

Analyse génétiques des truites de la Réserve Naturelle d'Eyne Seconde campagne

Projet EYN2
Août 2013

Eyne 2013



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

Etude réalisée avec le soutien de l'Etat, du Département des Pyrénées-Orientales, de la Région
Languedoc-Roussillon et de l'Union Européenne.



1. Introduction

Ce programme d'analyse entre dans le cadre de la connaissance des lignées de truites qui habitent les affluents du Sègre, lui même affluent de l'Ebre, fleuve méditerranéen essentiellement espagnol au sud des Pyrénées.

Suite aux travaux menés sur les souches de truites de la rivière "Eina" ou Eyne, en collaboration avec la Fédération Départementale de pêche des Pyrénées Orientales (FD66), un stagiaire de Master 2 est chargé, en 2013, de poursuivre un travail d'analyse des résultats et de proposer d'éventuelles mesures de gestion en lien avec la souche de type Eyne. Pour ce faire la Réserve Naturelle Nationale Vallée d'Eyne (RNN) a envisagé d'une part de vérifier la pertinence d'une approche phénotypique du genre "portait-robot" par rapport aux spécimens analysés en 2010-2011, et d'autre part de mieux identifier sur le linéaire de la rivière les zones d'une présence accrue de ladite souche.

Les rivières d'Eyne et d'Err ont été échantillonnées le 8 juillet 2013. Ces rivières étant proches et dans le même bassin versant, le but est de voir si des caractéristiques génétiques communes sont retrouvées, en comparaison avec les deux échantillons constitués en 2010. Cela permettrait ainsi de savoir s'il faut résonner en terme de souche génétique locale Eynoise ou de souche génétique de bassin versant du Sègre.

2. Echantillonnage

Les deux stations analysées dans le présent rapport sont détaillées dans le Tableau 1 et leur localisation dans la Figure 1. De nombreux échantillons de référence (voir Tableau 1) sont utilisés pour comparer et caractériser cette souche Eyne.

Les 32 échantillons de nageoires analysés ici ont été expédiés le 9 juillet 2013 et sont arrivés à GENINDEXE (La Rochelle) le 12 juillet. Les génotypes sont parvenus au laboratoire de Montpellier le 18 juillet. Vincent Provost, étudiant en Master, est le correspondant de la RNN auprès de l'Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier (ISEM) pour ce projet EYN2, David Schikorski est le correspondant de GENINDEXE.

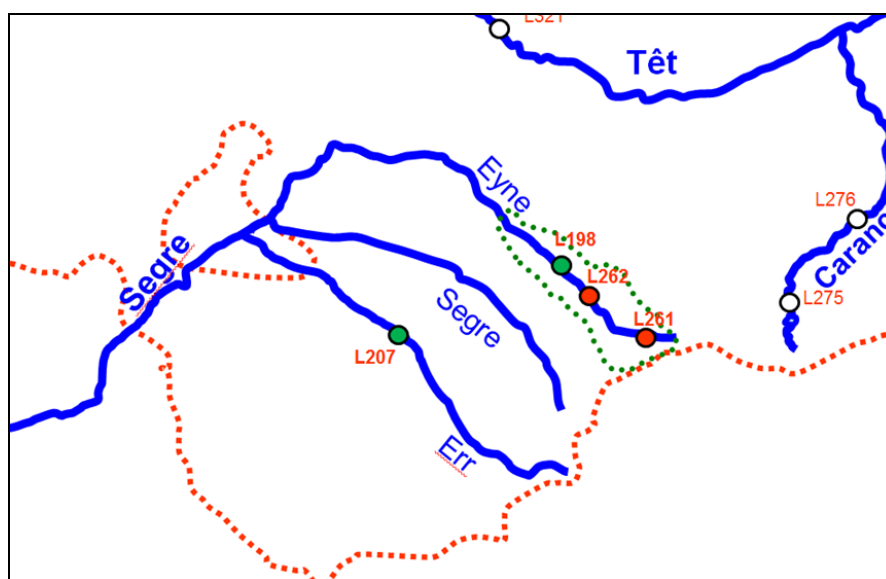


Figure 1 : Positionnement des échantillons de 2013 (ronds verts) et de 2010 (ronds rouges). Voir le Tableau 1 pour la signification des numéros d'échantillons ISEM.

Carte	Rivière	Station	Bassin	Nbr	Sigle	n° éch. ISEM	n° truite ISEM	Année	n° terrain	Rapport
1	Eyne		Ebre	16	EYN13	L198	T25099 à T25115	2013	2013-EYN2-01 à 17	EYN2
2	Err		Ebre	15	ERR13	L207	T25116 à T25130	2013	2013-EYN2-18 à 32	EYN2
3	Eyne	amont	Ebre	30	EYNm	L294	T17784 à T17814	2010	Eyne 2010-01 à 31	EYN1
4	Eyne	aval	Ebre	30	EYNv	L295	T17815 à T17843	2010	Eyne 2010-32 à 60	EYN1
5	Coumélade	La Llau	Tech	15	TEC	L399	T19992 à T20006	2011	PO2011-02 à 15	PO6
6	Têt	amont (Ft Romeu)	Têt	15		L321	T18288 à T18302	2010	Têt-2010-16 à 30	PO5
7	Carança	Résereve amont	Têt	15	CAR	L275	T17222 à T17275	2009	Fédé66-01 à 15	PO5
8	Harlando		Ebre	22		F082	T02009 à T02030	1993	B149 à 170	ADOUR1
9	-	P. Caunteret	Adour	30		L157	T13091 à T13120	2008	G108-601 à 630	GENESALM2
10	-	P. Roquebillière	-	29	ROQ	L156	T13061 à T13090	2008	G108-341 à 370	GENESALM2
11	Nohède	amont	Têt	10	P2	L174	T13456 à T13465	2008	ONF-PO-41 à 50	PO4
12	-	P. Isère & Seine Maritime	-	30		L266 & L267	T16941 à T16970	2008	108-116 à 235	GENESALM2

