de Caïros est entièrement atlantique tandis que celle de la pisciculture de Roquebilière présente 84% de formes méditerranéennes, soit autant que les deux populations sauvages les plus préservées (Ubayette et Vallon de Fontanas).

Ce classement est global et ne tient pas compte de l'organisation génétique des populations. Pour aller plus loin dans la description, il est nécessaire de faire intervenir les autres marqueurs non diagnostiques grâce à des méthodes plus sophistiquées (AFC).

Impact des repeuplements : les analyses multidimensionnelles

Les analyses multidimensionnelles (ici l'AFC) sont une excellente technique pour visualiser les informations génétiques sans se limiter aux seuls marqueurs diagnostiques : nous pouvons décrire les résultats génétiques aux 18 locus polymorphes.

Pour effectuer ces analyses et leur donner un sens, deux échantillons ont été ajoutés à partir du stock de données du laboratoire :

- 30 truites de Fontaine de Vaucluse (Vaucluse), qui se sont avérées purement méditerranéennes, serviront de référence « type méditerranéen », représentées par de petits ronds verts dans les trois projections d'AFC

- 30 truites de la pisciculture de Fontanelle, achetant ses œufs à la pisciculture de La Canourgue, grand fournisseur de truites domestiques de type Atlantique, serviront de référence « type atlantique », représentées par de petits ronds noirs.

Les diagrammes qui suivent sont tirés de la même analyse. L'ensemble des individus sont toujours présentés par de petits points, les échantillons que les légendes commentent sont alternativement colorés pour les positionner.

Les trois diagrammes groupent alternativement les populations fortement
(suite page 16)

