

Programme GENESALM

*"Analyse des pratiques génétiques concernant le repeuplement
des espèces salmonicoles (truite fario et saumon atlantique) en France
Proposition de schémas pour leur maîtrise"*

Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises Programme Genesalm

tome 1

version du 15 décembre 2009



Truite ancestrale corse du Prunelli © Stéphane Muracciole Fédé Corse

Analyse statistique et rédaction: Patrick Berrebi*
Analyse bio-moléculaire: Corinne Cherbonnel**

* Institut des Sciences de l'Evolution, UMR5554 CNRS/UM2, 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, ccherbonnel@genindexe.com

Résumé

Le projet Genesalm s'intéresse à divers aspects de la gestion des salmonidés en France (truites, saumons, populations sauvages, populations domestiques, méthodes aquacoles...).

Le présent rapport ne concerne que la connaissance de la structure génétique des truites françaises.

Le tome 1 (présent rapport) concerne les 42 échantillons spécialement constitués pour le projet Genesalm 2006-2008 et les données nouvelles qu'ils apportent dans la cartographie des types génétiques de truite.

Le tome 2 (à paraître) va relier ces données nouvelles aux centaines d'analyses passées, analyses génétiques basées sur les mêmes méthodes: les microsatellites. Ce travail bien plus complexe et nécessitera du temps et probablement l'intervention d'un étudiant qui en fera le thèse de son diplôme.

Les résultats relatés ici peuvent être résumés ainsi:

- les truites mises en élevage dans nos piscicultures sont constituées d'une souche principale, dite INRA-SEMII, homogène à travers le pays, et de souches locales ayant généralement conservé la composition génétique des géniteurs d'origine:

- les truites sauvages sont aisément mises en évidence par comparaison différentielle avec celles de pisciculture, dites domestiques, grâce aux microsatellites. La connaissance approfondie des populations domestiques est indispensable à la description des populations sauvages;

- la subdivision géographique la plus importante en France est celle qui sépare les truites atlantiques des méditerranéennes (la lignée corse n'a pas été analysée ici, elle sera classée dans le tome 2);

- les truites atlantiques sauvages sont ici pour la première fois classées, mais ce classement est tributaire du choix arbitraire des fleuves choisis: ainsi parmi les truites analysées dans le bassin atlantique, des lignées spécifiques Garonne/Dordogne, Loire, Charente et Nord (Manche, Pas-de-Calais, Rhin) sont génétiquement distinctes, mais les Pyrénées, la Bretagne, la Seine, la Meuse et la Moselle... attendent d'être analysées;

- les truites méditerranéennes sont déjà assez bien connues, ce rapport confirme la très forte structuration et micro-structuration de ces formes très sédentaires;

- le tableau 4 de ce rapport résume l'ensemble des résultats.

Toute remarque sur ce rapport est la bienvenue. De nouvelles versions peuvent être éditées à partir de nouvelles propositions de modification ou complément d'information. Les personnes destinataires du présent rapport et surtout celles qui ont contribué à l'échantillonnage recevront également les versions ultérieures.

1. Introduction

Le programme Genesalm (2006-2008) a été élaboré conjointement par le Comité Interprofessionnel des Produits de l'Aquaculture (*CIPA*) dans le cadre de sa démarche de développement durable, et l'Union Nationale des Pêcheurs de France (*UNPF*) dans le cadre du Club de la Charte des Salmonidés de Repeuplement (*CCSR*).

Ce projet est financé par le *CIPA*, le Conseil Supérieur de la Pêche (*CSP*), l'Instrument Financier d'Orientation de la Pêche (*IFOP*), le Ministère de l'Ecologie et du Développement Durable (*MEDD*) dans le cadre de l'appel à projet du Bureau des Ressources Génétiques (*BRG*), et l'*UNPF*.

Il comprend deux parties:

- un audit des pratiques génétiques et sanitaires des piscicultures françaises, conduit par le SYndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français (*SYSAAF*) a pour but d'identifier des possibilités techniques d'amélioration de cette activité.

- le projet vise à compléter la cartographie des populations sauvages de truites et de saumons en France grâce à l'implication du *CNRS* et de l'*INRA* comme partenaires scientifiques pour aider les gestionnaires à définir des unités de gestion génétique de ces populations sauvages.

Ce projet a été l'objet de plusieurs productions scientifiques dont le présent rapport est un des derniers à sortir:

- en juin 2007, la stagiaire en Master de l'année éditait son rapport (Normand, 2007);
- en juin 2008, un premier rapport succinct sur la composition génétique des truites de pisciculture françaises a été produit (Berrebi 2008);
- en juillet 2008, les deux stagiaires en Master de l'année produisaient leur rapport scolaire (Arroyo 2008; Marchand 2008);
- le 4 septembre 2008, les conclusions de ces travaux et des propositions collectives ont été présentées publiquement (journée de restitution des résultats au FIAP Jean Monnet);
- en septembre 2008, un rapport de fin d'étude présentait la synthèse de tout ce qui était connu en France sur la génétique de la truite, montrant d'importantes lacunes d'échantillonnage et d'analyses plutôt dans le centre atlantique du pays (Berrebi et al., 2008);
- en automne 2008 et printemps 2009, la mobilisation des fédérations de pêche ainsi que de l'ONEMA a permis de constituer l'échantillonnage nécessaire pour la présente analyse. Un choix a été fait sur des bases cartographiques et hydrographiques parmi les localités échantillonnées.
- en août 2009, les analyses génotypiques ont été livrées par Genindexe (La Rochelle), ce qui a permis de rédiger le présent rapport final. Ce rapport est évolutif : enrichi de nouvelles informations et analyses, il est susceptible d'être réédité.

Connaissances acquises

Le rapport de 2008 (Berrebi et al., 2008) a permis de faire une synthèse de ce qui était connu de la structure génétique des truites en France.

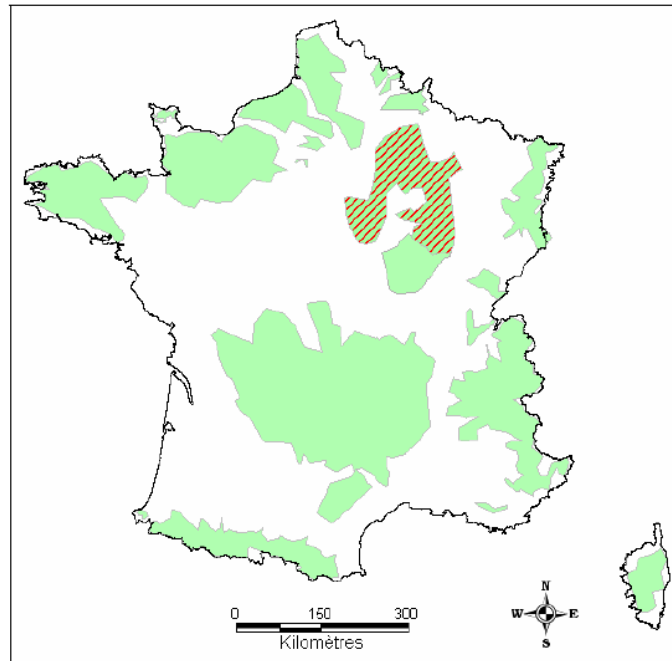


Figure 1 : surfaces classées en première catégorie et en contexte salmonicole (Agences de l'Eau et le Système d'Information sur l'Eau dans le cadre de la Directive Cadre sur l'Eau (2000)) et pouvant héberger des populations de truites naturelles (en vert). La surface hachurée actuellement dégradée et ne peut pas faire l'objet d'échantillonnages (Berrebi et al., 2008).

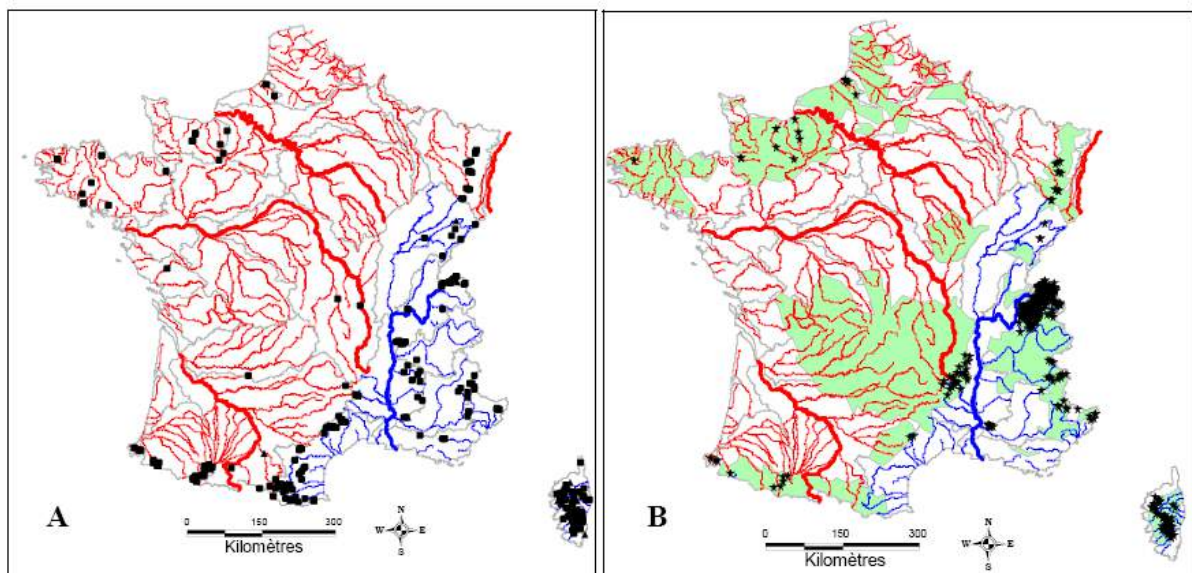


Figure 2 : localisation des stations ayant déjà fait l'objet d'analyses génétiques: avec des marqueurs allozymiques à gauche; avec des marqueurs microsatellites à droite (Berrebi et al., 2008). Il est possible, sous réserve de transformations statistiques, d'intégrer certaines stations de la carte de droite à la présente analyse.

