

Cette note de synthèse reprend les principaux éléments du rapport d'étude « **Programme interdépartemental de recherche collaborative : Etude à l'échelle micro géographique de la diversité et de la structure génétique des populations de truite commune (2012-2016) – Volet 2 : Etude des populations de truites du versant atlantique (Caudron & al. 2016)** » et les discute (point 4).



PROGRAMME INTER-DEPARTEMENTAL (03, 38, 42, 43, 63, 69, 73) DE RECHERCHE COLLABORATIVE : ETUDE A L'ECHELLE MICROGEOGRAPHIQUE DE LA DIVERSITE ET LA STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS DE TRUITE COMMUNE (SALMO TRUTTA) (2012-2016)



VOLET 2
ETUDE DES POPULATIONS DE TRUITES DU VERSANT ATLANTIQUE
SUR LES DEPARTEMENTS DE L'ALLIER, DU PUY-DE-DOME, DE LA HAUTE-LOIRE
ET DE LA LOIRE

Arnaud Caudron, Association ARC Pêche et Biodiversité
Estelle Harrang, Post-doctorante (INRA Thonon-les-Bains)
René Guyomard, Laboratoire de génétique des poissons (INRA Jouy-en-Josas)
François Desmolles, FDAAPPMA du Puy-de-Dôme
Pierre Grès, FDAAPPMA de la Loire
Mickaël Lejèvre, FDAAPPMA de l'Allier
Stéphane Nicolas, FDAAPPMA de Haute-Loire

Etude financée pour la partie Haute-Loire avec le soutien de :



Octobre 2016

1. Echantillonnage et analyse des échantillons :

3000 individus ont été échantillonnés entre 2011 et 2014 par pêches électriques (2935 échantillons), prélèvements par les pêcheurs (47 échantillons sur l'Allier uniquement) et par le CNSS au niveau du tambour rotatif de Chanteuges (18 échantillons sur l'Allier).

L'échantillonnage porte au total sur 110 secteurs dont 48 sur le bassin versant de l'Allier et 62 sur le bassin versant de la Loire.

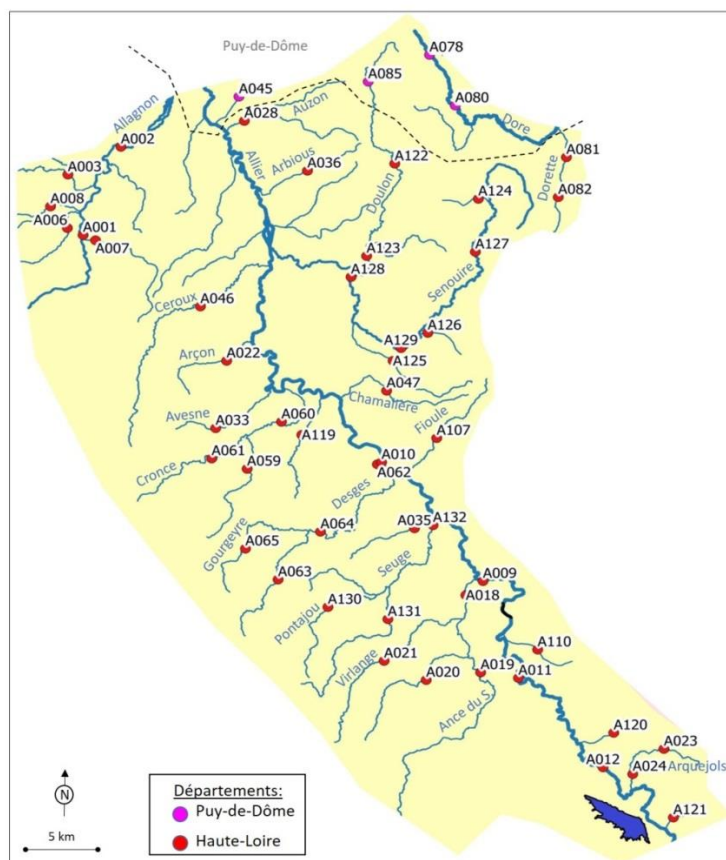
Après extraction de l'ADN, un génotypage de chaque individu a été réalisé à partir de 14 marqueurs microsatellites (répétition continue d'un ensemble de nucléotides sur une séquence d'ADN). 2952 individus génotypés avec succès sur au moins 6 marqueurs ont été conservés pour l'analyse. Aucun secteur n'a été écarté.

Après vérification des caractéristiques et de la qualité des échantillons, l'analyse a porté sur la diversité, la différenciation et la structure génétique des échantillons :

- La diversité génétique au sein de chaque échantillon a été étudiée à l'aide de 3 paramètres : le nombre moyen d'allèles par locus, la richesse allélique et l'hétérozygotie attendue. La taille efficace de la population a également été estimée ;
- La différence et la structuration génétique entre les échantillons a été étudiée par 3 approches : les indices de différenciations, la structure génétique et les distances génétiques.

2. Bassin versant de l'Allier :

Sur le bassin de l'Allier, l'analyse porte sur 1238 individus répartis sur 48 secteurs (carte 1 et tableau 1).