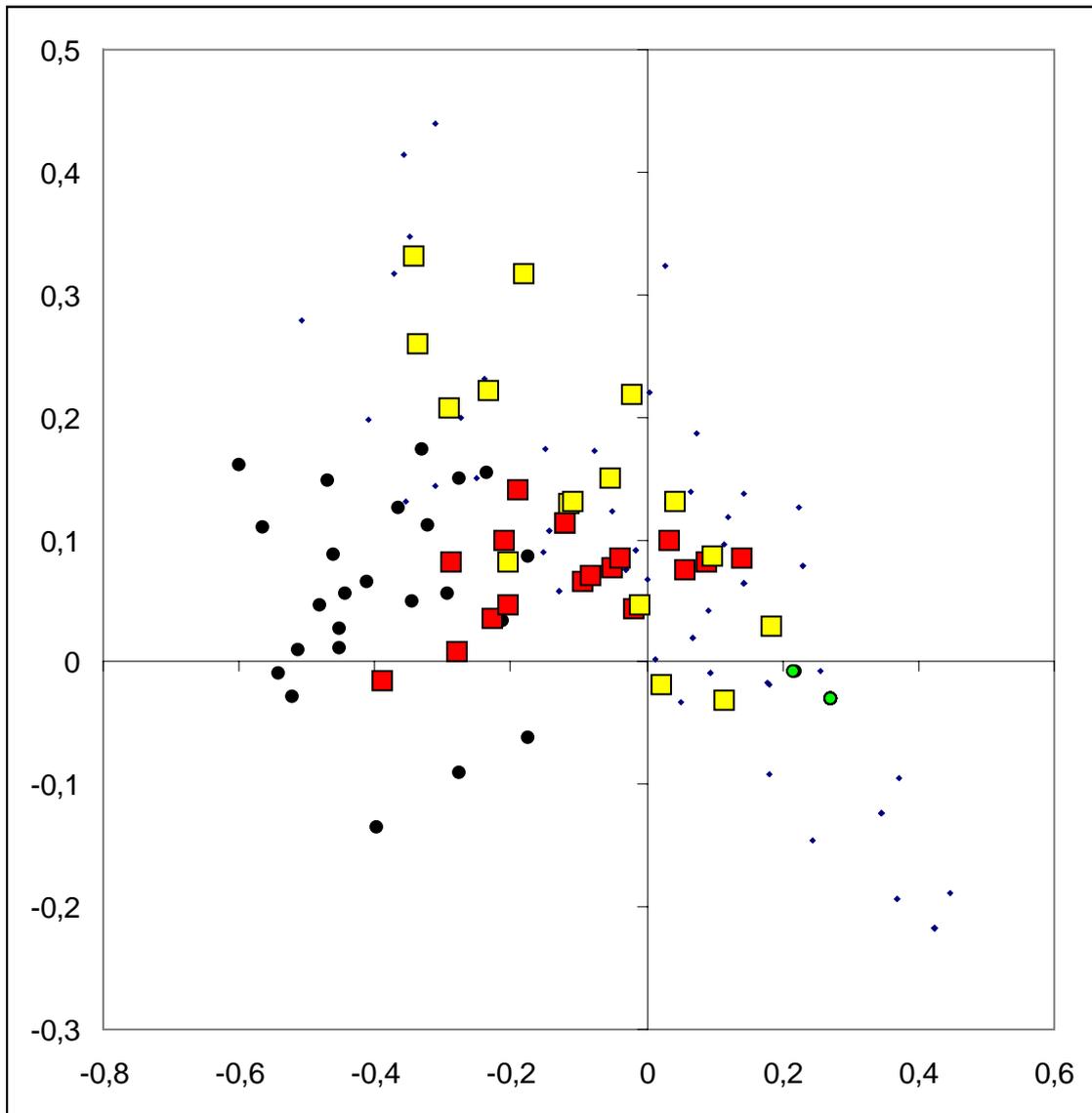


Figure 2 : Analyse multidimensionnelle (AFC) de tous les individus des deux pêches (petits points noirs).

Dans ce graphique, sont mis en relief :

- ronds noirs : souche atlantique domestique (La Canourgue)
- ronds verts : souche méditerranéenne sauvage du Vaucluse
- carrés jaunes : Serpentine
- carrés rouges : Cabanes Vieilles

Commentaires : Dans les deux cas, les individus sont placés entre les extrêmes que sont les références « méditerranée » en vert et « atlantique » en noir. Cela signifie que l'introggression est ancienne et qu'il y a peu de truites entièrement domestiques et sans doute pas de truites entièrement sauvages. L'intégration des allèles des deux origines semble équilibrée.

