

Rapport d'analyse de 9 truites de mer du Rhône

avril 2009

Statistiques, interprétation, rédaction: Patrick Berrebi

Analyses moléculaires: Zhaojun Shao

Objet

L'association Migrateurs Rhône Méditerranée dispose d'échantillons de truites capturées (à des occasions diverses) très bas dans le Rhône, loin du lieu de vie amont des truites.

Ce comportement est semblable à celui des truites de mer qui sont des étho-types de la truite commune (*Salmo trutta*) qui, spontanément, à partir d'une population de rivière, engage un processus de smoltification (préparation à la mer) pour certains individus seulement.

Ce comportement "truite de mer" est très fréquent au nord de l'Europe et se réduit progressivement le long des côtes atlantiques pour disparaître totalement en Méditerranée.

En particulier, le comportement migrateur des truites du Rhône est extrêmement rare et apparemment aberrant compte tenu du cline nord-sud.

Il a été proposé l'hypothèse selon laquelle ces truites de mer du Rhône seraient issues des repeuplements effectués le plus souvent avec la souche INRA d'origine atlantique du nord. Un tel comportement a été observé lors de l'introduction de truite domestique aux Kerguelen (où la truite n'est pas naturelle): une partie des truites ont migré en mer et ont atteint une taille remarquable, typique des truites de mer (Davaine et Beall, 1997).

Une observation intéressante a été faite au nord de la mer Adriatique. Une analyse génétique (séquençage de la Dloop de l'ADN mitochondrial + allozyme LDH) a montré que la douzaine de truites capturées étaient de type atlantique, donc forcément domestique dans cette région où ce type est naturellement absent (Snoj et al., 2002).

Il paraissait donc intéressant d'effectuer des analyses similaires sur les truites de mer du Rhône.

Méthodes

Seize échantillons de truites de mer ont été livrés à l'Institut des Sciences de l'Evolution = ISEM (Université Montpellier 2) par l'Association MRM. Le tableau 1 rend compte des caractéristiques de cet échantillonnage disparate.

Ces tissus ont été analysés au niveau de 7 locus microsatellites qui ont déjà fait leur preuve dans ce cas de figure: Ssa197, Oneµ9, SsoSL311, Omy21Dias, Sfo1, Mst543 et Omm1105.

Pour cela, les échantillons 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 se font en thermocycleur et les produits amplifiés sont mis à migrer dans des gels d'acrylamide dénaturant.

Les gels sont scannés et interprétés en terme de génotypes avec l'aide d'un analyseur d'image.

La matrice de génotypes du tableau 1 est la base de tous les calculs statistiques.

La matrice de données génotypiques est additionnée des génotypes plurilocus de référence d'origine connue pour aider à l'interprétation biologique.

L'analyse multidimensionnelle employée (ici l'AFC) est une méthode plutôt qualitative. 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 résultats.

Résultats et interprétation

Parmi les 16 échantillons, 4 n'ont donné aucun résultat (les PCR n'ont pas pu amplifier l'ADN), marque d'un ADN en très mauvais état ou impossible à extraire. Cela est très corrélé à l'état apparent de décomposition de certains échantillons (en gris au tableau 1). D'autre part, les divers organes de la truite numérotée 3 ont donné le même génotype plurilocus. Finalement, 8 truites ont pu être analysées correctement (un génotype monolocus par truite est acceptable pour les analyses statistiques). La truite 19, en mauvais état de conservation, a pu être analysée au niveau de 3 des 7 locus, mais sa position dans l'AFC est artéfactueuse.

N° labo	tissu	N° MRM	origine	date	Ssa197	Oneμ9	SsoSL-311	Omy21DIAS	Sfo1	MST 543	Omm1105
T13571	N	1	Rhône	05/10/2004	0	0	0	0	0	0	0
T13572	P	1'	Rhône	05/10/2004	0	0	0	0	0	0	0
T13573	ω TD	SR2	Rhône	05/10/2004	131135	203203	134150	122122	118132	126146	274294
T13574	M Ec	3	-	-	123127	201211	128148	100102	106118	124146	262262
T13575	ω	3	-	-	123127	201211	128148	100102	106118	124146	262262
T13576	N	3	-	-	123127	201211	128148	100102	106118	124146	262262
T13577	A	5	-	-	0	0	0	106108	0	0	0
T13578	N	7	Rhône Valabregue	printemps 01	0	0	0	0	0	0	0
T13579	N	19	-	-	0	0	128128	106106	0	0	130154
T13580	Ec	20	-	-	131135	205205	134150	120122	0	126146	274294
T13581	Ec	21	-	-	123127	205211	142152	126126	114134	122122	242294
T13582	Ec	22	-	-	123135	203205	128150	108114	110118	126146	258294
T13583	Ec	23	-	-	127135	205205	130156	114122	0	122122	238258
T13584	Ec	24	-	-	123127	205205	130142	106114	116138	124146	262274
T13585	Ec	25	-	-	127127	0	130130	120122	130130	0	242266
T13586	Ec	26	-	-	0	0	0	0	0	0	0

Tableau 1: Description des 16 échantillons de truite de mer et génotypes microsatellites obtenus.

0 = amplification de l'ADN impossible (pas d'ADN extrait ou ADN très fragmenté)

Tissus: N = nageoire rayonnée; A = nageoire adipeuse; P = poisson entier; ω = œufs ou ovaire; TD = tube digestif; Ec = écailles avec ou sans peau.

Couleurs: bleu = numéros dans la collection de l'ISEM; gris (deux nuances) = échantillon en très mauvais état, début de décomposition; jaune = plusieurs organes de la même truite et génotype identique.