Carte 1 : Localisation et code station des 48 secteurs échantillonnés sur le bassin de l'Allier dans le département de la Haute-Loire.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
Allagnon	ALA1	Grenier Montgnon	A001	29	29	0	0,747	8,3	3,6	-0,0639	505 (155-∞)
Allagnon	ALA2	Pont Rouge	A002	23	23	0	0,767	8,6	3,7	-0,0336	44 (39-472)
Bave	BAV1	Bousselargues	A003	20	20	4 (20)	0,669	6,4	3,1	0,07736	38 (22-107)
Sianne	SIA1	Terret	A006	30	30	0	0,740	7,9	3,5	-0,0555	62 (40-124)
Violette	VIO1	Grenier-Montgnon	A007	26	23	6 (26)	0,709	5,8	3,3	-0,121	24 (13-68)
Voireuze	VOI1	Moulin du Buchet	A008	30	30	8 (27)	0,727	6,9	3,4	-0,0271	20 (16-26)
Allier	ALL3	Bge Poutès à aval Monistrol	A009	20	20	0	0,714	8,1	3,5	0,05024	420 (86-∞)
Allier	ALL4	Chanteuges ALL4	A010	18	17	0	0,736	7,5	3,6	0,01727	55 (29-278)
Allier	ALL2	Chapeauroux à Alleyras	A011	17	17	0	0,692	6,9	3,4	-0,0044	130 (118-∞)
Allier	ALL1	Naussac 2 à Chapeauroux	A012	10	10	0	0,733	5,9	3,5	-0,0105	-
Ance du Sud	ANS2	Pont de Pouzas	A018	30	28	4 (14)	0,501	4,2	2,5	-0,4413	19 (10-49)
Ance du Sud	ANS1	Verreyrolles	A019	30	29	0	0,543	6,6	2,7	-0,021	72 (35-798)
Panis	PAN1	Babonnés	A020	30	30	7 (12)	0,522	3,7	2,4	-0,2032	25 (15-55)
Virange	VIR1	La Brugère	A021	29	28	0	0,639	6,6	3,1	-0,12	73 (34-2052)
Arçon	ARC1	Le Pradal	A022	25	24	0	0,626	5,9	3,0	-0,0532	24 (16-42)
Arquejols	ARQ1	La Mouteyre	A023	30	30	12 (40)	0,606	5,7	2,9	-0,0118	16 (12-21)
Arquejols	ARQ2	La Pinède	A024	25	25	0	0,700	7,2	3,4	0,01235	87 (44-684)
Auzon	AUO1	Auzon	A028	30	30	0	0,715	8,5	3,4	0,01915	56 (36-110)
Avesne	AVE1	Le Bénéfice	A033	25	25	23 (92)	0,588	4,6	2,7	-0,1037	4 (3-6)
Besque	BEQ1	Moulin de Martin	A035	23	23	19 (83)	0,430	3,6	2,2	-0,0653	3 (2-6)
Bois d'Arbious	BOI1	Agnat	A036	30	30	6 (20)	0,566	5,0	2,7	-0,0182	16 (12-23)
Céroux	CER1	Moulin Poudrière	A046	30	30	9 (30)	0,621	5,6	2,9	-0,0125	12 (10-16)
Chamalières	CHA1	La Morge	A047	23	23	7 (30)	0,664	5,8	3,1	0,00965	19 (13-29)
Chalons	CHL1	Les Granges	A059	20	20	9 (45)	0,404	2,9	2,0	-0,0432	33 (12-∞)
Cronce	CRO2	Arlet	A060	30	30	2 (7)	0,628	6,1	3,0	-0,0332	43 (28-77)
Cronce	CRO1	Château de la Valette	A061	30	29	0	0,618	5,6	2,9	0,03832	67 (36-242)
Desges	DES3	Chanteuges DES3	A062	30	30	0	0,676	7,3	3,2	-0,056	588 (84-∞)
Desges	DES1	La Besseyres-Sainte-Marie	A063	30	30	2 (7)	0,598	4,5	2,8	-0,0636	22 (15-36)
Desges	DES2	Moulin de Gaud	A064	30	30	2 (7)	0,595	5,7	2,8	-0,0142	239 (61-∞)
Gourgueyre	GOU1	Le Pavillon	A065	30	30	8 (60)	0,275	2,4	1,7	0,01031	60 (17-∞)
Dorette	DOR2	Bois de Piers	A081	19	19	0	0,647	5,7	3,0	-0,0295	263 (50-∞)
Dorette	DOR1	La Nautelle	A082	11	11	0	0,623	4,3	2,9	-0,0574	-
Fioule	FIO1	Pont de la Croze	A107	30	30	0	0,728	8,3	3,5	0,0429	27 (14-22)
Malaval	MAL1	Château d'Agrain	A110	30	30	4 (14)	0,646	6,2	3,0	-0,0621	95 (45-1380)
Ramade / Peyrusse	PEY1	Croncette	A119	19	19	3 (16)	0,513	3,6	2,4	-0,1	13 (7-28)
Ribains	RIB1	Pont RD40	A120	30	30	8 (27)	0,612	6,5	2,9	0,04198	27 (19-41)
Ribeyre	RIE1	Moulin de Milliers	A121	19	17	0	0,678	4,8	3,1	-0,2662	15 (6-17)
Doulon	DOU1	Laval-sur-Doulon	A122	30	29	0	0,616	5,4	2,9	-0,007	686 (82-∞)
Doulon	DOU2	Vals-le-Chastel	A123	29	28	0	0,662	7,0	3,2	-0,0176	124 (51-∞)
Lamandie	LAM1	RD.201	A124	30	30	2 (7)	0,558	4,0	2,6	-0,079	226 (47-∞)
Lidenne	LID1	Azinières	A125	27	27	6 (22)	0,660	6,6	3,1	-0,1286	12 (9-17)
Ribeyrette	RIE1	Ostet	A126	27	27	2 (7)	0,611	5,7	2,9	0,03304	23 (16-36)
Senouire	SEN1	Clersanges	A127	30	30	(7)2	0,623	6,5	3,0	-0,0409	98 (42-∞)
Senouire	SEN3	Domeyrat	A128	23	23	0	0,675	7,3	3,3	-0,0347	167 (48-∞)
Senouire	SEN2	La Gravière	A129	30	30	0	0,679	7,4	3,3	-0,1018	7864 (115-∞)
Pontajou	PON1	Pont de la giberges	A130	30	30	2 (7)	0,567	5,1	2,7	0,02546	46 (27-117)
Seuge	SEU1	Longeval	A131	30	30	4 (14)	0,635	6,1	3,1	-0,07	27 (20-40)
Seuge	SEU2	Prades	A132	25	25	0	0,702	7,4	3,4	-0,1476	50 (28-153)

Tableau 1 : Synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

2.1. Diversité génétique des échantillons :

Le nombre moyen d'allèle par locus (A), varie de 2,4 sur la Gourgueyre à 8,6 sur l'Allagnon à Pont Rouge. La richesse allélique (Ar) varie de 1,7 également sur la Gourgueyre à 3,7 sur l'Allagnon à Pont Rouge. L'hétérozygotie attendue varie de 0,275 sur la Gourgueyre à 0,767 sur l'Allagnon à Pont Rouge (tableau 15).