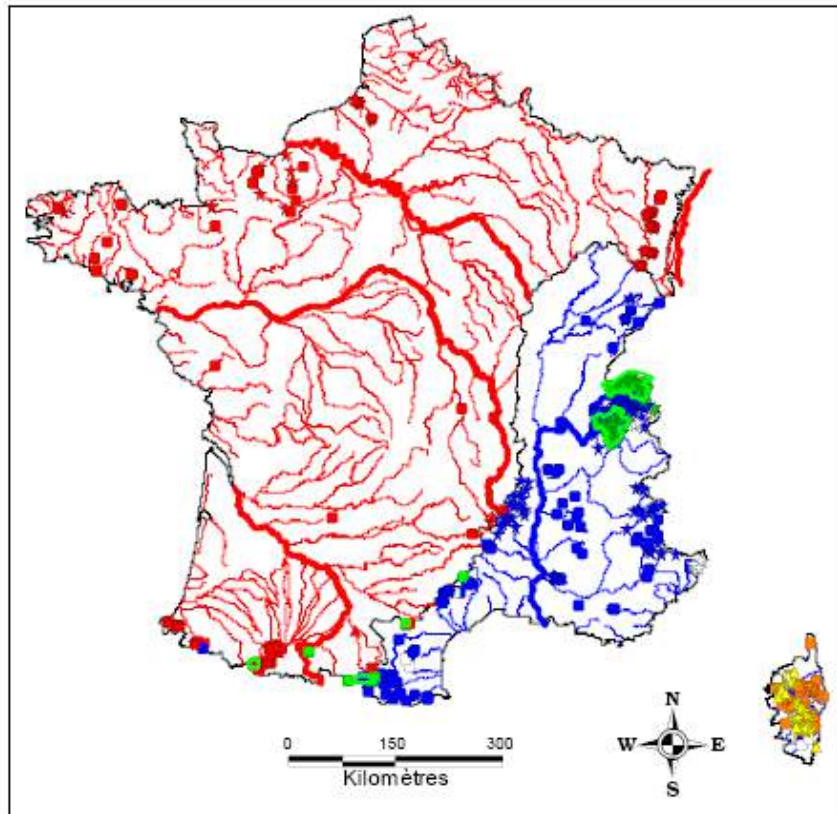


Figure 3 : en cumulant des connaissances accumulées sur près de 20 ans à partir des analyses allozymiques, microsattellites et dans une moindre mesure mitochondriales, quatre grandes lignées ayant des prolongements géographiques européens ont été localisées: ■ = atlantique ; ■ = méditerranéenne ; ■ = corse (haplotype adriatique). Des zones sont naturellement mélangées car à la frontière entre deux lignées: ■ = atlantique + méditerranéenne ; ■ = corse + méditerranéenne (Berrebi et al., 2008).

Les principales observations de cette synthèse sont :

- l'irrégularité de la répartition des stations analysées dans le passé (de grandes régions n'ont jamais été échantillonnées, certains départements sont très densément échantillonnés comme la Corse, l'Ardèche, la Haute-Savoie...)
- l'hétérogénéité des marqueurs employés et donc la difficulté de les utiliser dans une méta-analyse statistique.
- les cartes ci-dessous donnent les connaissances les plus avancées en terme de structuration génétique géographique:

Les analyses supplémentaires effectuées grâce au programme Genesalm tentent de corriger ces défauts sans les résoudre complètement. La principale difficulté attendue est la mise bout-à-bout des données anciennes et nouvelles, et surtout les données allozymiques anciennes et les données microsattellites.

Il n'a pas été possible de programmer de nouveaux échantillons dans les zones analysées par allozymes (exemple: les Pyrénées), pour ne privilégier que les zones totalement vierges d'analyses.

A l'évidence, une nouvelle et large campagne d'échantillonnage est nécessaire.

2. Protocole d'analyse

Le présent rapport concerne essentiellement l'analyse des truites françaises effectuée spécialement pour le projet Genesalm. Le chapitre 5 essaie de relier ces résultats aux données antérieures.

Il comprend l'analyse de sept piscicultures (Berrebi 2008). Cette analyse terminée en juin 2008, reportée ici dans le **chapitre 3**, a permis de participer à l'audit du SYSAAF, de connaître la diversité des truites captives et ainsi de comprendre leur impact sur les populations sauvages.

Il comprend aussi une première analyse génétique de 35 échantillons naturels et de 9 piscicultures de toute sorte, données nouvelles pour la science (**chapitre 4**).

Enfin, le **chapitre 5** décrit les subdivisions génétiques subtiles mises en évidence entre affluents d'un même bassin.

Le point commun à toutes ces analyses est le protocole appliqué par l'Institut des Sciences de l'Evolution, laboratoire mixte CNRS / Université Montpellier 2 (UMR5554) sur les nouvelles (dont le génotypage a été assuré par Genindexe à La Rochelle).

Ce protocole comprend:

- un échantillonnage représentatif des stations naturelles ou des souches de pisciculture, généralement effectué par les gestionnaires locaux grâce à un kit de prélèvement qui leur est fourni. Une petite partie de la nageoire caudale inférieure est collectée truite par truite dans des tubes d'alcool numérotés et expédiés à Genindexe (pour la présente étude)

- un génotypage au niveau de 16 ou 17 locus microsatellites (détails techniques dans chaque chapitre) utilisant la technique des multiplexes. Des ADN de référence sont insérés dans les analyses pour (i) une lecture homogène des génotypes tout au long de l'étude et (ii) pour faire correspondre les données archivées de l'ISEM avec les nouvelles données créées par Genindexe.

- une analyse statistique des données génotypiques basée essentiellement sur des assignations bayésiennes non supervisées des truites à des sous-unités homogènes (logiciel STRUCTURE), des analyses multidimensionnelles (ici des Analyses Factorielles des Correspondances ou AFC, utilisation du logiciel GENETIX), des constructions d'arbres phénétiques basés sur les fréquences alléliques (méthodes "Neighbor-Joining" ou "maximum de vraisemblance", utilisation du logiciel PHYLIP) et enfin tests de polymorphisme, d'équilibre populationnel ou de différenciation (logiciel GENETIX).

- une interprétation des résultats avec participation des gestionnaires locaux pour les cas nécessitant des informations historiques de terrain. Cette interprétation est nécessaire pour l'établissement de cartes génétiques, "produit fini" du présent rapport. Ces cartes sont la base de propositions de gestion. Elles servent aussi à mettre en évidence les lacunes géographiques des analyses.