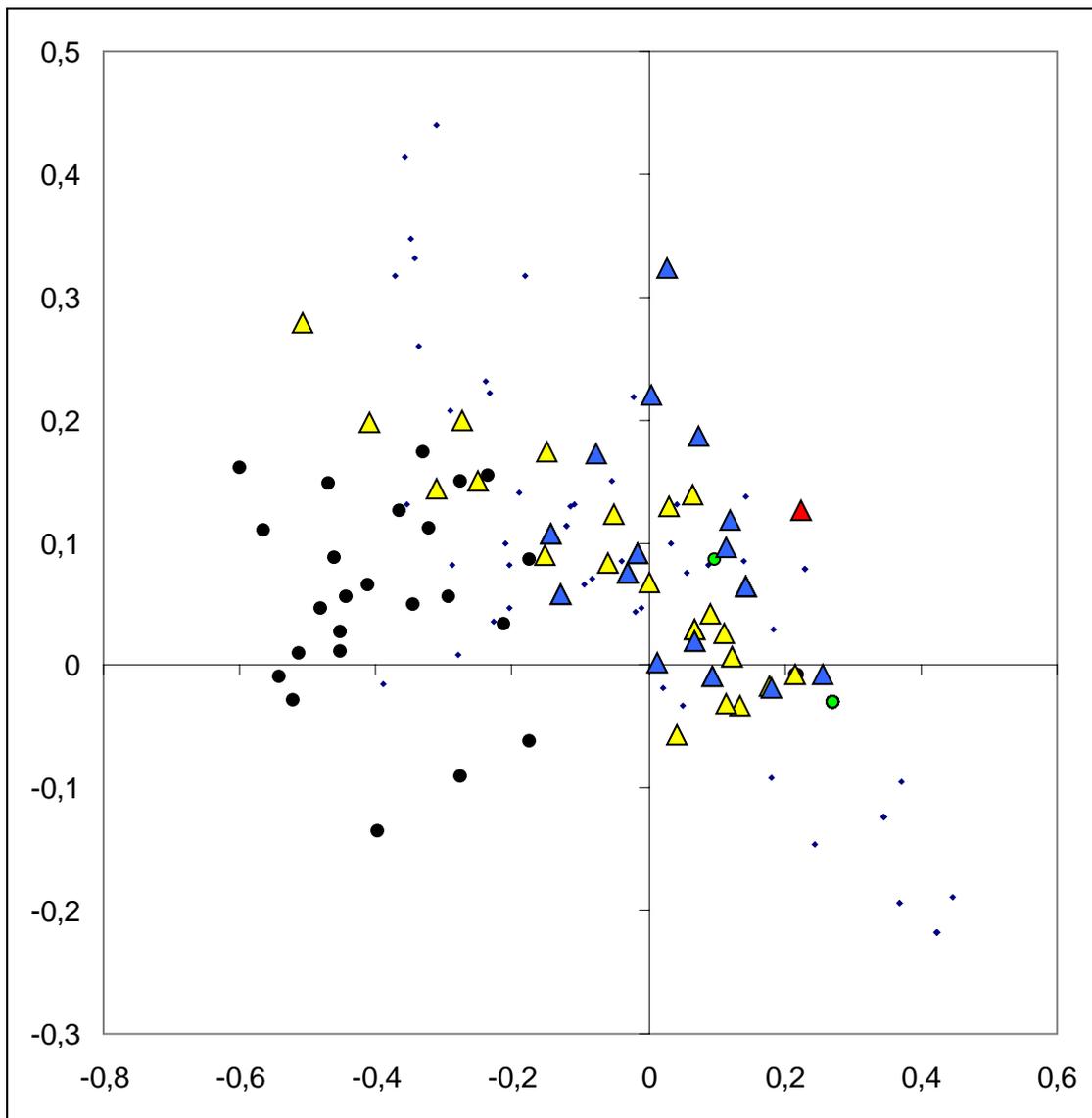


Figure 3 : Analyse multidimensionnelle de tous les individus des deux pêches (petits points noirs). Dans ce graphique, sont mis en relief :

- ronds noirs : souche atlantique domestique (La Canourgue)
- ronds verts : souche méditerranéenne sauvage du Vaucluse
- triangles jaunes : Maglia
- triangles bleus : Vallon de Planchette
- triangle rouge : Lac du Lauzanier

Commentaires : dans ces populations introgressées à environ 50%, outre les individus placés au centre du graphique (individus hybrides), de nombreuses truites sont placées du côté « méditerranée » (à droite). Cela indique une asymétrie explicable par le fait que des truites atlantiques ont introgressé une population méditerranéenne qui se maintient. Ce maintien se traduit par de nombreux individus encore entièrement méditerranéens. Seule Maglia présente des individus visiblement atlantiques, signe de repeuplements récents.