Les diversités génétiques les moins élevées sont observées sur l'amont des affluents de l'Allier comme la Gourgueyre, le Chalons et le Panis où sur de petits affluents comme le Besque et la Ramade. De manière classique, la diversité génétique augmente sur les échantillons situés sur l'aval des affluents et sur l'Allier. Les 6 échantillons de l'Allagnon présentent des diversités parmi les plus élevées.

L'analyse montre que de nombreux poissons font partie d'une fratrie dans plusieurs échantillons. Ceci peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible. Les stations concernées sont entourées en rouge dans le tableau (individus faisant partie d'une même fratrie $\geq 20\%$).

La taille efficace (N_e) qui est une estimation du nombre de géniteurs à l'origine de l'échantillon suggère l'existence de plusieurs « très petites » populations, soit qu'elles sont issues d'un nombre restreint de géniteurs, soit que le recrutement ait été limité du fait d'un fonctionnement perturbé des frayères et/ou d'une survie limitée des alevins. Les stations concernées sont entourées en orange dans le tableau ($N_e \leq 20\%$).

La connaissance démographique valide la plupart des populations concernées dont les abondances peuvent être qualifiées de moyenne (Voireuze, Ance du Sud aval, Céroux, Bois d'Arbious, Ramade, Ribeyre, Lidenne) à faible (Avesne, Besque, Chamalières).

2.2. Différentiation et structure génétique entre les échantillons :

La différence génétique entre les échantillons (fréquences alléliques) fait notamment ressortir les points suivants :

- 4 échantillons se différencient fortement de tous les autres échantillons : l'Avesne (A033), la Besque (A035), le Chalons (A059) et la Gourgueyre (A065) ;
- Les 3 échantillons du bassin de l'Ance du Sud : Pont de Pouzas (A018), Verreyrolles (A019) et le ruisseau de Panis (A020) ne se différencient pas entre eux mais se différencient de tous les autres ;
- Les 8 échantillons du système Doulon/Senouire (A122 à A129) montrent une faible différenciation entre eux ;
- Les 6 échantillons du bassin de l'Allagnon (A001, A002, A003, A006, A007, A008) montrent également une faible différenciation entre eux ;
- Les 4 échantillons du cours principal de l'Allier (A009 à A0012) montrent globalement peu de différenciation avec la majorité des autres échantillons.

L'analyse de la structure génétique des échantillons met en évidence l'existence de groupes génétiques homogènes (clusters) à l'échelle des sous bassins versants mais différenciés entre les différents bassins versants (carte 2 et tableau 2).



Carte 2 : Localisation géographique des groupes génétiques homogènes (17 clusters identifiés)

Echantillon	Effectif	Clusters																
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
A020	30	80%	1%	0%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	0%	0%
A018	28	87%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A019	29	78%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	2%	2%	1%	2%	1%	1%	2%	2%	4%
A063	30	1%	86%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	1%	0%	1%	1%	1%	1%	1%
A064	30	1%	69%	1%	1%	3%	2%	1%	6%	2%	4%	2%	1%	0%	1%	4%	2%	1%
A062	30	2%	43%	5%	1%	3%	2%	6%	9%	1%	5%	6%	3%	1%	2%	4%	2%	4%
A008	30	2%	1%	83%	1%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	2%	2%
A003	20	2%	1%	77%	1%	1%	2%	1%	1%	2%	1%	2%	1%	2%	1%	2%	3%	3%
A001	29	1%	2%	73%	1%	2%	2%	1%	1%	1%	2%	2%	1%	1%	2%	2%	6%	6%
A002	23	1%	2%	70%	3%	1%	2%	1%	1%	1%	3%	2%	2%	1%	1%	1%	2%	7%
A006	30	1%	3%	69%	1%	1%	3%	1%	2%	3%	2%	4%	3%	1%	1%	2%	1%	2%
A007	23	1%	3%	54%	3%	2%	2%	1%	3%	3%	2%	8%	3%	1%	1%	2%	3%	10%
A047	23	0%	1%	1%	78%	1%	1%	5%	1%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	2%	1%	4%
A065	30	1%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%	0%	0%	1%	1%	1%	1%
A069	20	1%	1%	1%	0%	87%	3%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	0%
A124	30	1%	1%	0%	0%	1%	91%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	0%	1%	1%	1%	1%
A127	30	1%	4%	1%	2%	1%	70%	1%	1%	1%	3%	2%	1%	1%	1%	1%	4%	4%
A126	27	1%	3%	2%	1%	2%	68%	5%	1%	2%	2%	6%	1%	0%	2%	2%	3%	1%
A129	30	2%	3%	2%	2%	2%	54%	7%	3%	3%	7%	8%	1%	1%	1%	3%	1%	1%
A130	30	0%	1%	1%	1%	1%	91%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%	1%
A131	30	1%	1%	1%	1%	2%	1%	82%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	3%	2%
A110	30	1%	1%	1%	1%	3%	1%	2%	3%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A024	25	1%	6%	3%	1%	2%	2%	1%	8%	2%	2%	4%	2%	1%	8%	1%	8%	1%
A011	17	2%	7%	2%	1%	2%	4%	1%	8%	4%	4%	2%	3%	1%	2%	4%	10%	2%
A012	10	3%	2%	3%	6%	2%	2%	1%	8%	3%	4%	4%	1%	2%	2%	5%	5%	5%
A107	30	1%	4%	2%	5%	1%	1%	2%	8%	2%	3%	3%	2%	2%	1%	3%	1%	22%
A010	17	1%	3%	2%	6%	1%	4%	3%	8%	3%	8%	4%	3%	2%	1%	3%	2%	9%
A009	20	4%	9%	3%	2%	2%	4%	2%	8%	4%	7%	5%	2%	2%	3%	2%	10%	2%
A023	30	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	85%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A121	17	7%	8%	2%	2%	1%	2%	1%	15%	32%	6%	5%	2%	2%	3%	1%	5%	5%
A061	29	1%	4%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	83%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A060	30	1%	7%	1%	1%	4%	1%	1%	3%	2%	69%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	3%
A119	19	1%	5%	2%	1%	6%	1%	1%	8%	4%	58%	1%	2%	0%	1%	7%	1%	1%
A022	24	2%	9%	6%	5%	6%	8%	1%	4%	5%	27%	5%	6%	2%	1%	8%	1%	6%
A122	29	1%	1%	1%	2%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	85%	1%	0%	2%	1%	1%	1%
A123	28	2%	3%	2%	4%	3%	15%	2%	2%	2%	6%	53%	1%	1%	1%	3%	1%	2%
A036	30	1%	5%	3%	1%	21%	7%	1%	1%	1%	5%	62%	1%	1%	1%	7%	1%	2%
A120	30	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	1%	1%	1%	0%	84%	1%	1%	2%
A033	25	0%	0%	2%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	84%	0%	0%	10%
A035	23	1%	1%	0%	0%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	89%	1%	1%	1%
A046	30	1%	2%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	3%	4%	1%	0%	81%	1%	1%	1%
A082	11	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	0%	90%	1%
A081	19	1%	1%	1%	1%	2%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	84%	1%
A021	28	8%	1%	1%	2%	1%	2%	3%	3%	1%	2%	2%	2%	1%	1%	1%	1%	52%
A028	30	2%	1%	14%	3%	4%	3%	4%	6%	1%	9%	15%	3%	2%	2%	8%	3%	21%
A132	25	4%	10%	2%	3%	4%	2%	21%	23%	2%	6%	3%	3%	2%	1%	7%	4%	4%
A125	27	1%	2%	1%	19%	1%	23%	3%	1%	27%	2%	11%	1%	1%	1%	1%	1%	4%
A128	23	1%	2%	5%	2%	1%	27%	1%	3%	7%	4%	33%	3%	0%	1%	4%	4%	2%