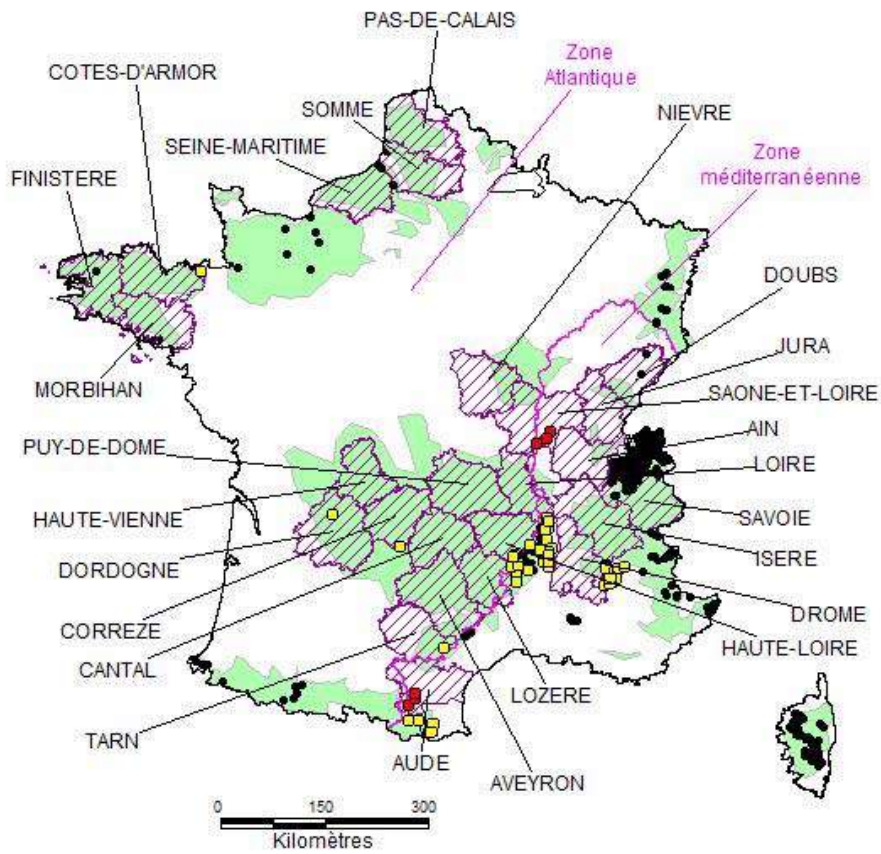


Figure 4 : campagne d'échantillonnage décidée à la suite du bilan. Tous les départements choisis n'ont pas pu être échantillonnés (voir tableau 2).

3. Analyse de sept piscicultures françaises

(extrait du rapport Berrebi 2008)

Les échantillons nous ont été fournis par les pisciculteurs. Ils ont été analysés au niveau de 17 marqueurs microsatellites.

Les résultats obtenus sont intéressants et utiles:

- la plupart des piscicultures élèvent la même souche commerciale, la plus répandue en France, et nommée INRA-SEMII.

- plusieurs piscicultures ont fourni des "souches locales" à analyser et les résultats sont en conformité avec l'origine des géniteurs: quand une souche locale a été domestiquée, sa composition génétique ne diffère pas de la population d'origine.

Ce dernier résultat était attendu: les microsatellites utilisés sont des marqueurs neutres, ils ne peuvent pas décrire les modifications liées à la domestication, ils détectent seulement des erreurs éventuelles de manipulation (mélange avec une souche domestique par exemple).



Figure 5 : morphologie typique d'une truite domestique vivant en rivière (ici dans la Bayonne, affluent de l'Ouvèze rive droite, département de l'Ardèche) © Fédération 07.

4. Analyse des 42 stations françaises: principaux types

4.1. Matériel et méthodes

n°	département	station	ss-bassin	bassin	fournisseur	nbre
1	01 (Ain)	ALBouine	Ain	Rhône	?	10
2		VALserine	Ain	Rhône	?	10
3	12 (Aveyron)	FOUzette	Sorgue/Tarn	Garonne	Fédé12	30
4		Maresque DM	Aveyron	Garonne	Fédé12	30
5	15 (Cantal)	EPIe	Truyère/Lot	Garonne	Fédé15	30
6		MAronnE	-	Dordogne	Fédé15	26
7	16 (Charente)	SON	-	Charente	ONEMA	28
8		TOUvre	-	Charente	ONEMA	30
9	26 (Drôme)	DROMe amont	-	Rhône	Fédé26	30
10		OUVèze	-	Rhône	Fédé26	9
11		VEOre	-	Rhône	Fédé26	30
12	30 (Gard)	VIDourle	-	Garonne	Fédé30	5
13		LINguas	Dourbie/Tarn	Vidourle	Fédé30	18
14	39 (Jura)	MERlue	Valouse/Ain	Rhône	Fédé39	30
15		SAlne	Ain	Rhône	Fédé39	30
16	42 (Loire)	ANDrable		Loire	Fédé42	29
17		LIGNon	-	Loire	Fédé42	30
18		RIOtet	Deûme/Cance	Rhône	Fédé42	30
19	43 (Haute Loire)	CROnce	Allier	Loire	Fédé43	29
20		DESSges	Allier	Loire	Fédé43	30
21	48 (Lozère)	BETHuzon	Jonte/Tarn	Garonne	Fédé48	30
22		CHantelLouve	Chapeauroux/Allier	Loire	Fédé48	30
23	50 (Manche)	Grande VAllée	-	Orne	ONEMA	20
24	62 (Pas de Calais)	CREquoise	-	Canche	ONEMA	30
25		HEM	-	Hem	Fédé62	20
26		LOMbardièrè	?	?	Fédé62	10
27	68 (Haut-Rhin)	Rhin	?	?	?	34
28	71 (Saone et Loire)	BESSay	Grosne/Saône	Rhône	Fédé71	23
29		MOUge	Saône	Rhône	Fédé71	30
30	81 (Tarn)	OULas	Dadou/Tarn	Garonne	ONEMA	30
31	87 (Haute Vienne)	COMbade	Vienne/Creuse	Loire	Fédé87	20
32		MAUIne	Vienne/Creuse	Loire	Fédé87	30
33		VIENne	Vienne/Creuse	Loire	Fédé87	30
34	95 (Val-d'Oise)	AUBette		Seine	B. Breton	8
35	62 (Pas de Calais)	Pisciculture 1. P-1	-	-	-	29
36	76 (Seine Maritime)	Pisciculture 2. P-2	-	-	-	30
37	38 (Isère)	Pisciculture 3. P-3	-	-	-	30
38	01 (Ain)	Pisciculture 4. P-4	-	-	-	30
39	24 (Dordogne)	Pisc. DRONe	-	Dordogne	Fédé24	106
40	06 (Alpes Maritimes)	Pisc. ROquebillière	-	-	Fédé06	29
41	65 (Hautes-Pyrénées)	Pisc. souche Locale CAUterets	-	-	-	30
42	25 (Doubs)	Pisciculture 5. P-5	-	-	-	29

Tableau 2 : l'ensemble des échantillons traités dans l'analyse statistique principale de ce rapport est décrit dans ce tableau.

n°: numéro d'ordre des échantillons dans les analyses; **station**: en capitales le sigle employé dans les analyses, en vert le bassin méditerranéen, en jaune le bassin atlantique, en brun les échantillons de pisciculture (noms gardés anonymes); **nbr**: nombre de truites analysées

(inférieur au nombre de truites fournies car environ 12% des morceaux de nageoire n'ont pas pu être totalement analysés soit à cause de la dégradation des tissus, soit à cause de problèmes techniques).

Les 42 stations prises en compte sont majoritairement naturelles (34). Parmi ces dernières 11 sont situées en bassin méditerranéen et 23 en bassin atlantique.

Parmi les échantillons de pisciculture, quatre entretiennent la souche domestique classique (échantillons 35 à 37), deux constituent des souches locales (Roquebillière développe une souche originaire du Doux et Cauterets d'un affluent en amont de la pisciculture). La pisciculture 5 produit des hybrides entre la souche Roquebillière et la souche domestique majoritaire. Enfin la pisciculture PDRO entretient une nouvelle souche issue de géniteurs de la Dronne. Les 106 truites analysées comprennent des truites sauvages, des géniteurs captifs de la Dronne et des truites de première génération nées en captivité.

L'ensemble de ces échantillons ont été analysés de façon homogène au niveau de 16 marqueurs microsatellites.

Les données ont été analysées par assignation (logiciel STRUCTURE) puis type par type par analyses multidimensionnelles (logiciel GENETIX).

4.2. Résultats et interprétation

Les résultats sont composés des génotypes qu'il serait fastidieux de lister ici (plus de mille truites, 16 marqueurs) et des analyses tentant de les classer de façon logique.

L'analyse la plus fine est dite d'assignation: le logiciel (STRUCTURE) ne dispose pas des origines de chaque truite, c'est donc "en aveugle" qu'il classe. Si une couleur (= classement) est géographiquement logique, c'est que l'assignation est de qualité. C'est le cas de l'essentiel des résultats.

