

# Analyse des truites du Haut Tarn : marqueurs microsatellites Rapport de décembre 2009

Analyses statistiques et rédaction : **Patrick Berrebi**, ISEM <sup>(a)</sup>  
Analyse moléculaires : **Corinne Cherbonnel**, GENINDEXE <sup>(b)</sup>

<sup>(a)</sup> *Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2, cc065, place Bataillon,  
34095 Montpellier cedex 05, Tel. 04 67 14 37 32, patrick.berrebi@univ-montp2.fr*

<sup>(b)</sup> *GENINDEXE, 6 rue des Sports, 17000 La Rochelle,  
Tel. 05 46 30 69 66, ccherbonnel@genindexe.com*

## Introduction

Dans le cadre d'une convention entre la Fédération de Pêche de la Lozère, l'AAPPMA du Haut Tarn et le Parc National des Cévennes, une analyse génétique a été réalisée sur la population de truites communes située dans la plaine du Haut Tarn (source du Tarn sur le Mont Lozère). Le point de prélèvement se situe au dessus du pont de la station DCE de Mas Camargues.

Le but est d'identifier les caractéristiques génétiques des truites des sources du Tarn.

Historiquement, il y a eu alevinage sur le secteur mais pas depuis 3 ans. Les souches de truite jadis utilisées pour les alevinages, probablement déversées plus en aval au niveau du pont du Tarn, ont pu varier dans le temps et leur origine est difficile à retrouver.

- Avant 1990, la souche Chapeauroux (constituée avec des géniteurs locaux) a été employée.
- Il y a eu aussi des translocations depuis l'Allier.
- Entre 1990 et 2005, la souche du Mt Lozère (géniteurs locaux) a été utilisée.
- Enfin, il n'y a pas eu de repeuplement depuis 3 ans.



*Figure 1: Localisation du point d'échantillonnage*

## Méthodes

Cet échantillon de 30 truites du Haut Tarn a été analysé au niveau de 6 locus microsatellites qui ont déjà fait leur preuve dans ce cas de figure: Mst543, Mst85, Omy21Dias, Oneµ9, SsoSL311 et SsoSL438.

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 (amplification artificielle à l'identique 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) dans un séquenceur à 8 capillaires.

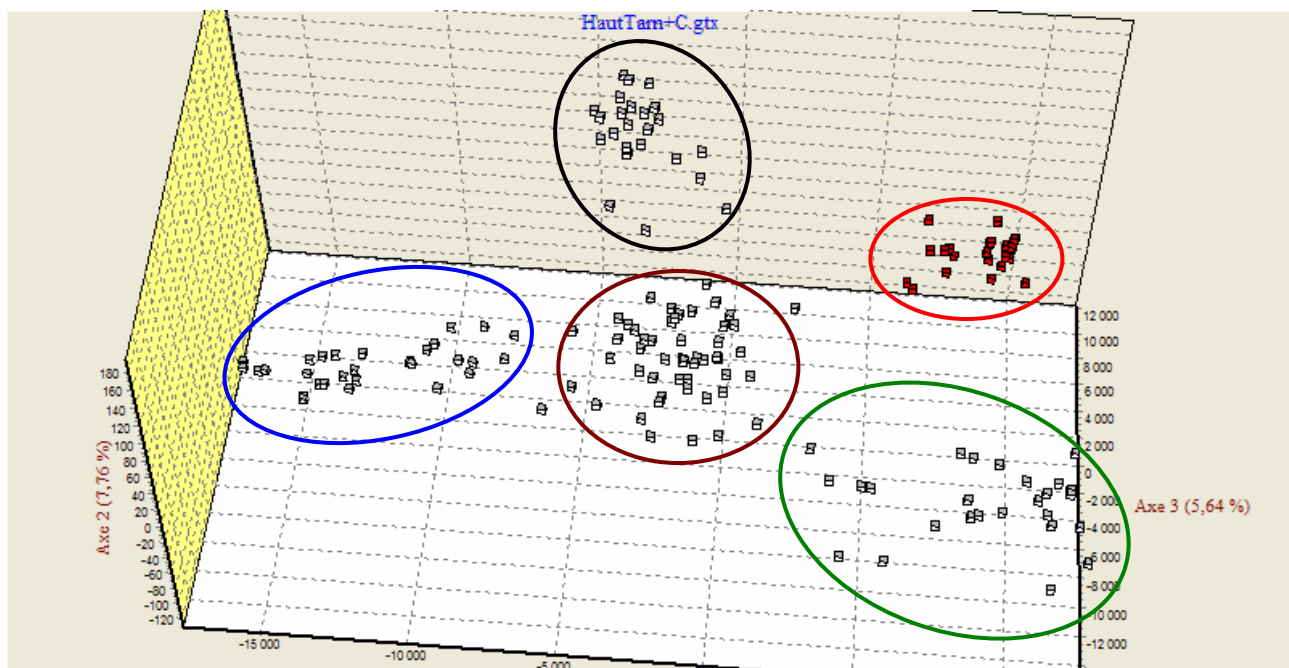
Les courbes produites par le séquenceur sont enfin interprétées en terme de génotypes pour constituer la matrice de génotypes (donnée en annexe) qui est la base de tous les calculs statistiques.