Tableau 2 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux différents groupes génétiques homogènes identifiés (les couleurs correspondent à celles utilisées sur la carte ci-contre)

Sur les 17 clusters identifiés :

- Le cluster 1 regroupe les individus de l'Ance du Sud et de son affluent le Panis. A noter également que 27% des individus de l'autre affluent, la Virlange, sont également affiliés à ce cluster ;
- La majorité des individus de 3 échantillons du Desges se regroupent dans le cluster 2 ;
- Les échantillons de l'Allagnon forment à eux seuls le cluster 3 ;
- Chacun des 5 échantillons suivants forme un cluster: Chamalières (A047, cluster 4), Ribains (A120, cluster 12), Avesne (A033, cluster 13), Besque (A035, cluster 14) et Céroux (A046, cluster 15) ;
- 90% des individus de la Gourgueyre et 87% de ceux du Chalons se regroupent au sein du cluster 5 ;
- Le cluster 6 regroupe principalement 4 échantillons du bassin de la Senouire, le Lamandie (A124), la Senouire à Clersanges (A127), la Ribeyrette (A126) et la Senouire à la Gravière (A129), avec des taux d'assignation des individus allant de 91% à 54%. A noter que 23% des individus du Lidenne (A125) et 27% de la Senouire à Domeyrat (A128) sont assignés à ce cluster ;
- Les individus du Pontajou (A130) et de la Seuje à Longeval (A131) se regroupent dans le cluster 7 avec des taux d'assignation respectivement de 91 et 82%. A noter que 21% des échantillons de la Seuje à Prades sont également associés à ce cluster ;
- Le cluster 8 regroupe en majorité des individus échantillonnés sur les 4 secteurs du cours principal de l'Allier (A009 à A012) et sur la partie aval de certains affluents comme le Malaval (A110), l'Arquejols à la Pinède (A024) et la Fioule (A107). A noter également que 23% des individus de l'échantillon aval de la Seuje à Prades (A132) sont assignés à ce cluster ;
- L'échantillon de l'Arquejols amont à la Mouteyre (A023) forme le cluster 9 avec 85% des individus assignés. 32% des individus de la Ribeyre (A121) qui est située à proximité de l'Arquejols sont

également assignés à ce cluster. Plus surprenant, 27% des individus de l'échantillon du Lidenne situé sur le bassin de la Senouire (A125) sont assignés à ce cluster ;

- Le cluster 10 regroupe des individus des échantillons de la Cronce (A060 et A061), de la Ramade (A119) et de l'Arçon (A022) ;
- Le cluster 11 regroupe les échantillons de la Doulon avec 85% des individus échantillonnés à Laval/Doulon (A122), 53% des individus du Vals le Chastel (A123) avec l'échantillon du bois d'Arbiou (A036), 42% des individus assignés. A noter également, que 33% des individus de l'échantillon le plus aval de la Senouire à Domeyrat s'associent à ce cluster ;
- Les deux échantillons situés sur la Dorette (A081 et A082) forment un cluster bien identifié avec 90 et 84% des individus assignés ;
- Le cluster 17 regroupe 52% des individus de la Virlange.