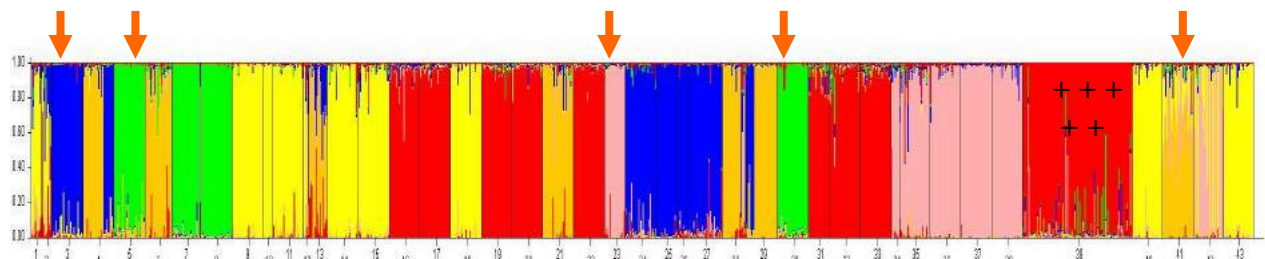


Figure 6 : Analyse d'assignation effectuée par le logiciel STRUCTURE: ici le logiciel a recherché les meilleures 7 sous-unités dans la masse de 1152 truites composant 42 échantillons (numéros en abscisse) et correspondant aux numéros du tableau 1. Les couleurs correspondent aux 7 lignées dont les noms, forcément synthétiques, correspondent aux principales localités où ils ont été reconnus:

jaune = **truites méditerranéennes**

rose = **truites de pisciculture** de la souche dite INRA

bleu = **type Pas-de-Calais** = bleu (type proche des truites de pisciculture, mais distinctes: voir figures 9, 10 et 15)

orange = **type Garonne**

rouge = **type Loire**

vert = **type Charente**

rouge avec +++ = **type Drone** (affluent de la Dordogne)

Les flèches oranges indiquent les échantillons "à problème": le sous-groupe auquel ils sont attribués change à chaque test. A part l'échantillon 41, ce ne sont pas des populations hybridées. Ils forment des peuplements homogènes mais de nature génétique intermédiaire

(probablement fondation ancienne complexe à partir de plusieurs lignées atlantiques). Le point final pour ces échantillons particuliers sera obtenu par les analyses complémentaires, ci-dessous (analyses multidimensionnelles et phylogénies).

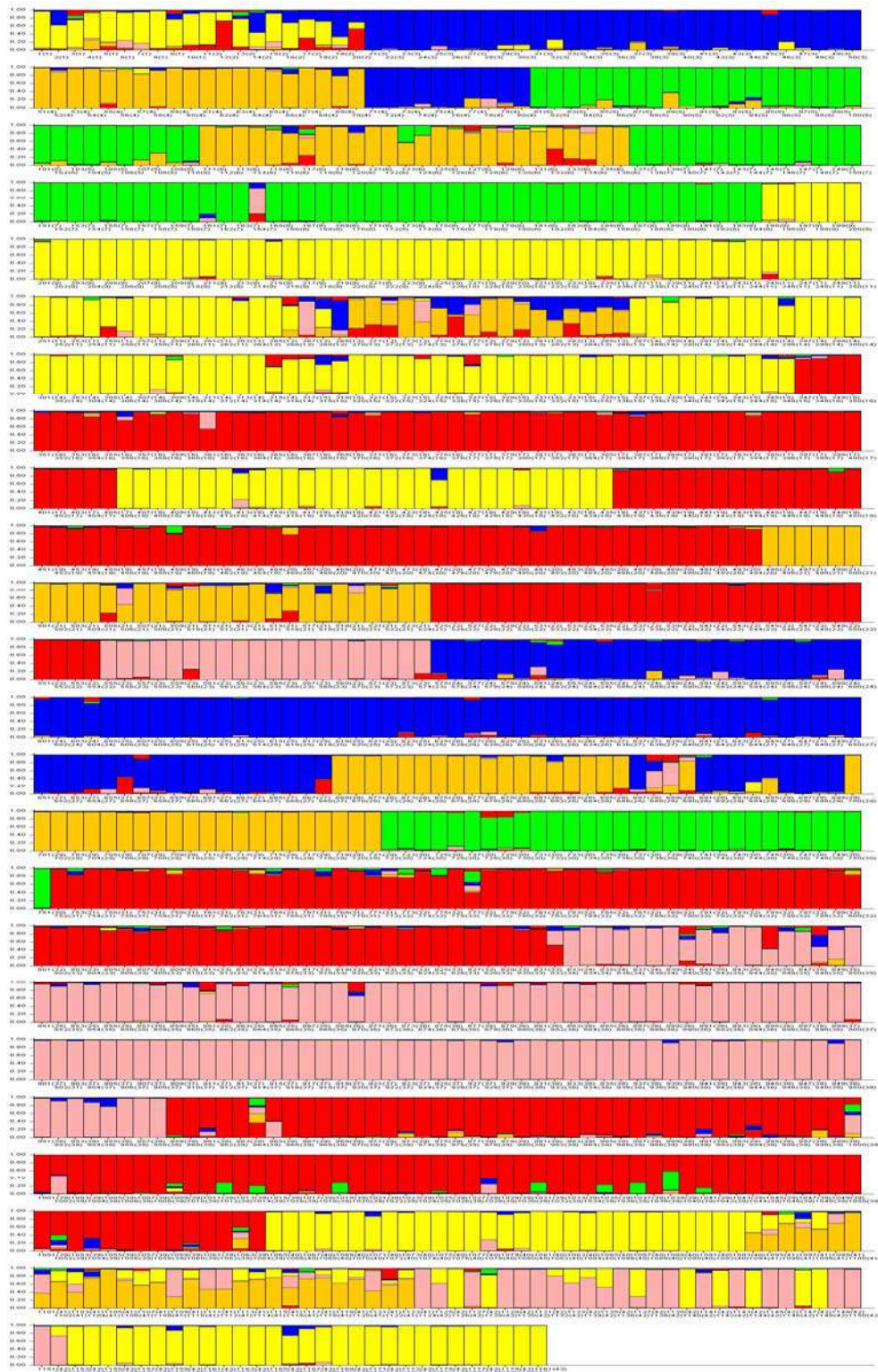


Figure 7 : Il s'agit de la même analyse, mais étalée sur plusieurs lignes afin de distinguer les individus. L'appartenance de chaque individu à un sous groupe est indiquée entre parenthèse sous chaque barre.

	Garonne	Loire	Charente	Dronne	Pas-de-Calais	P	M		Type génétique
1					0.074		0.744	10	M
2		0.191			0.248		0.480	10	M
3					0.928			30	P
4	0.628				0.316			30	G
5	0.062		0.905					30	G
6	0.837							26	G
7			0.930					28	C
8			0.980					30	C
9							0.970	30	M
10							0.982	9	M
11							0.933	30	M
12	0.084				0.076	0.171	0.600	5	M
13	0.559	0.138			0.209	0.072		18	G
14							0.937	30	M
15							0.920	30	M
16		0.929						29	L
17		0.960						30	L
18							0.953	30	M
19		0.958						29	L
20		0.963						30	L
21	0.886							30	G
22		0.972						30	L
23						0.944		20	P2
24					0.896			30	P2
25					0.969			20	P2
26					0.928			10	P2
27					0.909			34	P2
28	0.784				0.101			23	G
29	0.735				0.232			30	G
30			0.947					30	G
31		0.925						20	L
32		0.926						30	L
33		0.944						30	L
34		0.079				0.850		8	P
35				0.056		0.851		29	P
36						0.950		30	P
37						0.975		30	P
38						0.953		30	P
39				0.894				106	D
40							0.951	29	M
41	0.617					0.138	0.174	30	P
42						0.643	0.311	29	P

Tableau 3 : composition des 42 stations analysées. La dernière colonne donne la composition majoritaire de chaque échantillon: **M** = truites méditerranéennes, **L** = atlantiques de type Loire, **G** = de type Garonne/Dordogne, **C** = de type Charente, **D** = de type Dronne, **P2** = de types nordique (Pas-de-Calais et Rhin, grande proximité avec le type P), **P** = truite de pisciculture dominante en France (INRA-SEMII), **en rouge** = de type incertain par assignation (en gris, assignations instables), mais confirmés par AFC.

Les assignations présentées aux figures 6 et 7 sont le résultat de longs tâtonnements sur le nombre de sous-groupes (k) à tester et sur le nombre de répétitions lors de l'apprentissage du logiciel. Ces travaux non détaillés ici ont nécessité plusieurs semaines de calculs. La meilleure partition est en 7 types qui ont reçu un nom précisé dans la légende de la figure 6: et reportés dans la dernière colonne du tableau 3: **M** = truites méditerranéennes, **L** = atlantiques de type Loire, **G** = de type Garonne/Dordogne, **C** = de type Charente, **D** = de type Dronne, **P2** = de types nordique (Pas-de-Calais et Rhin, grande proximité avec le type P), **P** = truite de pisciculture dominante en France (INRA-SEMII).

On remarquera que pour la première fois, les truites atlantiques sauvages françaises sont subdivisées de façon provisoires (de nombreuses zones ne sont pas prises en compte dans cette étude) en truites de Garonne, de Dronne, de Charente, de Loire et du Pas-de-Calais. Ce dernier type peut paraître hétérogène, mais la distance moyenne entre les fleuves du Pas-de-Calais et l'embouchure du Rhin n'est que de 200km. La différenciation des échantillons de la Dronne (affluent de la Garonne), composés de truites sauvages et de géniteurs captifs de la même origine ainsi que de F1 nés en captivité, a de quoi surprendre, mais à chaque essai, ces échantillons se séparent des truites de la Garonne. Cela nous fait prédire que, outre les quatre grands types de truites atlantiques, des isolats différenciés doivent exister en de nombreux endroits, issus d'une histoire populationnelle complexe et ancienne.