Tableau 1 : Caractéristiques des truites analysées dans ce rapport (lignes bleues), des échantillons de l'Eyne de 2010 (en jaune) et des truites de référence servant aux comparaisons dont les truites domestiques atlantiques (en gris).

3. Méthode moléculaire

Les morceaux de nageoire de truites prélevés au bord de la rivière et mis immédiatement dans l'alcool peuvent être conservés ainsi plus de 10 années. L'ADN d'un minuscule morceau (1 mm x 2 mm) est extrait dans une mixture de protéinase K (détruit les protéines et libère l'ADN) et de Chelex (chélateur des enzymes destructeurs naturels de l'ADN et de certains

inhibiteurs) pendant au moins deux heures. Après centrifugation, le surnageant dilué sert d'**extrait d'ADN**.

Les extraits d'ADN sont rajoutés à un mélange réactionnel (le mix) capable d'**amplifier** microsatellite (synthèse artificielle de l'ADN cible: ou PCR) la petite zone d'ADN cible: le marqueur. Le milieu réactionnel se charge alors d'une très grande quantité de fragments d'ADN artificiel cible.

Les variants de longueur des microsatellites (les allèles) sont caractéristiques de chaque truite (deux allèles, chacun légué par un des parents de la truite) constituent les génotypes. Pour les caractériser, les produits de PCR sont mis à migrer sous un champ électrique dans un gel d'acrylamide (la **migration**) puis scannés. Un analyseur d'image permet de mesurer automatiquement la longueur des fragments d'ADN, ces mesures sont contrôlées par un technicien expérimenté car elles comportent de nombreux pièges.

La matrice de génotypes est constituée à partir de ces mesures. Elle est la base de toutes les analyses statistiques.

4. Méthode statistiques

Les données moléculaires (génotypes) obtenues, codées, permettent d'établir la matrice de données. Additionnée des génotypes des échantillons de référence (pour les comparaisons) d'échantillons déjà analysés (voir Tableau 1), la matrice finale permet d'effectuer les traitements statistiques suivants, constitués de trois étapes principales:

L'**analyse multidimensionnelle** (ici un Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC effectuée grâce au logiciel GENETIX) produit un diagramme qualitatif où chaque truite est positionnée en fonction de son génotype à tous les marqueurs microsatellites. Plus deux points sont rapprochés, plus les truites qu'ils représentent se ressemblent génétiquement. Plus ils sont éloignés et plus les truites sont différentes. Cela permet de détecter des "nuages" de points correspondant à des lignées génétiques et de comprendre de quel type sont les truites analysées.

L'**analyse d'assignation** (ici une méthode bayésienne appliquée avec le logiciel STRUCTURE) permet d'assigner chaque truite à un sous-groupe. Ces sous groupes ne tiennent pas compte de l'origine des truites mais seulement de leur génotype. Le point le plus délicat est de savoir combien de sous groupes (k) sont contenus dans les truites analysées, aussi des essais avec k allant de 7 à 15 sont nécessaires dans notre cas. Il faut que la partition ait un sens biologique. Une truite peut être assignée à plusieurs sous groupes si elle est hybridée. Cette méthode, plus quantitative, peut chiffrer avec précision la composition génétique d'un échantillon (par exemple les pourcentages de truites sauvages et domestiques dans un échantillon) ou d'une truite hybride.

Une fois les lignées déterminées par les deux précédentes méthodes, les **paramètres populationnels** classiques de la génétique des populations sont calculés pour chaque lignée et chaque station: la diversité génétique est mesurée avec les paramètres H_o = hétérozygotie observée, H_{nb} = hétérozygotie théorique non biaisée et A = nombre moyen de variants (allèles) par marqueur. La panmixie ou probabilité égale pour chaque membre d'une population de truites de se reproduire avec tout autre membre de sexe opposé est mesurée par le **Fis**, la différenciation entre échantillon par le **Fst**. Les informations biologiques tirées de ces paramètres populationnels sont exploités dans la discussion.

5. Résultats

5.1 - Analyse multidimensionnelle

L'analyse multidimensionnelle présentée en Figure 2 doit être considérée comme un débroussaillage des données. Elle donne la meilleure représentation des ressemblances et dissemblances entre échantillons de référence et ceux de la RNN.

Le diagramme nous montre que les truites de la RNN se situent soit au centre du graphique, soit décalées vers les truites domestiques (seulement pour l'échantillon Eyne 2010 amont), soit décalées vers le type Têt (surtout l'échantillon Eyne 2013)

Ces résultats généraux peuvent être précisés par l'analyse d'assignation qui suit.