Ces groupes génétiques homogènes sont plus ou moins éloignés génétiquement les uns des autres et plusieurs groupes génétiques cohérents ressortent de l'analyse des distances génétiques (figure 1 et carte 3) :

- La Cronce dont les deux échantillons géographiquement proches se groupent naturellement avec des valeurs de robustesse élevées ;
- La Desges dont les 3 échantillons forment une entité soutenue avec une robustesse de 94% ;
- Les deux échantillons du Doulon forment un groupe avec une robustesse de 92% ;
- La Senouire dont les 5 échantillons se groupent avec une robustesse de 70% ;
- Les échantillons de l'Ance du Sud forment un groupe distinct ;
- La Seuge dont les deux échantillons se regroupent naturellement avec une robustesse de 92% ;
- Les échantillons de l'Allagnon sauf la Violette se regroupent entre eux et forment un groupe bien distinct soutenu avec une robustesse de 86%.

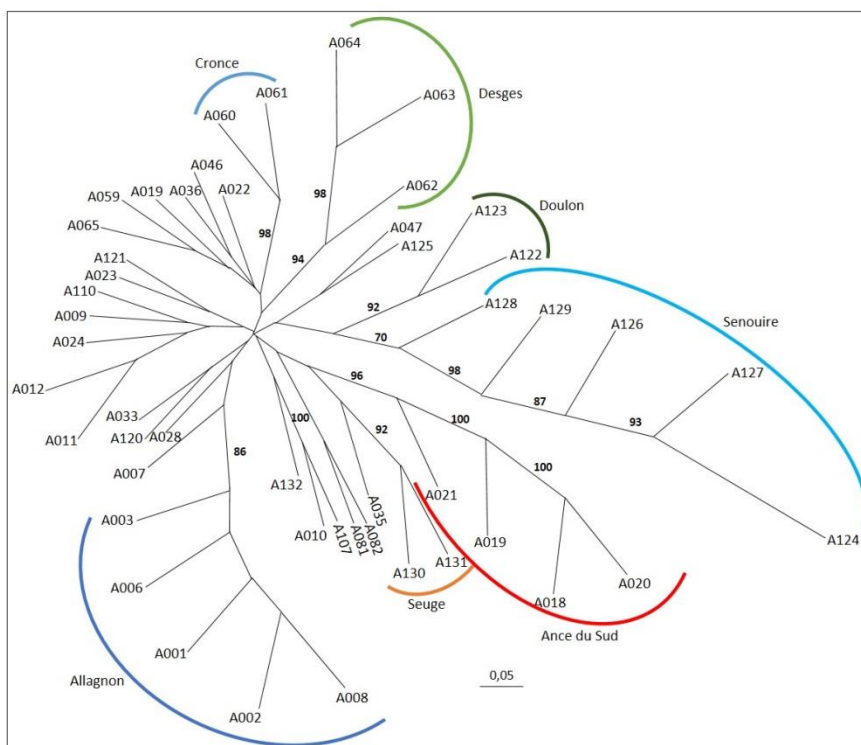
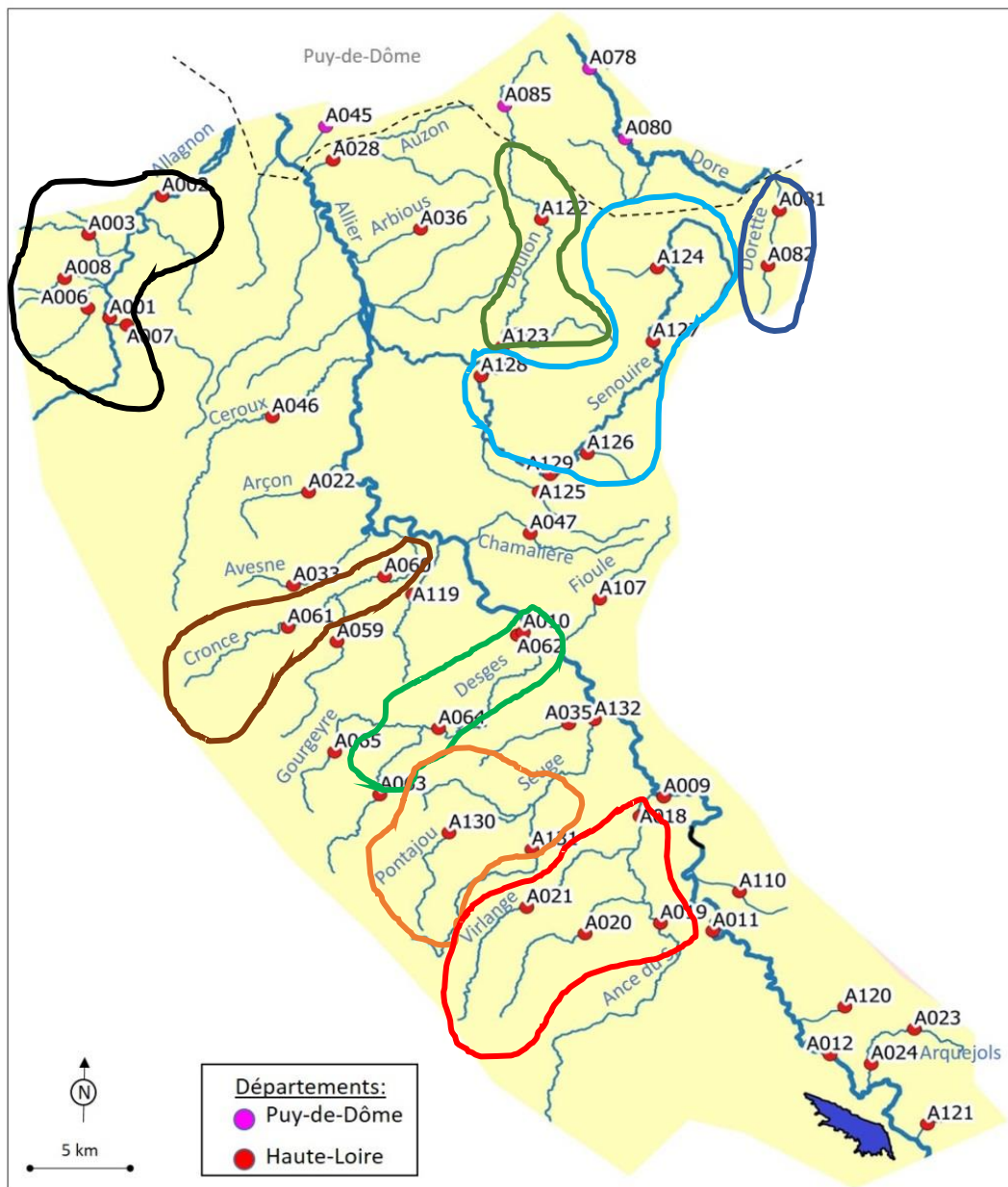