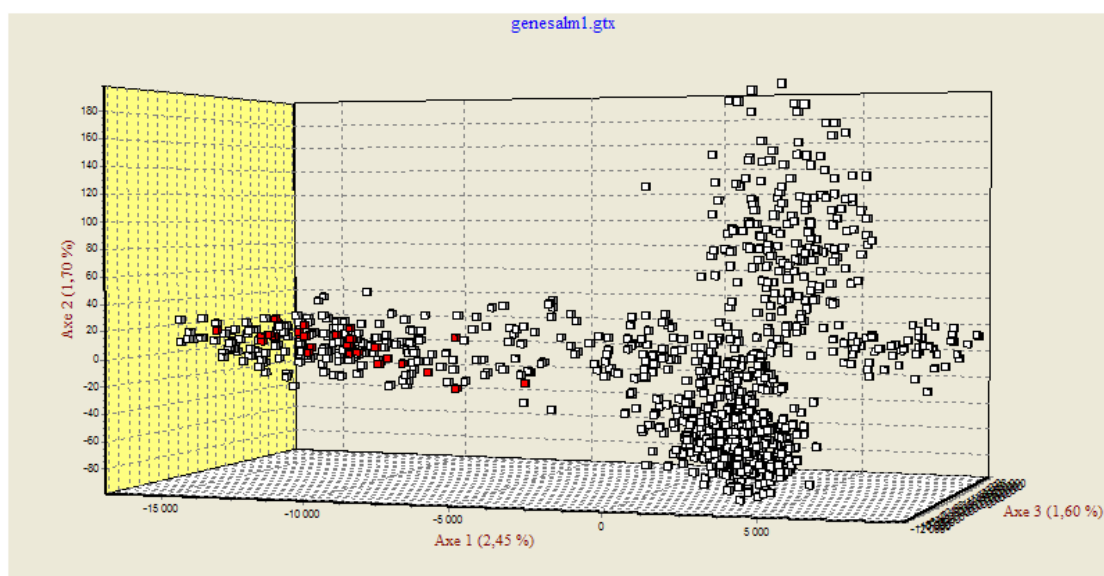


Figure 8 : Les mêmes truites analysées par AFC, montrent quatre groupes en trèfle, reliés au centre.

Les analyses d'assignations ont été confirmées par analyses multidimensionnelles (figure 8 et 9). Les AFC permettent de positionner les échantillons dont l'assignation est instable par STRUCTURE (assignations changeante à chaque répétition du test). Ces améliorations sont indiquées en rouge au tableau 3. Toutefois, la figure montre que les AFC ne permettent pas de séparer correctement les atlantiques-Loire des atlantiques-Pas-de-Calais.

Le cumul des méthodes donne un résultat définitif.

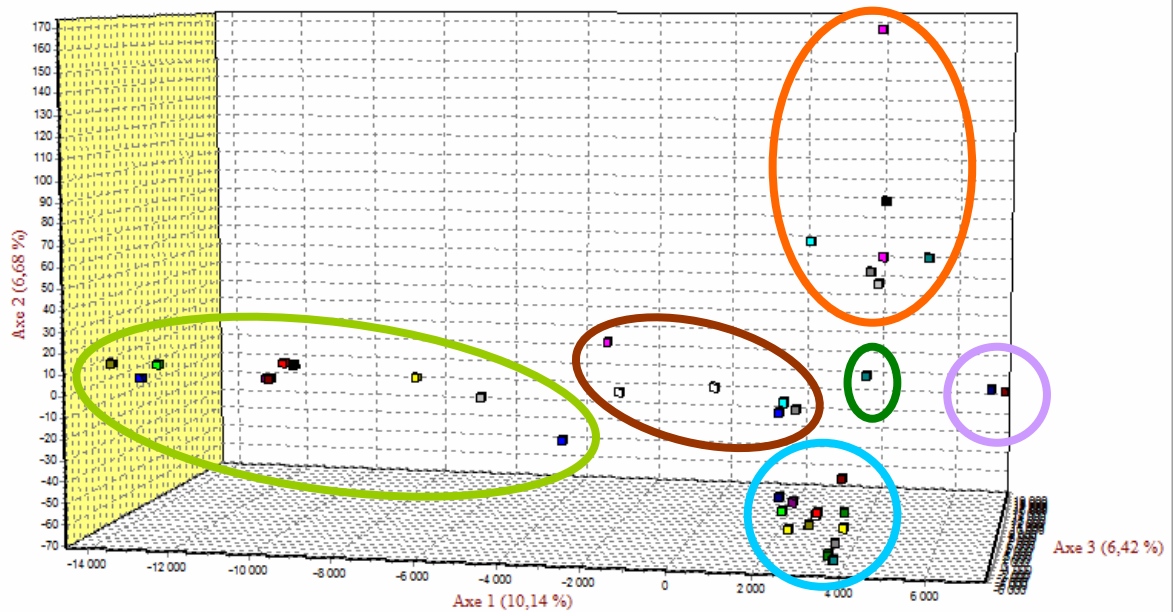
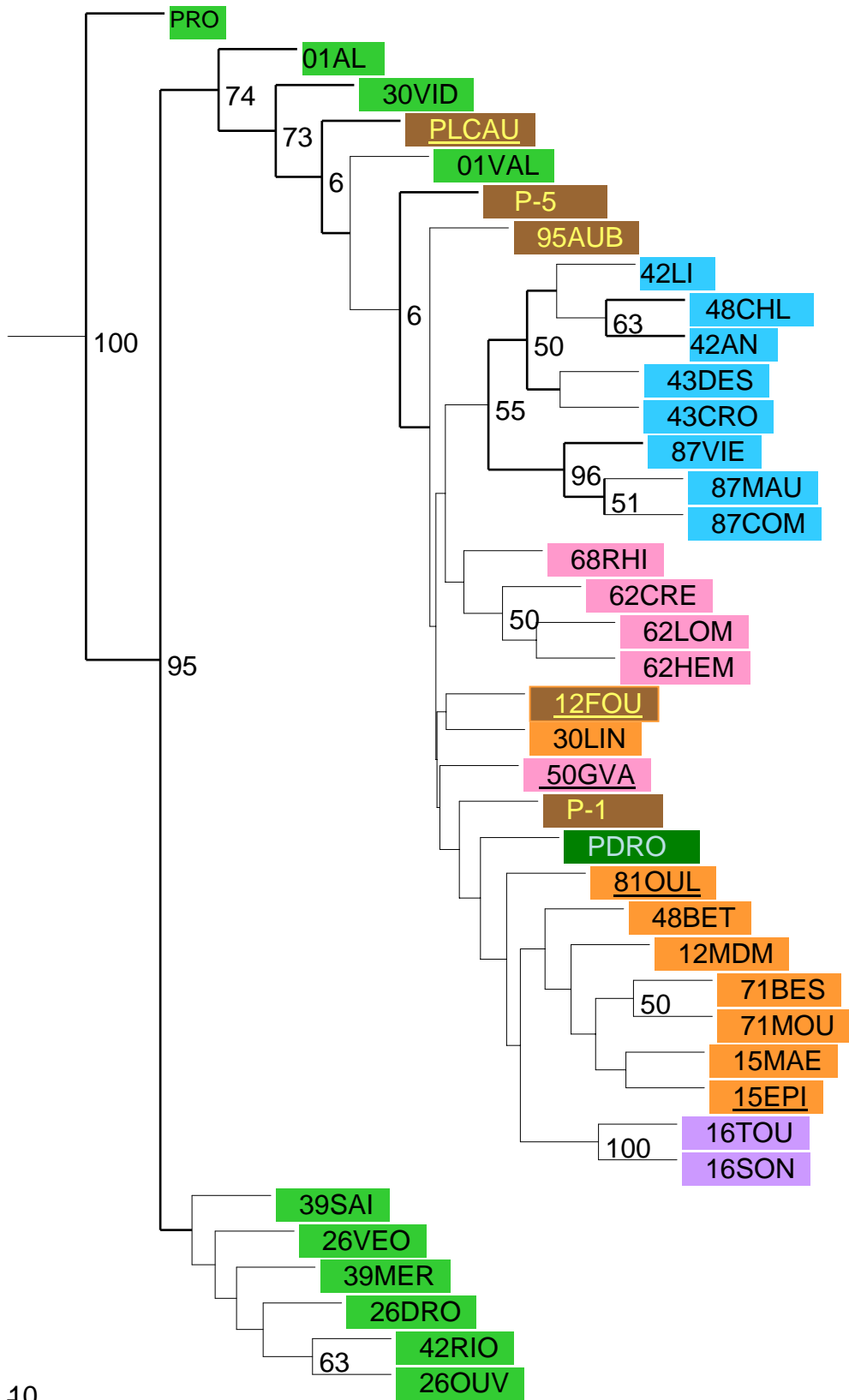


Figure 9 : Même analyse que la figure 8 mais seuls les centres de gravités des échantillons sont figurés. Cela permet d'une part de polariser le graphique (à gauche les truites méditerranéennes, à droite les truites de Charente (en mauve), en haut les truites de Garonne, en bas celles de Loire + Pas-de-Calais indifférenciées; au centre en brun les truites domestiques de type INRA-SEMII et en vert foncé celles de la Dronne) et d'autre part de déterminer les échantillons que STRUCTURE a eu du mal à classer (voir les flèches de la figure 6). Le tableau 3 tient compte des interprétations des analyses d'assignation et multidimensionnelles.