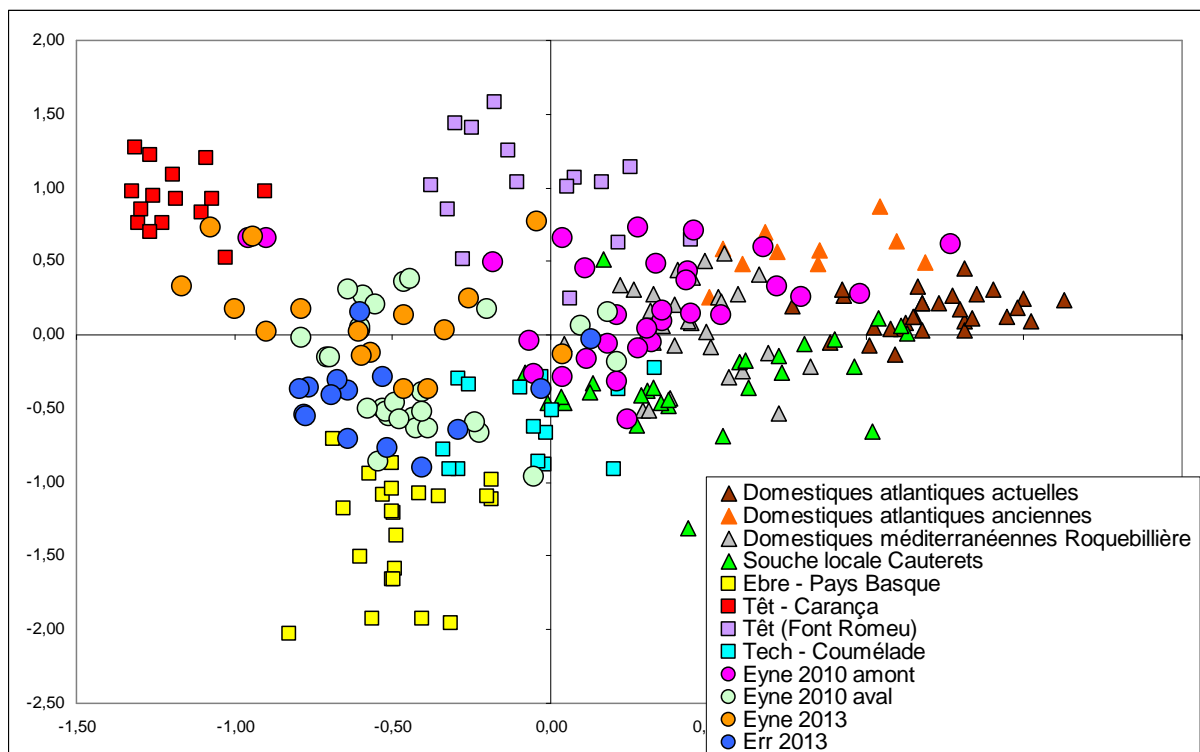


Figure 2 : L'analyse multidimensionnelle (AFC) polarise l'ensemble de la diversité en trois tendances principales (d'où le triangle): les formes domestiques dans les coordonnées positives de l'axe 1 horizontal (milieu droit), les truites sauvages de la Têt dans les coordonnées négatives de l'axe 1 et positives de l'axe 2 vertical (en haut à gauche) et les truites de l'Ebre (dans la région basque) dans les coordonnées négatives de l'axe 2 (milieu bas).

5.2 - Analyse d'assignation

La stratégie adoptée pour traiter les données en assignation est très particulière. Elle a été adoptée à cause du très grand nombre d'échantillons de référence qui, par la taille de la matrice, entraîne des temps de calcul considérables.

Pour cela, des tests préparatoires incluant tous les échantillons du Tableau 1 et de l'analyse multidimensionnelle ont été tentés avec k allant de 7 à 15 avec 3 répétitions chaque (50000 burn'in et 100000 répétitions). L'ensemble de ces 27 tests on permis de montrer que les

lignées de référence de l'Ebre basque, de la Têt à Font Romeu, de Cauteret et de la souche commerciale domestique atlantique actuelle n'entraient jamais dans la composition des truites de la RNEV en 2010 et 2013.

Une seconde étape a donc été de pratiquer 20 tests d'assignation en opposant les 4 échantillons de la RNEV 2010 et 2013 aux lignées reconnues comme ayant une influence: les lignées Carança, Tech, Roquebillière et domestique atlantique ancienne (P2).

La méthode d'assignation est une sorte de tirage au sort (plus précisément un MCMC sur chaîne de Markov) du découpage en 5 sous-groupes (en fait 150000 tirages) avec mesure postérieure de la vraisemblance (méthode dite bayésienne) estimée pour les déséquilibres panmictiques et de liaison (reproduction au hasard de toutes les truites dans le sous groupe) les plus faibles. De ce fait, chaque test est différent mais ils peuvent être regroupés en types. Sur les 20 tests, un type est majoritaire (sur 9 tests). C'est la moyenne des valeurs de ces 9 tests qui est donnée au Tableau 2, mais c'est un seul test, le plus proche de la moyenne, qui est visualisé à la Figure 3.