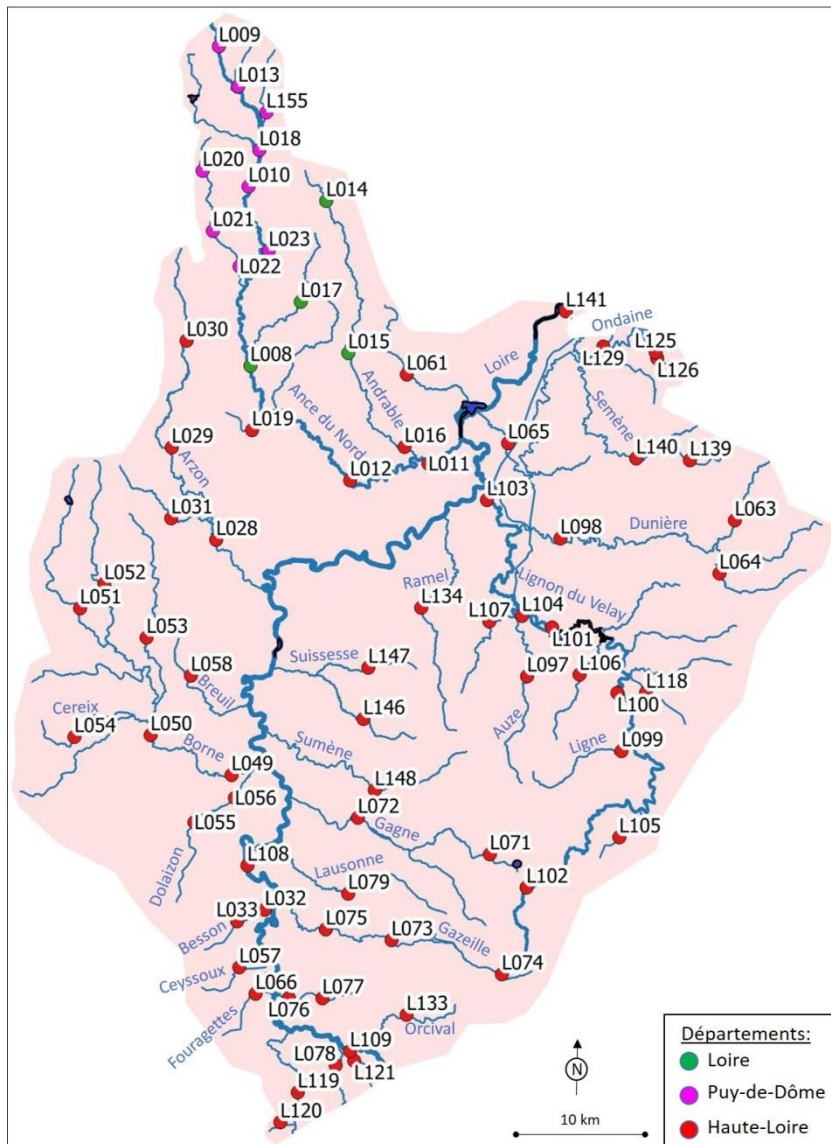
Figure 1 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.



Carte 3 : Représentation géographique de la structuration génétique des populations de truites sur le bassin de l'Allier d'après les distances génétiques : les zones entourées figurent les regroupements homogènes les plus robustes (robustesse $\geq 70\%$).

3. Bassin versant de la Loire :

Sur le bassin de la Loire, l'analyse porte sur 1714 individus échantillonnés sur 62 secteurs (carte 4 et tableau 3).



Carte 4 : Localisation et code station des secteurs échantillonnés sur le bassin de la Loire dans le département de la Haute-Loire et sur l'Ance du Nord pour les départements du Puy-de-Dôme et de la Loire.