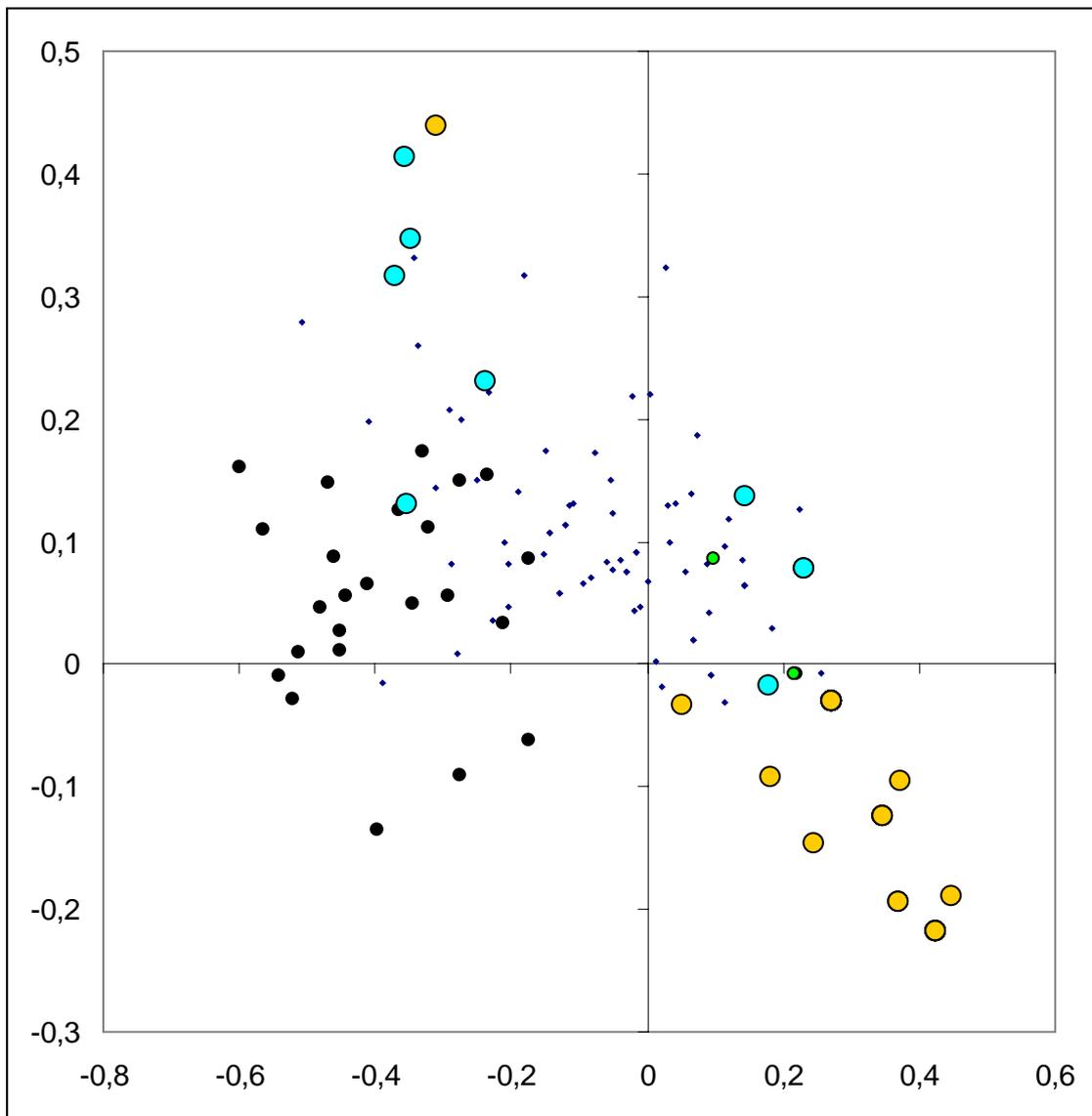


Figure 4 : Analyse multidimensionnelle de tous les individus des deux pêches (petits points noirs).

Dans ce graphique, sont mis en relief :

- ronds noirs : souche atlantique domestique (La Canourgue)
- ronds verts : souche méditerranéenne sauvage du Vaucluse
- ronds bleus : Vallon de Fontanas
- ronds oranges : Ubayette

Commentaires : ce graphique est exemplaire car il montre que les deux populations analysées sont en partie sauvages ou presque (points à droite), mais présentent des individus 100% atlantiques (récemment introduits, en haut et à gauche) au nombre de 5 dans l'échantillon de Fontanas et de 1 pour l'Ubayette. Un arrêt des déversements aboutirait rapidement à un peuplement quasiment méditerranéen, sauf migration intra rivière.

introgressées (Serpentine et Cabanes Vieilles, figure 2), moyennement introgressées (Maglia, Vallon de Planchette et, sous toutes réserves, le Lac du Lauzanier, figure 3), et faiblement introgressées (Vallon de Fontanas et Ubayette, figure 4).

