

ANALYSE GENETIQUE DES TRUITES DE LA DORDOGNE (La Lousse)

OBJET:

Cette étude a pour but de savoir, par l'utilisation des marqueurs enzymatiques (ou allozymes), si l'échantillon de 25 truites fario de La Lousse (tributaire de la Dordogne) pouvait être décomposé en un apport ancestral naturel et un apport artificiel (reempoisonnements par la souche classique nordique de pisciculture). La localité prospectée semble donner de bonnes garanties pour une manipulation humaine minimale, mais nous savons par expérience qu'aucun cours d'eau du territoire n'est absolument à l'abri de déversements non contrôlés.

DIFFICULTES DE BASE:

On sait que les truites de France pouvaient être divisées en deux groupes génétiquement très proches:

les truites ancestrales (improprement appelées "méditerranéennes") sur le versant méditerranéen français, mais aussi dans toute l'Espagne, et

les truites modernes (improprement appelées "atlantiques") sur le versant atlantique français.

L'hypothèse la plus souvent invoquée dit que la forme moderne, issue de la Baltique durant le quaternaire, a migré, le long des côtes atlantiques, vers le sud.

Les premières études génétiques effectuées dans les Pyrénées ont été commandées par la région Midi-Pyrénées en sous-traitance avec le laboratoire d'Ichtyologie appliquée de l'E.N.S.A. de Toulouse. Apparemment, le bassin de l'Adour est la zone limite d'extension de la forme moderne. En effet, les truites de

ce bassin présentent à des fréquences équilibrées les marqueurs des deux groupes de truites (8 à 75%, moyenne de 45% pour le marqueur LDH-5(105)).

Tout ceci nous montre que nous ne pouvons utiliser les marqueurs enzymatiques comme dans les situations idéales des bassins méditerranéens.

Dès le départ, cette étude a été considérée comme une "étude de faisabilité".

LES RESULTATS:

Nous avons pu analyser les 25 truites (qui nous avaient été fournies vivantes en juin 1993 à Montpellier) au niveau de 32 locus enzymatiques. Le tableau I ci-joint donne l'ensemble des résultats.

Pour pouvoir interpréter, nous avons établi un tableau de comparaison (tableau II) afin de savoir si, dans l'échantillonnage de l'Adour déjà analysé, certaines localités étaient comparables.

INTERPRETATION:

Nous constatons d'abord que le principal marqueur, la LDH-5(105) est présent 32% alors que cette valeur atteint fréquemment 50% dans l'Adour. Ce point est important et sera approfondi (plusieurs dizaines de prélèvements, non encore analysés, ont d'ores et déjà été effectués dans la Haute Garonne dans le cadre de l'Association TFP). Il pourrait signifier que durant sa descente vers le sud, la souche moderne, porteuse de LDH-5(100) a réussi à pénétrer de 68% en Dordogne et de 55% en moyenne en Adour.... mais ce ne sont que supposition qu'il faudra confirmer.

Dernier point, en comparant la composition allélique des diverses rivières échantillonnées dans le bassin de l'Adour, il apparaît que celle dont la composition génétique se rapproche le plus de celle de la Lousse est **Laglere**, à l'exception du locus PGM (15% - 0%).

CONCLUSION:

Ce type d'analyse, la première qui nous soit donné d'interpréter immédiatement, est toute en nuances. Cela n'est pas surprenant si on a bien compris le processus (encore à l'état d'hypothèse) de l'invasion nord-sud de la forme moderne.

Il faut cependant donner une réponse nette à la question posée: le peuplement de la Lousse est-il d'origine ancestrale ou fortement mêlée de truites de piscicultures?

Le problème présenté par cet échantillon est qu'il est composé potentiellement de trois entités:

- des **truites ancestrales** (on les reconnaît par les marqueurs LDH-5(105) et FBP-1(150);
- des **truites moderne sauvages**
- des **truites modernes de piscicultures**.

Or il n'est pas possible pour l'instant de distinguer les deux derniers types de truites.

L'échantillon de la Lousse contient donc **entre 37 et 100% de formes sauvages** (la valeur de 37% est la moyenne entre les deux marqueurs diagnostiques LDH-5(105)=32% et FBP-1(150)=42%).

La seule façon de préciser ce résultat est de faire la distinction entre les truites modernes **sauvages** et **domestiques**. Moins il y aura de truites de pisciculture, plus naturel sera le peuplement. Il faut donc admettre que ce qu'on a droit d'appeler "truite sauvage" dans ces régions soit composé d'un *mélange naturel* issu de milliers, voire de millions d'années de compétition, entre la truite naturel ancestrale et la truite naturelle moderne.

Des recherches sont actuellement en cours au laboratoire Génome et Populations et la mise au point de marqueurs d'un autre type, les micro-satellites, est soutenue financièrement par le CSP. Une thèse d'Université a débuté fin 1992 sur ce thème à Montpellier. Nous pensons aboutir vers la fin 1994 et nous vous prions de nous recontacter alors.

Rapport rédigé à Montpellier le 9 décembre 1993 par
Patrick BERREBI, Chargé de Recherche au CNRS.