Dépt.	Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
42	Ance du Nord	ANCanc	Ance à Usson-en-Forez	L008	30	30	0	0,679	6,9	2,6	-0,0160	270 (260-∞)
42	Andrable	ANCAnd1	Andrable à la Chapelle-en-lafaye	L014	30	30	0	0,626	7,5	2,4	-0,0651	115 (50-∞)
42	Andrable	ANCAnd2	Andrable à Merle	L015	30	30	4 (13)	0,611	5,7	2,4	-0,0122	63 (37-160)
42	Champdieu	ANCCha	Champdieu à Usson-en-forez	L017	30	30	2 (7)	0,665	6,6	2,5	-0,1009	46 (30-88)
43	Ance du Nord	ANC3	Pont de Berard	L011	30	25	0	0,646	6,5	2,5	-0,1043	48 (26-180)
43	Ance du Nord	ANC2	Usine EDF de Moulas	L012	30	30	2 (7)	0,681	6,4	2,6	-0,0693	44 (29-86)
43	Andrable	AND1	Les Coins	L016	30	28	0	0,687	7,1	2,6	-0,0009	105 (49-∞)
43	Lembron	LEM1	RD.352	L019	30	28	0	0,643	6,0	2,5	-0,2576	74 (33-∞)
43	Arzon	ARZ3	Coutarel	L028	30	30	0	0,691	6,5	2,6	-0,0556	340 (83-∞)
43	Arzon	ARZ2	Moulin Vignal	L029	23	23	2 (9)	0,628	5,4	2,4	-0,0302	36 (22-82)
43	Arzon	ARZ1	Pont de Chaumat	L030	30	30	2 (7)	0,625	5,2	2,4	0,0101	46 (28-97)
43	Chamalière	CHM1	Pont RD.1	L031	30	30	14 (47)	0,480	4,0	2,0	-0,0506	48 (26-148)
43	Beaume	BEA1	Fatou	L032	30	30	0	0,649	7,4	2,5	-0,0199	51 (33-98)
43	Besson	BES1	RD.54	L033	30	30	0	0,598	5,4	2,3	0,0297	28 (19-43)
43	Borne	BOR3	Le Puy	L049	30	29	0	0,637	6,9	2,5	-0,0897	178 (54-∞)
43	Borne	BOR2	Saint-Vidal	L050	30	30	0	0,582	5,8	2,3	-0,0413	140 (52-∞)
43	Borne Occidentale	BOR1	Moulis	L051	30	30	0	0,625	6,1	2,4	0,0244	84 (41-783)
43	Borne Orientale	BOO1	Céaux-d'Allègre	L052	30	30	0	0,590	5,9	2,4	-0,0307	55 (32-149)
43	Bourbouilloux	BOU1	Le Monet	L053	22	22	0	0,516	4,6	2,1	0,1398	- (61-∞)
43	Cereix	CEE1	Cereix	L054	27	27	0	0,638	6,6	2,5	0,0836	56 (33-141)
43	Dolaizon	DOL1	La Roche	L055	30	30	2 (7)	0,575	5,1	2,3	-0,0980	69 (36-307)
43	Dolaizon	DOL2	Vals (Chantilly)	L056	30	30	0	0,682	7,8	2,6	0,0599	105 (53-750)
43	Ceyssoux	CEY1	Ceyssoux	L057	30	30	2 (7)	0,652	6,0	2,5	0,0335	26 (19-39)
43	Breuil	BRE1	Azanières	L058	30	29	8 (27)	0,670	5,2	2,5	-0,0170	56 (33-131)
43	Courbière	COU1	Pont de la Val (RD.42)	L061	30	30	5 (17)	0,708	6,4	2,7	-0,0871	62 (36-163)
43	Dunière	DUN1	Riotord	L063	30	30	0	0,654	7,4	2,6	-0,0336	160 (59-∞)
43	Saint-Julien	JUL1	Limenesse	L064	30	28	0	0,679	6,1	2,6	-0,1427	172 (57-∞)
43	Piat	PIA1	Monistrol-sur-Loire	L065	30	29	15 (52)	0,661	5,7	2,5	-0,0983	28 (20-43)
43	Fouragettes	FOU1	Gorges Montagnac	L066	30	30	8 (27)	0,468	4,2	2,0	0,0167	10 (7-14)
43	Gagne	GAG1	Jucq	L071	30	30	3 (10)	0,622	5,4	2,4	-0,0312	242 (70-∞)
43	Gagne	GAG2	Moulin Neuf	L072	30	30	0	0,660	6,9	2,6	0,0530	87 (47-335)
43	Gazelle	GAZ2	La Besseyre	L073	30	29	0	0,693	7,3	2,7	0,0088	652 (149-∞)
43	Gazelle	GAZ1	Les Etables	L074	30	30	0	0,606	5,3	2,4	-0,0462	99 (46-3052)
43	Gazelle	GAZ3	Meymac	L075	30	30	0	0,677	6,7	2,6	-0,0765	1058 (101-∞)
43	Holme	HOL2	Goudet	L076	25	25	0	0,575	5,1	2,3	-0,0745	27 (17-55)
43	Holme	HOL1	Maison Neuve	L077	11	11	5 (45)	0,559	4,1	2,2	-0,0700	11 (4-49)
43	Langougnole	LAN1	Lafarre	L078	21	21	0	0,558	5,0	2,3	-0,1474	54 (23-∞)
43	Lausonne	LAU1	Moulines	L079	30	30	0	0,682	8,1	2,6	0,0208	89 (48-349)
43	Auze	AUZ1	Pont du Rochain	L097	30	30	0	0,625	6,2	2,4	-0,0696	2351 (89-∞)
43	Dunière	DUN2	Vaubarlet	L098	30	30	0	0,696	7,6	2,7	-0,0374	333 (196-∞)
43	Ligne	LIN1	Moulin	L099	30	29	0	0,632	5,9	2,5	-0,0485	101 (44-∞)
43	Lignon du Velay	LIG2	Costerousse	L100	30	29	0	0,641	6,1	2,5	-0,0889	98 (41-∞)
43	Lignon du Velay	LIG3	L'Olagner	L101	30	30	0	0,597	6,0	-	-0,0870	372 (75-∞)
43	Lignon du Velay	LIG1	Titaud	L102	30	20	0	0,622	5,5	2,5	-0,3806	62 (20-∞)
43	Lignon du Velay	LIG5	Usine de pont de Lignon 1	L103	30	28	0	0,693	7,4	2,7	-0,0368	853 (97-∞)
43	Lignon du Velay	LIG4	Versilhac	L104	30	30	2 (7)	0,636	6,2	2,5	0,0432	103 (30-90)
43	Lioussel	LIO1	Les Fours	L105	24	24	2 (8)	0,604	5,1	2,4	-0,1881	295 (40-∞)
43	Mousse	MOU1	Pont de Chazeaux	L106	30	30	0	0,598	6,0	2,4	0,0106	23 (16-36)
43	Siaulme	SIU1	Mas Boyer	L107	30	30	5	0,656	6,7	2,5	-0,0120	45 (30-83)
43	Loire	LOI2	Cussac-sur-Loire	L108	30	30	0	0,634	7,3	2,5	-0,0522	766 (95-∞)
43	Loire	LOI1	Vallet	L109	30	30	0	0,615	6,6	2,4	0,0171	280 (73-∞)
43	Sérigoule	SER1	Gardalhac	L118	30	28	0	0,568	5,6	2,3	-0,1676	47 (25-188)
43	Méjeanne	MEJ1	Pont Montbel	L119	30	30	0	0,643	5,9	2,5	-0,0729	73 (37-365)
43	Villettes	VIL1	Moulin de la Prat	L120	19	19	10 (53)	0,481	3,9	2,0	0,1549	19 (11-43)
43	Nadalès	NAD1	Les Sauvages	L121	30	30	0	0,602	5,0	2,4	-0,0562	105 (41-∞)
43	Cotonas	COT1	Moulin Canet	L125	12	12	0	0,554	3,9	2,2	-0,2924	81 (7-∞)
43	Echapre	ECH1	Aube	L126	18	17	2 (12)	0,621	5,0	2,4	-0,2100	62 (19-∞)
43	Gampille	GAM1	Les Onze Ponts	L129	30	30	10 (33)	0,687	5,8	2,6	0,0419	33 (23-52)
43	Orcival	ORC1	Champetienne	L133	30	30	0	0,539	5,8	2,2	-0,0017	103 (44-∞)
43	Ramel	RAM1	Malataverne	L134	30	29	2 (7)	0,670	7,0	2,6	0,0121	80 (40-488)
43	Rivalière	RIV1	La Fabrique	L139	30	30	0	0,690	6,6	2,6	-0,0466	79 (43-281)
43	Semène	SEM1	Moulin Vial	L140	30	30	0	0,683	5,9	2,6	0,1025	85 (45-355)
43	Semène	SEM2	Semène	L141	30	30	0	0,706	6,4	2,6	-0,0031	200 (68-∞)
43	Roudesse	ROU1	Pont de la Coste	L146	30	30	6 (20)	0,615	5,3	2,4	-0,0734	18 (12-25)
43	Suisseuse	SUI1	Amont Bolio	L147	16	15	0	0,623	4,8	2,4	-0,3000	36 (8-∞)
43	Sumène	SUM1	Eynac	L148	30	30	0	0,605	6,2	2,4	0,0307	78 (41-372)
63	Ance du Nord	Ance	Haute Vallée	L009	25	25	0	0,635	5,9	2,5	-0,0003	492 (68-∞)
63	Ance du Nord	ANCETHIO	La Thiolière	L010	53	53	0	0,665	7,5	2,6	0,0031	113 (71-243)
63	Ancette	Ancet	Tronel	L013	12	12	0	0,703	5,1	2,6	0,1047	193 (27-∞)
63	Enfer	Enf	La Rourre - Mascortel	L018	21	21	0	0,680	6,6	2,6	0,0348	64 (29-4450)
63	Ligogne	Lig	Molhac (Chez François)	L020	12	12	3 (25)	0,562	4,7	2,3	-0,0144	6 (3-13)
63	Ligogne	Lig	Sous Paillanges	L021	26	26	0	0,631	5,8	2,5	-0,0354	66 (35-260)
63	Ligonne	Lig	Pupandin Bas	L022	25	25	3 (12)	0,698	6,1	2,6	-0,0112	27 (19-40)
63	Saillantet	Sai	Pont D139	L023	10	10	0	0,705	5,1	2,7	0,0474	40 (15-∞)
63	Vaissière	Vai	Saint Anthème	L155	25	25	0	0,658	6,8	2,5	0,0056	118 (15-∞)