La matrice de données génotypiques (voir annexe) additionnée des génotypes de référence d'origine connue (deux échantillons de truites provenant de piscicultures élevant la souche domestique INRA-SEMII, la plus répandue en France ; et trois échantillons de truites sauvages du Tarn et de l'Allier issus du projet GENESALM), sert de base aux calculs.

Dans le but de comparer tous ces échantillons, une analyse multidimensionnelle (ici l'AFC) a été réalisée. Elle permet de visualiser chaque truite dans un hyper-espace qui favorise le regroupement des truites génétiquement semblables et sépare celles qui sont dissemblables.

## Résultats

Dans l'analyse multidimensionnelle (figure ci-dessous), les deux échantillons de truites atlantiques domestiques sont identiques et ont été regroupés dans une ellipse brune.



**Figure 2:** Analyse multidimensionnelle (AFC) montrant l'indépendance génétique des truites du **Haut Tarn** (ellipse rouge) vis à vis des truites **domestiques** (en brun; ici deux piscicultures commerciales représentées), mais aussi vis-à-vis de deux échantillons du Tarn situés dans les départements de la Lozère (en vert, le **Béthuzon**, affluent de la Jonte et du Tarn) et du Tarn (en bleu ; **Oulas** affluent du Dadou et du Tarn) et d'un échantillon de l'Allier (en noir, rivière **Chantelouve**, source du Chapeauroux), ayant servi pour des repoissonnements. Visiblement, aucune souche naturelle ou domestique n'a influencé le peuplement actuel du Haut Tarn.

Les échantillons naturels du Tarn se distinguent tous de la forme domestique, mais ils se distinguent également entre eux, montrant que le bassin du Tarn est peuplé de populations de truites isolées et donc différenciées... ce qui signifie que ces truites sont très probablement fortement sédentaires.

### **Interprétation**

L'analyse effectuée sur un échantillon proche des sources du Tarn montre qu'il n'est ni domestique, ni semblable aux affluents du Tarn pris en compte (Béthuzon-Jonte et Oulas-Dadou).

La possible influence d'une souche domestiquée originaire du Chapeauroux (Allier) n'est pas observée.

Le plus probable est que cette population du Haut Tarn est **une forme naturelle ancestrale et mérite donc une protection patrimoniale**.

Il reste cependant un faible risque que cette population soit issue d'un repeuplement ancien utilisant une souche locale (géniteurs issus de rivières du bassin du Tarn).

*Patrick Berrebi le 11 décembre 2009*



*Truite n° 48-10 (voir annexe)*



*Truite n° 48-20*



*Truite n° 48-22*

**Figure 3:** La figure 2 montre clairement qu'il n'y a pas d'hybridation dans l'échantillon de truites du Haut Tarn analysés (nuage rouge compact dans les AFC). Les quelques variations morphologiques visibles ci-dessus (surtout dans le cerclage blanc autour des taches oranges et dans le nombre de ces dernières) représentent donc la diversité normale des truites naturelles de cette station.

*Annexe : Géotypes des 30 truites du Haut Tarn analysées au niveau de 6 locus microsatellites*

N°	Mst 543	Mst 85	OMY 21	Oneµ9	SsosL311	SsosL438
48-01	118142	147169	106106	201207	154158	099099
48-02	142142	169169	090106	201201	158166	099099
48-03	142142	169169	106106	201201	154154	099099
48-04	142142	147169	098106	201201	154154	099099
48-05	142142	169169	106106	201207	144158	099099
48-06	142142	169169	106106	201201	158166	099099
48-07	142142	169169	106106	201201	154158	099099
48-08	126142	169169	106108	201201	158158	099099
48-09	126142	169169	106106	201201	154170	099099
48-10	142142	169169	106106	201201	154154	099099
48-11	126142	147169	100106	201201	170172	099099
48-12	142142	147169	106106	201201	158170	099099
48-13	126142	169169	108108	201201	144158	101101
48-14	126142	169169	106106	201201	158158	099099
48-15	142142	147169	106106	201201	154158	099099
48-16	142142	169169	106106	201201	154158	099099
48-17	118142	167169	106106	201201	158172	099105
48-18	118142	147169	106106	201207	158172	099099
48-19	142142	169169	106106	201201	128158	099127
48-20	142142	169169	106106	201201	158158	099099
48-21	142142	169169	102106	201201	168170	099099
48-22	142142	147169	102102	201201	128158	099127
48-23	126142	147169	102106	201207	158170	099099
48-24	142142	169169	106106	201201	158170	099099
48-25	142142	169169	106106	201201	158158	099099
48-26	126142	169169	102106	201201	158158	099127
48-27	142142	147169	106106	201201	154158	099099
48-28	142142	169169	106106	201201	158158	099099
48-29	142142	169169	106106	201201	158170	099099
48-30	142142	169169	106106	201201	154170	099099