	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
EYN13	0,56	0,14	0,15	0,05	0,09
ERR13	0,85	0,01	0,08	0,02	0,04
EYNm	0,05	0,07	0,07	0,33	0,48
EYNv	0,38	0,11	0,41	0,01	0,10
CAR	0,01	0,98	0,01	0,01	0,00
TEC	0,07	0,01	0,84	0,04	0,05
ROQ	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
P2	0,01	0,01	0,02	0,02	0,96

Tableau 2 : Fréquence de présence des 5 lignées détectées par STRUCTURE ($k=5$) dans chacun des échantillons de truites analysées. Ces valeurs sont les moyennes de 9 tests aux résultats similaires. La signification des sigles est donnée au Tableau 1.

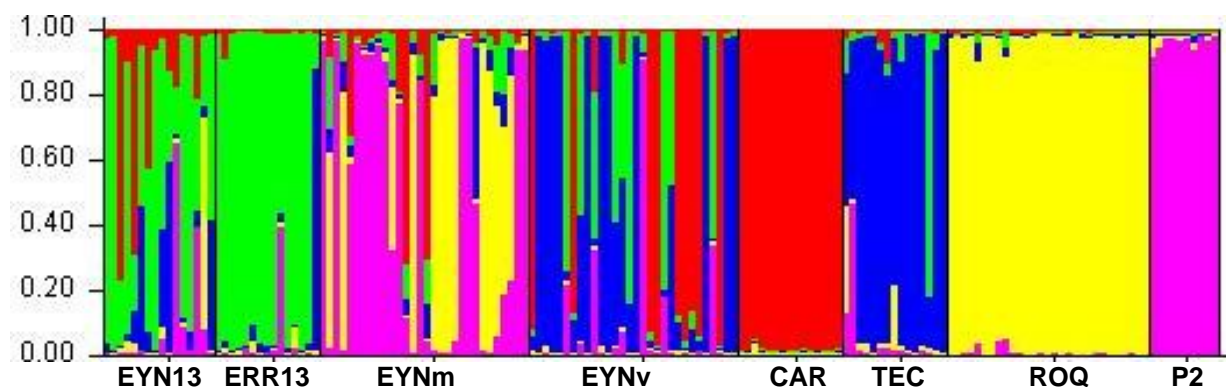


Figure 3 : Histogramme présentant le test d'assignation le plus proche de la moyenne (Tableau 2). Les couleurs représentent les lignées: **Eyne**, **Carança**, **Tech**, **Roquebillière** et **domestique atlantique ancienne**. La signification des sigles est donnée au Tableau 1.

5.3. - Paramètres populationnels

Les paramètres de polymorphisme (en vert, Tableau 3) nous montrent que les 4 échantillons de la RNN ont un niveau de diversité très élevé, similaire à celui des souches de

pisciculture (H autour de 0,75), voire au dessus (EYNm) ou au dessous (EYNv). Ceci est confirmé par le nombre moyen de variants (A).

La panmixie (en orange, Tableau 3) est absente des échantillons de la réserve (Fis à écart significatif) permettant de supposer des mélanges de souches.

Les Fst (Tableau 4) sont une mesure de la différence génétique entre échantillons. Bien que tous les tests soient significatifs (c'est-à-dire par exemple que les échantillons prélevés aux trois endroits de l'Eyne sont tous différents entre eux, signe de limitation aux migrations), on observe des valeurs faibles entre localités de la RNN (entre 9 et 11%), tandis que l'écart entre Roquebillière et RNN est fort (de l'ordre de 20% sauf pour EYNm fortement introgressé par cette souche). Idem pour la souche P2. Par contre la différence entre RNN et Carança est égale entre échantillons (environ 25%).

	Hnb	Ho	A	Fis	significativité
EYN13	0,74	0,64	7,67	0,14	****
ERR13	0,72	0,60	6,83	0,17	****
EYNm	0,83	0,71	12,33	0,15	****
EYNv	0,68	0,60	9,00	0,12	****
CAR	0,41	0,40	2,83	0,02	NS
TEC	0,72	0,74	8,67	-0,03	NS
ROQ	0,74	0,64	7,00	0,14	****
P2	0,79	0,82	7,00	-0,04	NS

Tableau 3 : Paramètres de diversité génétique (en vert) et d'équilibre panmixique (en orange) appliqués aux 4 échantillons de la RNN ainsi qu'aux échantillons de référence. NS = non significatif ; *** = très hautement significatif ($p < 1/5000$).

ERR13	EYNm	EYNv	CAR	ROQ	TEC	P2	
0,09	0,10	0,08	0,19	0,17	0,15	0,18	EYN13
	0,11	0,10	0,29	0,20	0,13	0,19	ERR13
		0,11	0,25	0,07	0,11	0,08	EYNm
			0,25	0,19	0,12	0,19	EYNv
				0,34	0,36	0,39	CAR
					0,13	0,16	ROQ
						0,19	TEC

Tableau 4 : Les Fst sont une mesure de la différence génétique entre échantillons. Tous les tests sont significatifs (c'est-à-dire par exemple que les échantillons prélevés à trois endroits de l'Eyne sont tous différents entre eux),

6. Interprétation et discussion

Les échantillons de la Réserve de 2010 étaient fortement artificiels. L'amont de l'Eyne était dominé par la forme domestique atlantique P2 (utilisée avant celle qui est globalement utilisée aujourd'hui) avec un apport de Roquebillière. L'aval était un mélange de la lignée Tech (pourtant jamais cette lignée a fait l'objet d'une création de souche ou de translocation) et de la lignée Carança (correspondant à la souche de la pisciculture de Sahorre).