La méthode phénétique (construction d'arbre à partir de distances génétiques) n'apporte pas d'information décisive à cause de la faible fiabilité des branches obtenues (figure 10). Seules les branches obtenant une valeur de bootstrap (chiffres dans l'arbre) à partir de 70% sont fiable, et il y en a peu. Le fait de travailler à l'intérieur d'une espèce qui a eu un passé probable d'hybridation peut en être une explication.

La synthèse des résultats, cumulant les approches "assignation" (figure 7 et tableau 3) et "multidimensionnelle" (figure 9) aboutissent au diagnostic final figuré à la colonne 4 du tableau 4.

Le classement des échantillons dans un type donné (par exemple parmi les stations de Loire) est l'objet du chapitre 5 qui suit.



10

Figure 10 : Ceci est un arbre phénétique basé sur les distances génétiques, selon la méthode du Neighbor Joining (NJ). Les chiffres insérés dans les branches donne la solidité en % du nœud (ou pont) situé à sa gauche (50% est considéré comme significatif, au delà de 70%

est considéré comme hautement significatif). Les couleurs sont les assignations indiquées dans le tableau 3, dernière colonne: vert = méditerranéennes, brun = domestiques, orange = Garonne, vert foncé = Dronne, mauve = Charente, bleu = Loire, rose = Pas-de-Calais.

Comparée aux autres analyses, la phénétique redonne globalement les mêmes classements mais présente quelques discordances, généralement pour les échantillons hybrides (par exemple, l'échantillon de la pisciculture 5 (sigle P-5), est classé "pisciculture" par STRUCTURE, pisciculture proche des méditerranéennes par AFC et méditerranéenne par NJ, alors que cette pisciculture produit des hybrides entre méditerranéennes du et domestiques comme le montre la figure 5).

Enfin, cette méthode confirme le classement de quelques échantillons que STRUCTURE n'a pas pu classer (sigles soulignés): 81OUL et 15EPI, par contre les échantillons 12FOU et 50VGA ne sont pas confirmés.

5. Analyse type par type: structures fines

5.1. Les truites méditerranéennes

Une première AFC a permis de s'assurer du caractère distinct des truites méditerranéennes et de trier les individus de type pur (figure 11)

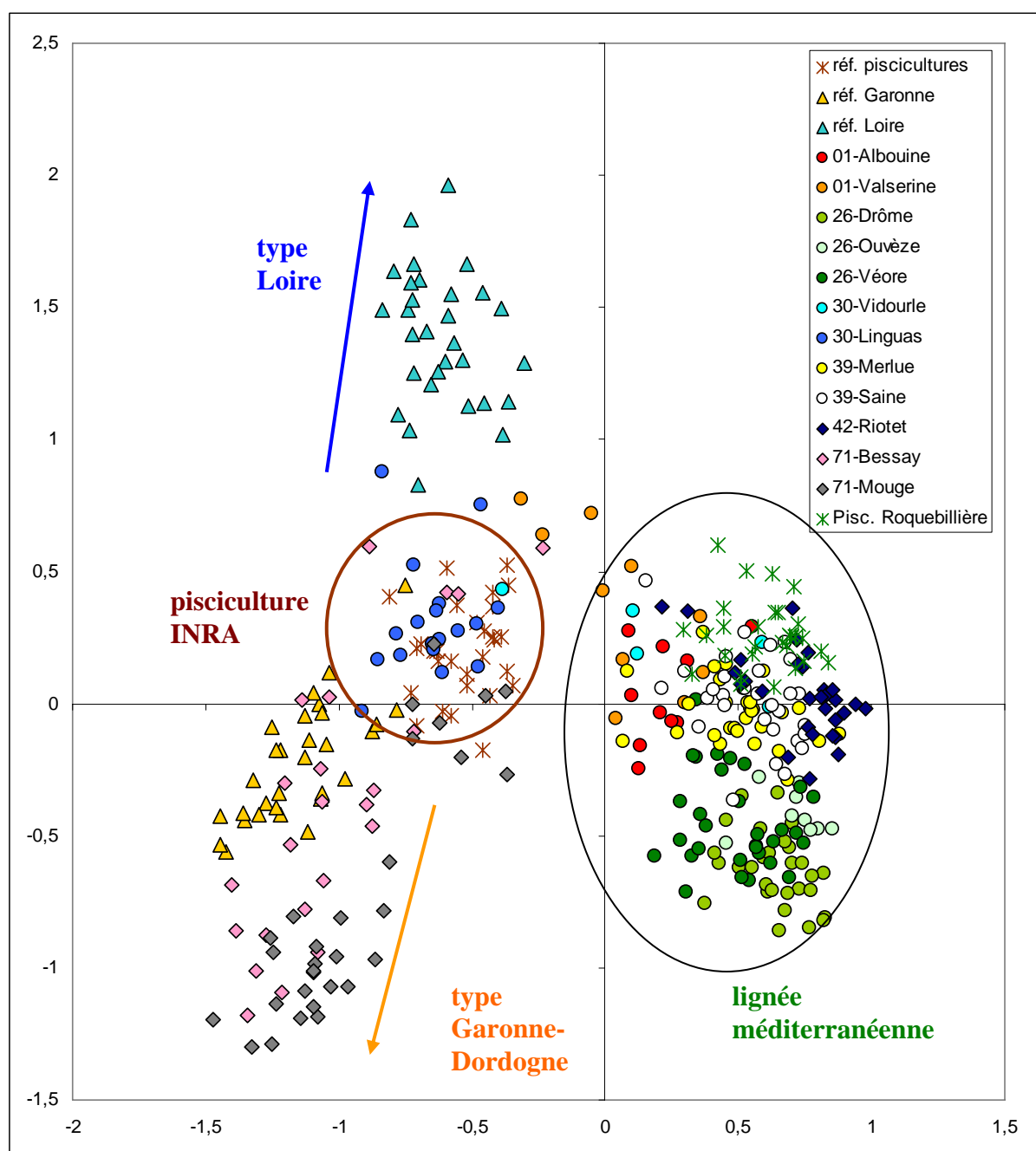


Figure 11: Cette analyse multidimensionnelle montre la cohésion génétique de toutes les stations du bassin méditerranéen (01ALB, 01VAL, 26DRO, 26OUV, 26VEO, 30VID, 39MER, 39SAI, 42RIO, 71BES, 71BOU) que l'analyse a placées dans les coordonnées positives de l'axe 1 horizontal ainsi que la pisciculture méditerranéenne de Roquebillière PRO. L'axe 2 vertical discrimine les quelques stations atlantiques représentées avec au centre une souche de pisciculture atlantique de type INRA (P-1). Cette analyse a permis de sélectionner les truites de type méditerranéen pour l'analyse suivante (figure 12).

Une seconde AFC montre la forte structuration génétique des truites du bassin du Rhône suivant une logique géographique respectée (figure 12).