DISCUSSION

L'analyse génétique de quelques stations du Parc national du Mercantour ainsi que de deux piscicultures concernées a apporté d'importantes informations sur l'état du cheptel. Plusieurs points méritent d'être repris :

Le peuplement ancestral

Ce peuplement est méditerranéen comme le prouvent les études génétiques antérieures dans le bassin du Rhône (Vaucluse, Drôme, Doubs...). L'emploi d'un échantillon du Vaucluse comme référence a permis de polariser les projections des AFC. Cependant, cet échantillon du Vaucluse a montré une quasi-absence de diversité génétique (petite population isolée en amont d'une petite rivière), ce qui explique que sa représentation dans les figures se limite à deux ou trois points pour les 30 individus. Dans la présente étude, l'Ubayette est la seule population présentant une diversité méditerranéenne importante, représentée par les points du bas à droite de la figure 4. Toutes les autres populations, quelle que soit leur taux d'introgession, répartissent leurs individus les moins introgressés (= les plus méditerranéens) à gauche de la référence « Vaucluse », montrant ainsi la probable perte définitive de variants méditerranéens. Des populations comme celle de l'Ubayette, semble-t-il plutôt rares, sont à protéger. La population du Vallon de Fontanas, bien que pauvre (sans doute naturellement) est également à préserver. À savoir : d'une part protéger leur écosystème, et d'autre part, empêcher tout déversement. La question des pratiques de pêche à conduire sur le site ne peut pas être résolue par la génétique mais par une analyse démographique et un suivi.

De manière générale, aucune structuration de la diversité génétique n'est apparue parmi les représentants du peuplement méditerranéen. La seule variation visible parmi les truites méditerranéennes est une différence de polymorphisme, les truites de l'Ubayette étant les plus polymorphes. La comparaison des stations Ubayette et Vallon de Fontanas, les plus préservées, montre bien cette absence de différenciation alors que ces stations appartiennent à des systèmes hydrographiques distincts.

L'impact des repeuplements

Cet impact est visiblement important. Il peut s'estimer par le pourcentage d'introgession atlantique égal au complément du pourcentage donné dans le

tableau III. Ainsi, les populations les plus introgressées par les repeuplements sont Cabanes Vieilles et la Serpentine avec près de 75% d'introgression. La population la plus préservée est l'Ubayette comme indiqué plus haut.

D'autre part, ces pourcentages sont expliqués plus précisément par les AFC : par exemple, l'introgression (terme se référant à une hybridation) est très limitée pour l'Ubayette et le Vallon de Fontanas : aucun individu hybride n'est visible, nous observons uniquement une addition de truites méditerranéennes et domestiques. C'est généralement le signe soit d'introductions récentes, soit d'introductions non suivies de croisement entre truites introduites et résidentes.

Par contre, dans la plupart des autres populations, la position intermédiaire des individus dans les diagrammes montre qu'il y a réellement introgression, c'est à dire que la plupart des truites sont elles mêmes hybridées entre résidentes et introduites. C'est généralement la marque d'une pratique ancienne de repeuplement qui a conduit à une hybridation probablement irréversible.

Des repeuplements, pour quoi faire

Pour donner quelques repères, il faut savoir que si le repeuplement avait une efficacité de 10% chaque année (ce qui est un minimum pour que l'augmentation démographique soit perceptible par le pêcheur), la proportion de gènes domestique dans cette population (méditerranéenne au départ) pourra atteindre environ :

- 25% en 3 ans
- 50% en 7 ans
- 75% en 12 ans
- 90% en 24 ans
- 95% en 31 ans
- 99% en 45 ans

Le remplacement total (100%) est théoriquement impossible, quelque soit la "dilution", il devrait toujours rester des traces de l'ancien peuplement. En réalité, ces phénomènes ne sont pas réguliers et les populations sont souvent assez petites. De ce fait, le 100% est possible (observé dans la Drôme).