En 2013, les deux échantillons présentent en majorité une souche différente de toutes les références et nommée ici souche Eyne.

Ces résultats sont surprenant car l'échantillon Eyne aval 2010 est très proche et sans cascade considérable avec l'échantillon Eyne de 2013. Par contre la station Eyne amont 2010 est séparée de l'aval par une cascade qui peut expliquer une rupture de continuité génétique.

Les valeurs de Fst (Tableau 4) vont dans le sens d'une limitation des échanges entre stations de l'Eyne. Les valeurs de Fis suggèrent des mélanges, tout comme le fort polymorphisme (Tableau 3), bien qu'aucun alevinage n'ait eu lieu depuis 2006 et que les remontées de l'aval sont difficiles à invoquer (isolement entre stations selon les Fst).

Dans le but d'écarter l'hypothèse d'un artéfact (deux analyses effectuées à deux ans d'intervalle, même si c'est par le même laboratoire, peuvent légèrement différer car les méthodes d'analyse moléculaire évoluent), trois truites de l'amont et une de l'aval de 2010 ont été ré-analysées en 2013 donnant quelques différences dans l'échantillon amont (19%) et aucune différence dans l'échantillon aval qui nous intéresse.

Les échantillons EYNm et EYNv de 2010 ont fait l'objet du rapport EYN1. Dans cette étude, la qualité des références n'était pas suffisante (jugement *a posteriori*) puisque le type TEC n'avait pas été inclus. De ce fait, ce type TEC (bien que toujours difficile à comprendre) a été pris pour un type Eyne qui s'avère à présent très peu représenté dans ces stations en 2010. Par contre la présence des types Carança, Roquebillière et domestique atlantique avait été correctement détectée dans le rapport EYN1.

De manière générale, la composition génétique des truites des Pyrénées Orientales est très complexe du fait de l'action dominante de l'homme qui a déplacé des truites dans l'ancien temps (translocations) puis créé des souches domestiques qu'il a introduit avec zèle (pas moins de 4 souches domestiques, un record en France).

Toutefois, L'arrêt de l'alevinage dans la RNN date de 2006 donc les 3 stations échantillonnées sur Eyne en 2010 et 2013 (EYNm, EYNv et EYN13) ne sont plus influencées par l'introduction d'individus domestiques depuis cette date.

Si la composition des truites de la RNN s'éclaircit, le problème de la participation de la lignée TEC persiste. Que faire pour pouvoir trancher sur la signification de cette lignée dans la RNN?

Étendre l'échantillonnage local, incluant l'Espagne, permettrait de savoir si c'est un phénomène très localisé ou si cette souche se trouve un peu partout dans le haut-Sègre. Bien sûr, dépasser 6 marqueurs ne peut faire que du bien, en particulier si cela permet de séparer le type TEC trouvé dans l'Eyne de celui trouvé dans le Tech, mais ce ne sera pas aussi décisif que d'étendre l'échantillonnage qui a vraiment des potentialités d'expliquer ce qu'on ne comprend pas encore.

Fait à Montpellier le 12 août 2013

7. Références bibliographiques

- Berrebi P. 1997. Biodiversité génétique des truites fario des bassins de l'Adour, la nivelle et l'Untxin - Marqueurs allozymiques - Rapport de janvier 1997: Université Montpellier II. ([ADOUR1](#))
- Berrebi P, Cherbonnel C. 2009. Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme Genesalm - tome 1 - version du 15 décembre 2009: Université Montpellier 2, rapport de contrat du projet Genesalm, 22p. ([GENESALM2](#))
- Berrebi P, Shao Z, Reynaud N. 2010. Rapport d'analyse des truites des Pyrénées Orientales - microsatellites et séquençage de la Dloop - mai 2010: Université Montpellier 2. 10p. ([PO4](#))
- Berrebi P, Cherbonnel C. 2011. Etude génétique de l'origine des truites de l'Eyne, rivière des Pyrénées Orientales, dans la Réserve Naturelle d'Eyne - Rapport de février 2011: Université de Montpellier 2. 14p. ([EYN1](#))
- Berrebi P, Cherbonnel C, Shao Z. 2011. Analyse génétique des truites des Pyrénées Orientales - Etape 2 - Têt, Carança, Llech, Prat d'En Salze - Rapport de juin 2011: Université Montpellier 2, Rapport d'analyses pour l'ONF, 14p. ([PO5](#))
- Berrebi P, Shao Z, Cambon D, Baudier O. 2012. Analyse génétique des truites des Pyrénées Orientales - Etape 3 - Tech (Coumélade, Las Illas, Tassia) - Rapport de février 2012: Rapport d'étude pour la Fédération de Pêche 66 et l'ONF. 13p. Université Montpellier 2. ([PO6](#))
- Berrebi P, Shao Z. 2013. Analyse génétique des 4 échantillons de truites des Pyrénées Orientales (Tech et Agly) - Projet PO7 - Rapport de février 2013: Université Montpellier 2, 13p. ([PO7](#))

8. Annexes

Annexe 1 : Fréquences d'assignation de chaque échantillon et de chaque truite aux 5 lignées détectées par Structure. La signification des sigles et des numéros de truites sont données au Tableau 1.

Il est généralement accepté que les valeurs égales ou inférieures à 0,05 (5%) ne sont que du "bruit de fond" de la méthode.