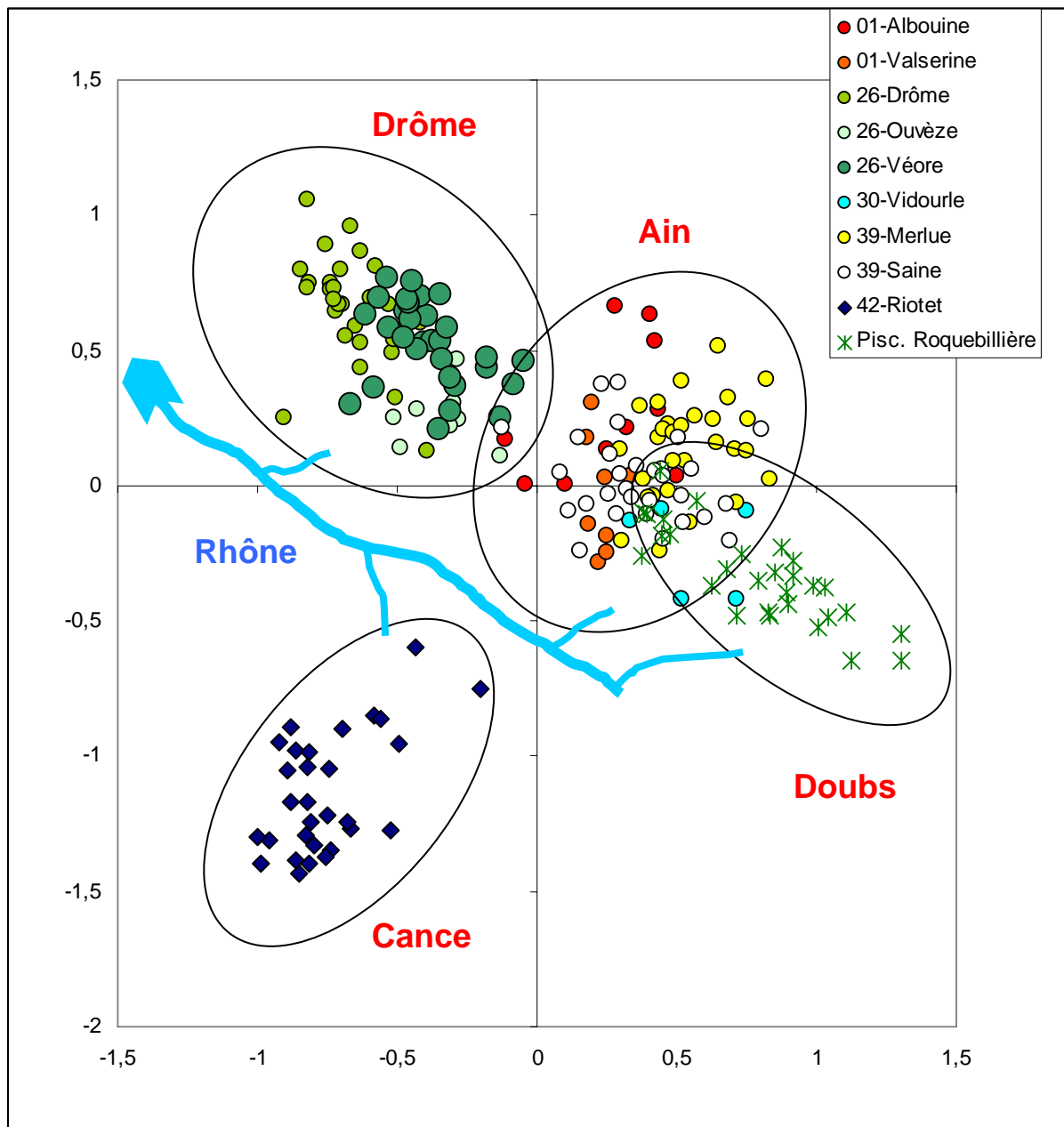


Figure 12: Analyse limitée aux 10 échantillons incluant des truites purement méditerranéennes, presque toutes du bassin du Rhône. Ces échantillons ne représentant qu'une partie de la diversité méditerranéenne forment quatre groupes. A l'origine des axes, le groupe le plus important réunit les échantillons des départements de l'Ain et du Jura et une partie des truites de Roquebillière (origine Doubs): c'est le "Haut Rhône". Les 5 truites du Vidourle (Gard) semblent intruses dans ce type, mais il est probable que leur faible nombre les défavorise. Les trois échantillons de la Drôme forment une entité génétique distincte et homogène alors qu'il s'agit du même bassin du Rhône. Enfin, les truites du Riotet, affluent de la Cance qui se jette en rive droite du Rhône en Ardèche, sont nettement distinctes. Ces informations ont été portées au tableau 4. Les enveloppes suivent quasiment l'organisation hydrographique du bassin (lignes bleues).

5.2. Les truites atlantiques

5.2.1. Les truites de Garonne-Dordogne

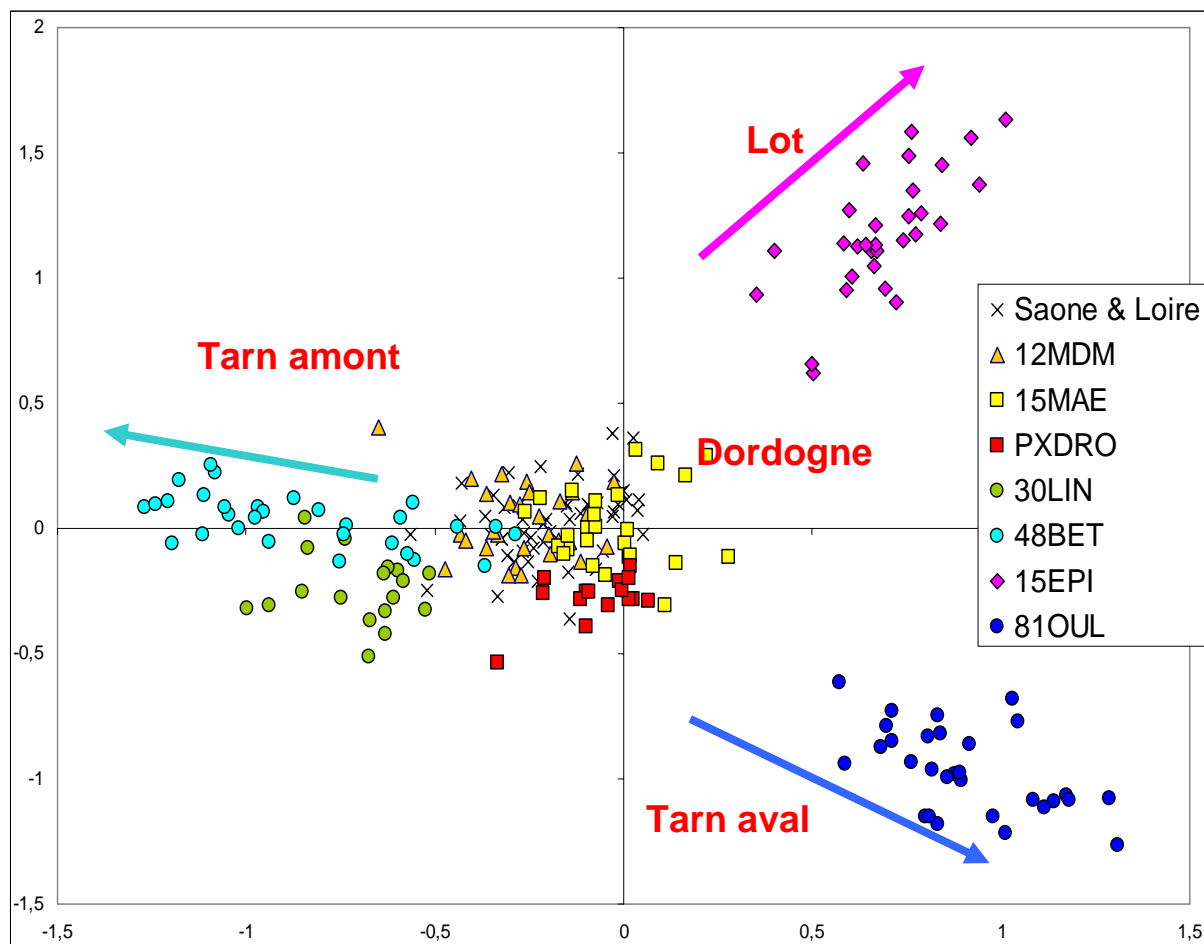


Figure 13: Cette représentation multidimensionnelle montre un groupe principal Garonne-Dordogne constituée par les rivières de la Dordogne (carrés) et de l'Aveyron (triangles). Les truites du Tarn se séparent en deux sous-groupes et le Lot se distingue de toutes les autres. Cette structure a été transposée dans le tableau 4. Tous ces types "affluents" ont été inclus dans le type "fleuve" Garonne par l'analyse d'assignation, montrant là la hiérarchie généalogique liée au passé migratoire et à l'évolution des populations de truites. Figurées par des croix, les truites de Saône et Loire (affluents du Rhône), appartenant mystérieusement au type Garonne, se situent au centre du graphique.