Pour interpréter ces génotypes, il faut les comparer avec ceux de truites de type connu. L'ISEM dispose de nombreux échantillons de truite mais seuls ceux qui ont été analysés avec les mêmes 7 locus sont utilisables.

La matrice de données a donc été additionnée des références suivantes:

- des truites méditerranéennes du bassin du Rhône avec :

la Sorgue, connue pour héberger une souche méditerranéenne différente des autres du Rhône (24 truites);

le Doubs (24) et la souche de la pisciculture de Roquebillière (20) installée dans les Alpes Maritimes mais entretenant une souche du Doubs, et l'Ain (20);

- des truites méditerranéennes de la Roya (15) appartenant à un bassin proche (frontière italienne);

- des truites méditerranéennes de l'Orb (14), fleuve héraultais;

- des truites atlantiques domestiques de la souche dite "INRA" (10)

Ces références servent à tester les deux hypothèses: (i) les truites de mer proviennent des populations méditerranéennes naturelles du Rhône ou (ii) elles proviennent des repeuplements en truites domestiques atlantiques.

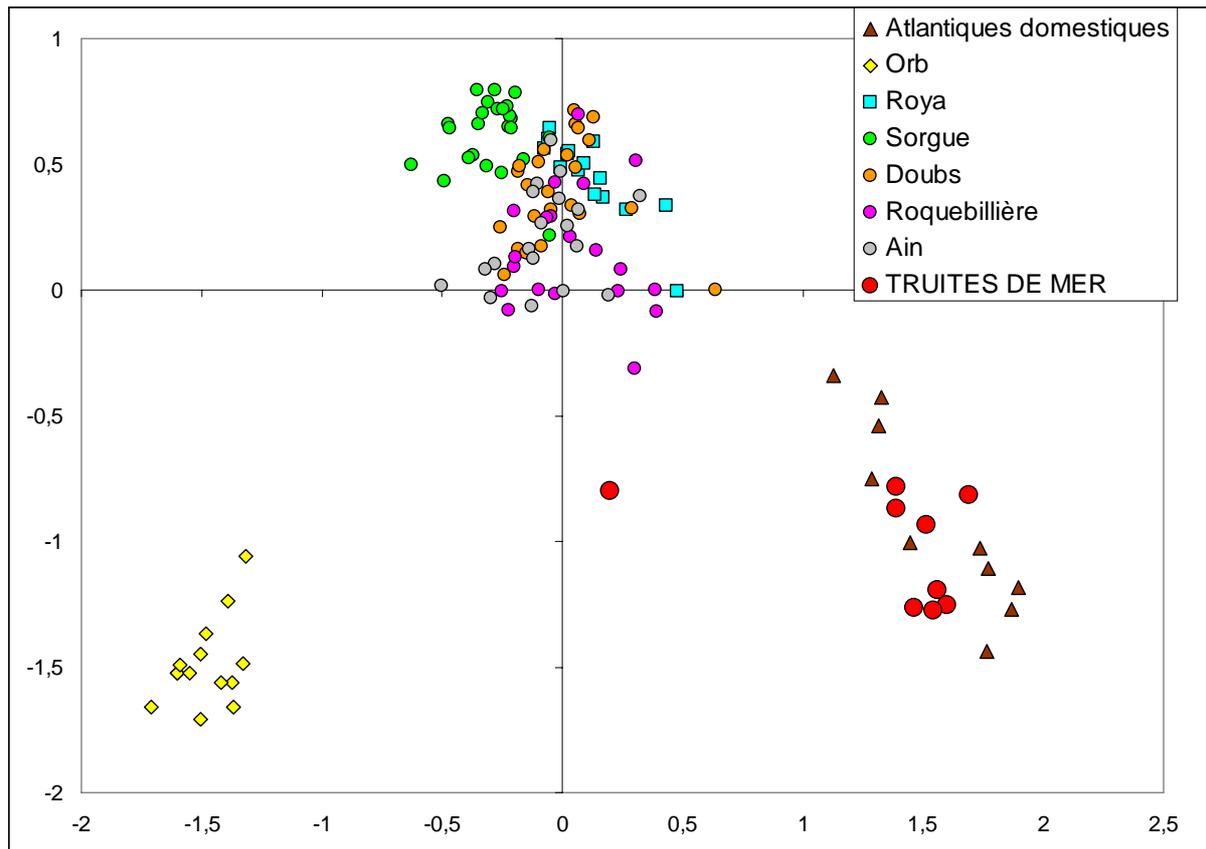


Figure 1: L'AFC (axe 1 horizontal et 2 vertical) présente un classement très clair des génotypes analysés.

Les truites de référence sont bien discriminées dans la figure 1, avec :

- l'Orb en bas à gauche,

- les atlantiques domestiques en bas à droite et

- les truites du Rhône et de la Roya au centre en haut. Les truites de la Sorgue se distinguent des autres le long de l'axe 3 (non présenté sur ce diagramme).

Les truite de mer se placent clairement parmi les truites domestiques atlantiques. La truite de mer excentrée par rapport à ses semblables est la truite 19 présentant de nombreuses données manquantes.

Conclusion

Les 9 truites de mer analysées sont des truites domestiques ayant conservé leur comportement migratoire.

Références bibliographiques

- Davaine, P., Beall, E., 1997. Introduction de salmonidés en milieu vierge (Iles Kerguelen, subantarctique) : enjeux, résultats, perspectives. Bulletin Français de Pêche et de Pisciculture 344/345, 93-110.
- Snoj, A., Marceta, B., Susnik, S., Melkic, E., Meglic, V., Dovc, P., 2002. The taxonomic status of the 'sea trout' from the north Adriatic Sea, as revealed by mitochondrial and nuclear DNA analysis. Journal of Biogeography 29, 1179-1185.

Fait à Montpellier le 13 avril 2009