	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
EYN13	0,56	0,14	0,15	0,05	0,09
ERR13	0,85	0,01	0,08	0,02	0,04
EYNm	0,05	0,07	0,07	0,33	0,48
EYNv	0,38	0,11	0,41	0,01	0,10
CAR	0,01	0,98	0,01	0,01	0,00
TEC	0,07	0,01	0,84	0,04	0,05
ROQ	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
P2	0,01	0,01	0,02	0,02	0,96

N° étiquette	N° d'ordre	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
2013-EYN2-1	EYN13-01	0,90	0,02	0,06	0,01	0,01
2013-EYN2-2	EYN13-02	0,96	0,02	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-3	EYN13-03	0,30	0,66	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-4	EYN13-04	0,88	0,05	0,03	0,03	0,01
2013-EYN2-5	EYN13-05	0,16	0,67	0,12	0,03	0,02
2013-EYN2-6	EYN13-06	0,47	0,05	0,47	0,00	0,02
2013-EYN2-7	EYN13-07	0,54	0,36	0,09	0,01	0,01
2013-EYN2-8	EYN13-08	0,92	0,05	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-9	EYN13-09	0,53	0,02	0,34	0,04	0,06
2013-EYN2-10	EYN13-10	0,48	0,04	0,46	0,01	0,01
2013-EYN2-11	EYN13-11	0,09	0,20	0,02	0,01	0,68
2013-EYN2-13	EYN13-12	0,81	0,01	0,04	0,01	0,12
2013-EYN2-14	EYN13-13	0,83	0,02	0,12	0,01	0,02
2013-EYN2-15	EYN13-14	0,39	0,13	0,07	0,00	0,41
2013-EYN2-16	EYN13-15	0,21	0,01	0,07	0,63	0,08
2013-EYN2-17	EYN13-16	0,51	0,01	0,46	0,01	0,01
2013-EYN2-18	Err-01	0,96	0,01	0,02	0,00	0,01
2013-EYN2-19	Err-02	0,79	0,10	0,09	0,01	0,02
2013-EYN2-20	Err-03	0,97	0,01	0,01	0,01	0,01
2013-EYN2-21	Err-04	0,97	0,01	0,01	0,01	0,01
2013-EYN2-22	Err-05	0,93	0,01	0,01	0,00	0,05
2013-EYN2-23	Err-06	0,89	0,00	0,05	0,04	0,01
2013-EYN2-24	Err-07	0,96	0,01	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-25	Err-08	0,96	0,01	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-26	Err-09	0,93	0,01	0,03	0,01	0,03
2013-EYN2-27	Err-10	0,46	0,01	0,09	0,01	0,43
2013-EYN2-28	Err-11	0,96	0,01	0,02	0,01	0,01
2013-EYN2-29	Err-12	0,82	0,00	0,03	0,09	0,05