Cette reconstitution est approximative, et le calcul est très simplifié. Cependant, le niveau 50% est rapidement atteint en 7 ans et 75% en 12 ans environ. Dans la mesure où les pratiques de repeuplement ont probablement duré plus de 7 ou 12 années, on peut en déduire que dans la majorité des cas, le taux de pénétration des truites domestiques est au mieux de quelques pour-cent par an, soit un taux imperceptible pour le pêcheur! Cela peut signifier que l'impact apparent des repeuplements n'a sans doute pas été perceptible pour le pêcheur alors que l'introgression peut être forte, et il conviendra certainement de s'interroger sur l'intérêt de ces repeuplements pour augmenter la taille globale de la population.

Compte tenu des divers résultats obtenus dans cette étude et des connaissances historiques communiquées par le Parc, il est possible d'ajouter quelques commentaires station par station :

Serpentine : Cette population est la plus complexe de toute de par son historique : ruisseau pépinière, réserve de pêche, empoisonnement, pêche autorisée à certaines périodes. En 2000 lors du renouvellement du Bail des droits de pêche, l'O.N.F., la Fédération 04 et le Parc national sont d'accord pour la création d'une réserve patrimoniale et l'installation éventuelle d'une population de truite de souche "ancestrale méditerranéenne".

La présente étude montre que le peuplement actuel est aux trois-quarts atlantique et ne présente donc pas de caractère naturel à préserver dans le cadre d'une gestion patrimoniale. Son origine largement artificielle permet d'envisager un remplacement de ce peuplement par une souche naturelle de la même zone hydrographique. Cette souche devrait être recherchée dans la partie haute du Verdon. Aucune analyse génétique n'a encore été faite dans cette zone. Bien qu'aucune structure naturelle n'ait été décelée parmi le peuplement méditerranéen de la région, il est fortement déconseillé d'effectuer des translocation entre affluents trop éloignés dans le réseau hydrographique.

Ubayette : La découverte de ce peuplement fortement méditerranéen et le soupçon de repoissonnement récent à effet limité permet de classer cette station comme "à protéger de façon prioritaire". L'existence d'un peuplement beaucoup plus introgressé à l'aval n'est pas surprenant, d'autant plus qu'un seuil d'une hauteur d'environ 2 mètres sépare le point de pêche ayant fourni cet échantillon dans le Parc et le point de pêche effectué en 1997.

Maglia : Les repoissonnements passés par alevins et oeufs ont provoqué l'introgression de près de 50% de gènes étrangers. L'introgression semblant ancienne (position des points dans la figure 3), il est probable que de nombreuses souches atlantiques ont été utilisées pour son repeuplement.

Vallon de Fontanas : Repeuplée par alevins et oeuf, cette station présente la caractéristique d'être modérément introgressée (18% de gènes atlantiques) et de ne pas présenter d'individus hybrides. L'arrêt des repoissonnements présente donc un intérêt certain dans la préservation de la forme méditerranéenne.

Cabanes Vieilles : Largement repoissonnée, cette station peu accueillante pour les truites a été génétiquement fortement modifiée. Aucune action n'est préconisée pour cette station. Il est probable que de nombreuses souches atlantiques ont été utilisées pour son repeuplement.

Vallon de Planchette : Cette station est dans un état très comparable à celui de la Maglia. Cependant, il semble que les repeuplements aient eu comme seule origine la pisciculture de Roquebilière. Il est évident que la souche de cette pisciculture analysée ici n'est pas celle employée pour ces repeuplements.

Les souches de pisciculture

Les résultats sont très contrastés : 84% de gènes méditerranéens à la pisciculture de Roquebilière et par contre une souche 100% atlantique pour celle de Caïros.

Nous ne disposons pas de détails sur l'origine et la constitution de ces souches. Nous pouvons cependant considérer qu'il s'agit de deux compositions génétiques extrêmes qui peuvent se rencontrer dans la région : des souches typiquement commerciales (celle de Caïros) ou des souches tentant de reconstituer la forme locale ancestrale (celle de Roquebilière)

Fait à Montpellier, février 2001

P. Berrebi

Annexe : données brutes