5.2.2. Les truites de la Loire

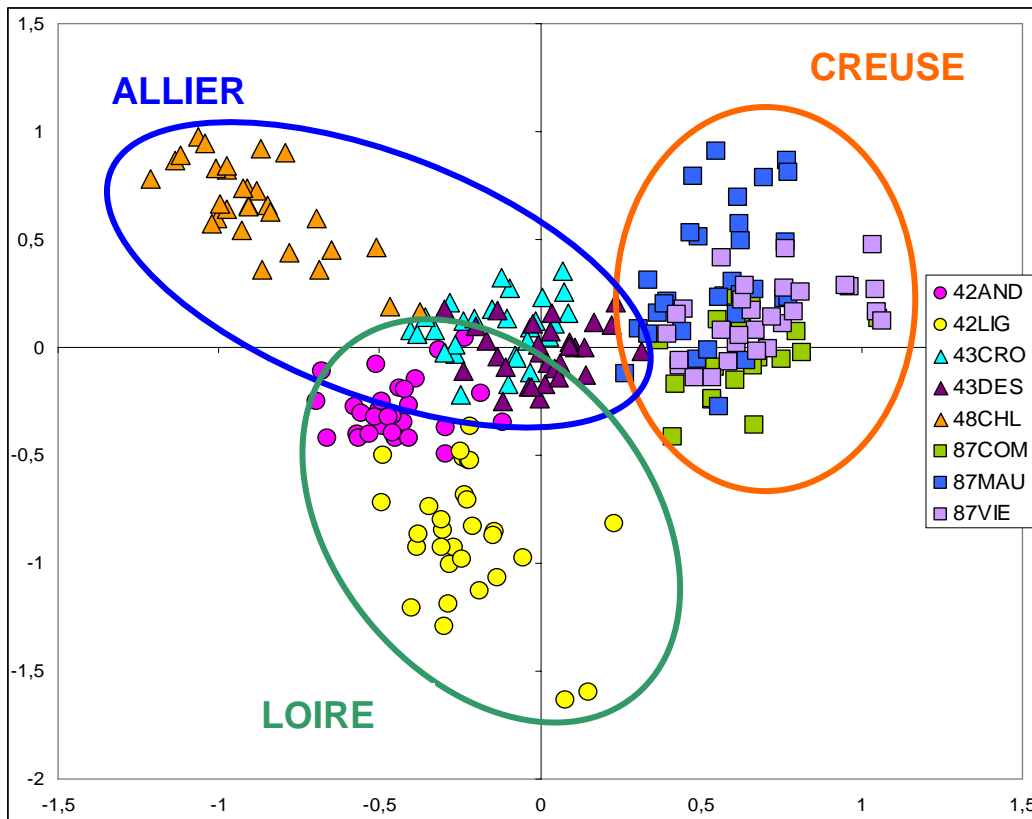


Figure 14 : Les truites de la Loire et de l'Allier (Massif Central) s'opposent génétiquement à celles de la Creuse, plus à l'ouest. Cependant de nettes distinctions apparaissent à l'intérieur des sous-bassins Loire ou Allier montrant que même chez les truites atlantiques migratrices, la différenciation génétique peut concerner les peuplements de petits affluents.

5.2.3. Les truites du Nord

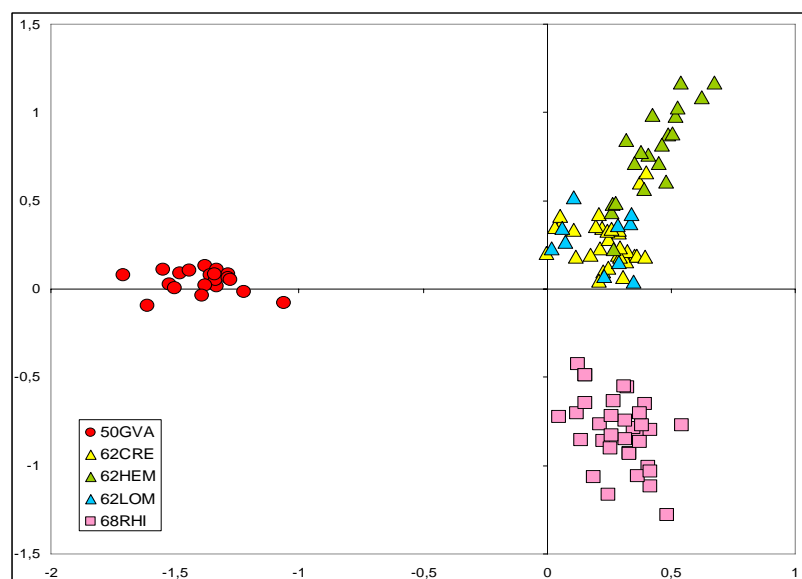


Figure 15 : Regroupement Pas-de-Calais en haut à droite, opposé au Rhin (carrés roses) et surtout à la Manche (ronds rouges). Cette structuration a été rapportée au tableau 4.

n° échantillon	sigle	lignée	type fleuve	type affluent 2	type affluent 1	fleuve	affluent 2
1	01ALB	M	R			Rhône	Ain
2	01VAL	M	R			Rhône	Ain
14	39MER	M	R			Rhône	Ain
15	39SAI	M	R			Rhône	Ain
12	30VID	M	R			Vidourle	Vidourle
40	PRO	M	R			Rhône	Doubs
9	26DRO	M	R			Rhône	Drôme
10	26OUV	M	R			Rhône	Ouvèze
11	26VEO	M	R			Rhône	Véore
18	42RIO	M	R			Rhône	Cance
7	16SON	A	C			Charente	Son-Sonette
8	16TOU	A	C			Charente	Touvre
5	15EPI	A	G			Garonne	Lot
13	30LIN	A	G			Garonne	Tarn
21	48BET	A	G			Garonne	Tarn
30	81OUL	A	G			Garonne	Tarn
4	12MDM	A	G			Garonne	Aveyron
6	15MAE	A	G			Garonne	Dordogne
39	PDRO	A	G			Garonne	Dordogne
28	71BES	A	G			Rhône	Saône
29	71MOU	A	G			Rhône	Saône
16	42AND	A	L			Loire	Ance
17	42LIG	A	L			Loire	Lignon
19	43CRO	A	L			Loire	Allier
20	43DES	A	L			Loire	Allier
22	48CHL	A	L			Loire	Allier
31	87COM	A	L			Loire	Vienne
32	87MAU	A	L			Loire	Vienne
33	87VIE	A	L			Loire	Vienne
23	50GVA	A	N			Orne	Grande Vallée
24	62CRE	A	N			Canche	Créquoise
26	62LOM	A	N			Lombardière	Lombardière
25	62HEM	A	N			Hem	Hem
27	68RHI	A	N			Rhin	Rhin
41	PLCAU	A	Ad			Adour	Gave de Pau
3	12FOU	A	P			Tarn	Garonne
34	95AUB	A	P			-	-
35	P-1	A	P			-	-
36	P-2	A	P			-	-
37	P-3	A	P			-	-
38	P-4	A	P			-	-
42	P-5	A	P			-	-

Tableau 4 : Ce tableau récapitule les résultats obtenus en terme de différenciation. Ainsi chaque station est placée dans sa lignée (M=méditerranéenne; A=atlantique), puis dans son fleuve type (R=Rhône, C=Charente; G=Garonne; L=Loire; N=côtier du nord + Rhin; Ad=Adour; P=piscicultures de type INRA-SEMII), puis est subdivisé en affluent 1 et 2 selon

les subdivisions mineures. Le nom des fleuves et des affluents 2 (confluent avec le fleuve) sont indiqués dans les deux dernières colonnes.

Ainsi, parmi les échantillons analysés, nous dénombrons 2 lignées, 6 types fleuves, 17 types affluents 2 et 21 types affluents 1.

Ces 9 échantillons sauvages méditerranéens et 24 échantillons sauvages atlantiques ne nous donnent qu'un aperçu de la diversité des truites françaises.

Il est cependant établi que la subdivision génétique la plus importante en France est celle qui sépare géographiquement les truites atlantiques des méditerranéennes (la lignée corse n'a pas été analysée ici, elle sera classée dans le tome 2).

Les truites atlantiques sauvages sont ici pour la première fois classées, mais ce classement est tributaire du choix arbitraire des fleuves choisis: ainsi parmi les truites analysées dans les bassins atlantiques, des lignées spécifiques Garonne/Dordogne, Loire, Charente et Nord (Manche, Pas-de-Calais, Rhin) sont génétiquement distinctes, mais les Pyrénées, la Bretagne, la Seine, la Meuse et la Moselle... attendent d'être analysées.

Les truites méditerranéennes sont déjà assez bien connues, ce rapport confirme la très forte structuration et micro-structuration de ces formes très sédentaires.

Ce rapport est évolutif. Il importait de délivrer les résultats le plus rapidement possible, mais il est probable que des versions améliorées seront éditées plus tard, en fonction des informations et des explications qui seront proposées après lecture des résultats.

D'autre part, cette structuration sera remaniée à la suite de l'addition des résultats obtenus par plusieurs laboratoires français avant la "période Genesalm".

6. Références bibliographiques

- Arroyo, J. 2008. Cartographie de la diversité génétique de la truite commune en France, Diplôme de 2ème année, Ecole Nationale d'Ingénieurs des Travaux Agricoles de Bordeaux, 47 pages.
- Berrebi, P. 2008. Analyse rapide des truites de 7 piscicultures - Bilan des analyses faites et à faire. rapport préliminaire projet GENESALM. 3 pages.
- Berrebi, P., A.-C. Normand, P. Marchand, and J. Arroyo. 2008. Projet Genesalm : Synthèse des connaissances françaises sur les caractéristiques génétiques de la truite commune (*Salmo trutta* L.): Rapport d'étude, Université Montpellier 2, 80 pages.
- Marchand, P. 2008. Projet GENESALM : Cartographie de la diversité génétique française chez la truite commune *Salmo trutta* L., Master 1, Université Jean Monnet, Saint-Etienne, 55 pages.
- Normand, A.C. 2007. Cartographie de la diversité génétique de la truite commune en France: Rapport de stage de M1, Université Montpellier 2, 34 pages.