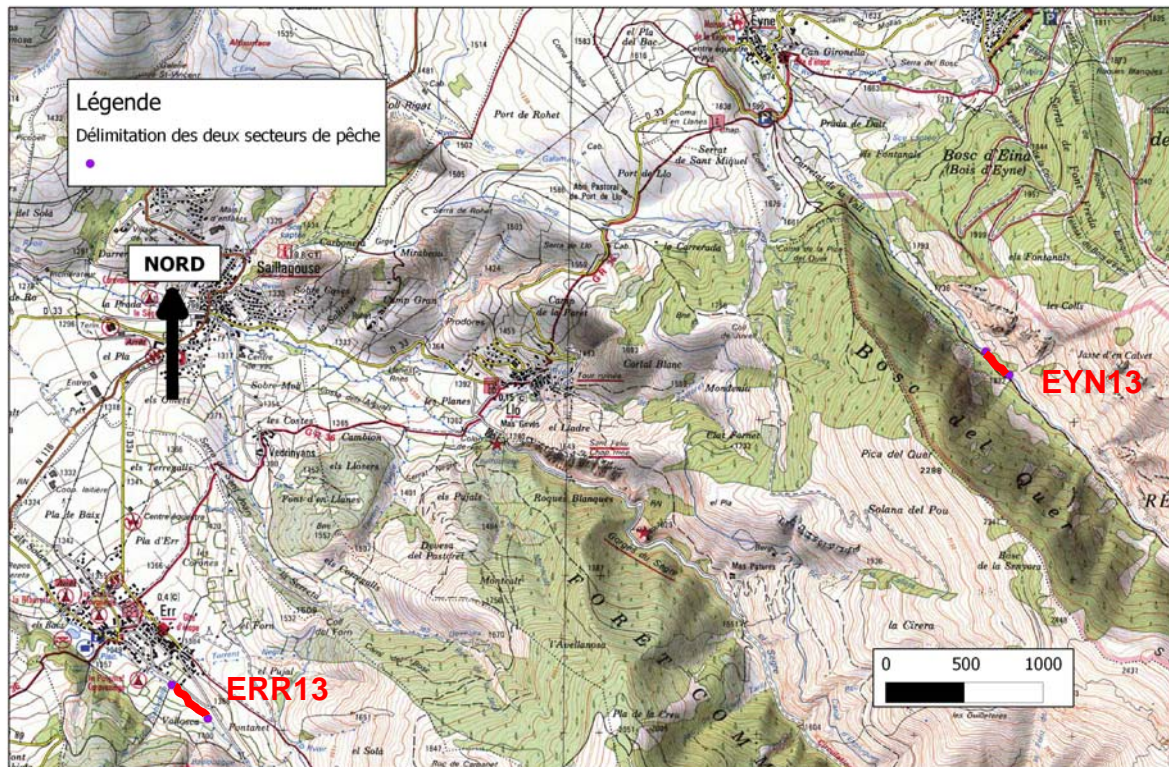
N° étiquette	N° d'ordre	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
2013-EYN2-30	Err-13	0,97	0,01	0,01	0,01	0,01
2013-EYN2-31	Err-14	0,89	0,01	0,08	0,01	0,01
2013-EYN2-32	Err-15	0,29	0,01	0,68	0,01	0,01
Eyne 2010 - 01	EYNm-01	0,01	0,00	0,01	0,01	0,97
Eyne 2010 - 02	EYNm-02	0,19	0,03	0,21	0,54	0,02
Eyne 2010 - 03	EYNm-03	0,01	0,00	0,03	0,01	0,95
Eyne 2010 - 04	EYNm-04	0,08	0,01	0,10	0,79	0,02
Eyne 2010 - 05	EYNm-05	0,08	0,19	0,08	0,02	0,63
Eyne 2010 - 06	EYNm-06	0,02	0,01	0,01	0,01	0,96
Eyne 2010 - 07	EYNm-07	0,01	0,05	0,01	0,01	0,92
Eyne 2010 - 08	EYNm-08	0,02	0,01	0,05	0,01	0,91
Eyne 2010 - 09	EYNm-09	0,02	0,01	0,01	0,01	0,96
Eyne 2010 - 10	EYNm-10	0,04	0,01	0,01	0,03	0,92
Eyne 2010 - 11	EYNm-11	0,10	0,01	0,10	0,45	0,33
Eyne 2010 - 12	EYNm-12	0,01	0,15	0,04	0,01	0,79
Eyne 2010 - 13	EYNm-13	0,08	0,68	0,09	0,01	0,14
Eyne 2010 - 14	EYNm-14	0,04	0,00	0,02	0,92	0,01
Eyne 2010 - 15	EYNm-15	0,06	0,05	0,02	0,01	0,87
Eyne 2010 - 16	EYNm-16	0,15	0,68	0,10	0,01	0,06
Eyne 2010 - 18	EYNm-17	0,11	0,01	0,14	0,72	0,02
Eyne 2010 - 19	EYNm-18	0,01	0,01	0,02	0,95	0,01
Eyne 2010 - 20	EYNm-19	0,01	0,01	0,01	0,96	0,01
Eyne 2010 - 21	EYNm-20	0,01	0,00	0,02	0,92	0,05
Eyne 2010 - 22	EYNm-21	0,00	0,00	0,01	0,01	0,98
Eyne 2010 - 23	EYNm-22	0,01	0,00	0,01	0,01	0,97
Eyne 2010 - 24	EYNm-23	0,01	0,04	0,53	0,01	0,41
Eyne 2010 - 25	EYNm-24	0,02	0,01	0,01	0,95	0,02
Eyne 2010 - 26	EYNm-25	0,04	0,01	0,06	0,86	0,02
Eyne 2010 - 27	EYNm-26	0,17	0,02	0,13	0,62	0,06
Eyne 2010 - 28	EYNm-27	0,14	0,01	0,18	0,43	0,24
Eyne 2010 - 29	EYNm-28	0,03	0,01	0,19	0,56	0,21
Eyne 2010 - 30	EYNm-29	0,01	0,03	0,01	0,01	0,95
Eyne 2010 - 31	EYNm-30	0,01	0,00	0,01	0,05	0,94
Eyne 2010 - 17	EYNv-01	0,44	0,31	0,23	0,01	0,01
Eyne 2010 - 32	EYNv-02	0,29	0,01	0,69	0,01	0,01
Eyne 2010 - 33	EYNv-03	0,32	0,01	0,64	0,03	0,01
Eyne 2010 - 34	EYNv-04	0,33	0,01	0,65	0,01	0,01
Eyne 2010 - 35	EYNv-05	0,33	0,01	0,65	0,01	0,01
Eyne 2010 - 36	EYNv-06	0,36	0,01	0,15	0,02	0,47
Eyne 2010 - 37	EYNv-07	0,44	0,30	0,25	0,01	0,01
Eyne 2010 - 38	EYNv-08	0,49	0,01	0,46	0,01	0,03
Eyne 2010 - 39	EYNv-09	0,33	0,01	0,65	0,01	0,01
Eyne 2010 - 40	EYNv-10	0,56	0,08	0,12	0,01	0,23
Eyne 2010 - 41	EYNv-11	0,11	0,01	0,84	0,03	0,01
Eyne 2010 - 42	EYNv-12	0,33	0,01	0,65	0,01	0,00
Eyne 2010 - 43	EYNv-13	0,45	0,00	0,51	0,01	0,03
Eyne 2010 - 44	EYNv-14	0,44	0,10	0,37	0,02	0,08
Eyne 2010 - 45	EYNv-15	0,69	0,01	0,29	0,01	0,01
Eyne 2010 - 46	EYNv-16	0,25	0,01	0,72	0,01	0,01
Eyne 2010 - 47	EYNv-17	0,04	0,01	0,04	0,01	0,91
Eyne 2010 - 48	EYNv-18	0,44	0,32	0,22	0,01	0,01

N° étiquette	N° d'ordre	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
Eyne 2010 - 49	EYNv-19	0,43	0,33	0,22	0,01	0,01
Eyne 2010 - 50	EYNv-20	0,38	0,00	0,17	0,01	0,44
Eyne 2010 - 51	EYNv-21	0,47	0,00	0,51	0,01	0,01
Eyne 2010 - 52	EYNv-22	0,44	0,31	0,24	0,01	0,01
Eyne 2010 - 53	EYNv-23	0,43	0,33	0,21	0,01	0,01
Eyne 2010 - 54	EYNv-24	0,45	0,30	0,24	0,01	0,00
Eyne 2010 - 55	EYNv-25	0,43	0,33	0,22	0,01	0,01
Eyne 2010 - 56	EYNv-26	0,33	0,01	0,65	0,01	0,01
Eyne 2010 - 57	EYNv-27	0,32	0,00	0,11	0,01	0,55
Eyne 2010 - 58	EYNv-28	0,43	0,33	0,22	0,01	0,01
Eyne 2010 - 59	EYNv-29	0,33	0,01	0,65	0,01	0,01
Eyne 2010 - 60	EYNv-30	0,33	0,01	0,65	0,01	0,00
référence Carança	CAR-01	0,00	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-02	0,00	0,98	0,01	0,00	0,00
	CAR-03	0,01	0,94	0,01	0,04	0,01
	CAR-04	0,01	0,98	0,01	0,00	0,00
	CAR-05	0,01	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-06	0,01	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-07	0,01	0,98	0,01	0,00	0,00
	CAR-08	0,01	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-09	0,00	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-10	0,01	0,98	0,01	0,00	0,00
	CAR-11	0,01	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-12	0,00	0,98	0,01	0,00	0,00
	CAR-13	0,00	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-14	0,01	0,98	0,00	0,00	0,00
	CAR-15	0,01	0,98	0,01	0,00	0,00
Référence Tech	TEC-01	0,07	0,02	0,57	0,22	0,12
	TEC-02	0,03	0,01	0,54	0,02	0,41
	TEC-03	0,02	0,01	0,94	0,02	0,02
	TEC-04	0,01	0,00	0,94	0,03	0,01
	TEC-05	0,03	0,00	0,96	0,00	0,01
	TEC-06	0,02	0,03	0,92	0,01	0,02
	TEC-07	0,09	0,04	0,84	0,02	0,02
	TEC-08	0,02	0,01	0,80	0,17	0,01
	TEC-09	0,13	0,01	0,83	0,02	0,02
	TEC-10	0,01	0,01	0,97	0,01	0,01
	TEC-11	0,01	0,00	0,97	0,01	0,01
	TEC-12	0,01	0,01	0,96	0,01	0,02
	TEC-13	0,55	0,00	0,41	0,01	0,02
	TEC-14	0,03	0,01	0,95	0,01	0,01
	TEC-15	0,01	0,01	0,97	0,01	0,00
ROQ-01	ROQ-01	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-02	0,01	0,01	0,01	0,98	0,00
	ROQ-03	0,01	0,00	0,01	0,97	0,01
	ROQ-04	0,00	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-05	0,04	0,01	0,05	0,87	0,03
	ROQ-06	0,01	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-07	0,00	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-08	0,01	0,01	0,01	0,93	0,04
	ROQ-09	0,03	0,00	0,05	0,86	0,06

N° étiquette	N° d'ordre	EYN	CAR	TEC	ROQ	P2
référence Roquebillière	ROQ-10	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-11	0,00	0,01	0,00	0,98	0,01
	ROQ-12	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-13	0,01	0,01	0,00	0,98	0,01
	ROQ-14	0,00	0,00	0,00	0,98	0,01
	ROQ-15	0,00	0,00	0,00	0,98	0,00
	ROQ-16	0,01	0,00	0,01	0,97	0,01
	ROQ-17	0,00	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-18	0,00	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-19	0,00	0,00	0,01	0,98	0,00
	ROQ-20	0,01	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-21	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-22	0,01	0,01	0,01	0,97	0,01
	ROQ-23	0,01	0,00	0,01	0,98	0,01
	ROQ-24	0,01	0,00	0,01	0,97	0,01
	ROQ-25	0,01	0,00	0,01	0,97	0,01
	ROQ-26	0,00	0,01	0,01	0,98	0,01
	ROQ-27	0,01	0,00	0,01	0,97	0,01
	ROQ-28	0,01	0,01	0,01	0,98	0,01
ROQ-29	0,01	0,01	0,01	0,98	0,00	
référence P2	P2-01	0,01	0,01	0,05	0,05	0,89
	P2-02	0,01	0,00	0,01	0,04	0,94
	P2-03	0,01	0,01	0,01	0,00	0,98
	P2-04	0,01	0,01	0,01	0,01	0,98
	P2-05	0,00	0,00	0,05	0,01	0,93
	P2-06	0,01	0,00	0,01	0,01	0,98
	P2-07	0,01	0,01	0,02	0,02	0,95
	P2-08	0,01	0,01	0,01	0,01	0,98
	P2-09	0,00	0,00	0,02	0,01	0,96
	P2-10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,98

Annexe 2

Localisation des secteurs de la pêche électrique de 2013



Et des secteurs pêchés en 2010