Tableau 3 : Synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

3.1. Diversité génétique des échantillons :

Les échantillons montrent globalement une bonne diversité génétique.

Le nombre moyen d'allèle par locus (A), varie de 3,9 sur le Cotonas à 8,1 sur Lausonne. La richesse allélique (Ar) varie de 2 sur les Villettes à 2,7 sur la Dunière. L'hétérozygotie attendue varie de 0,468 sur la Fouragettes aux gorges Montagnac (L066) 0,708 sur la Coubière à Pont de la Val (L061).

L'analyse montre que de nombreux poissons font partie d'une fratrie dans plusieurs échantillons. Ceci peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible. Les stations concernées sont entourées en rouge dans le tableau (individus faisant partie d'une même fratrie $\geq 20\%$).

La taille efficace (Ne) qui est une estimation du nombre de géniteurs à l'origine de l'échantillon suggère l'existence de plusieurs « très petites » populations, soit qu'elles sont issues d'un nombre restreint de géniteurs, soit que le recrutement ait été limité du fait d'un fonctionnement perturbé des frayères et/ou d'une survie limitée des alevins. Les stations concernées sont entourées en orange dans le tableau (Ne $\leq 20\%$) : Holme à Maison Neuve (L077), Fouragettes (L066), Villettes (L120), Roudesse (L146) et l'amont de la Ligogne dans le Puy-de-Dôme à Molhac (L020).

3.2. Différentiation et structure génétique entre les échantillons :

Globalement, les populations de truites du bassin de la Loire apparaissent moins différenciées (plus homogènes) que celles du bassin de l'Allier (valeurs de différenciation génétiques plus faibles).

Les principales informations à retenir en termes de différenciation génétique entre les échantillons sont :

- 3 échantillons se différencient fortement de tous les autres échantillons : Chamalière (L031), Fouragettes (L066) et Villettes (L120) ;
- 3 autres échantillons se différencient également de tous les autres échantillons mais avec des valeurs de différenciation moins élevées : Holme à Maison Neuve (L077), Piat (L065) et Gampille (L129) ;
- Les échantillons localisés sur le bassin de l'Ance du Nord montrent globalement peu de différenciation entre eux sauf l'échantillon situé dans le Puy-de-Dôme à l'amont du Ligogne à Mohlac (L020) qui se différencie ;
- Les 2 échantillons amont de l'Andrable (Chapelle en Lafaye, L014 et Merle L015) ont tendance à se différencier du reste du bassin de l'Ance du Nord ;
- Les 6 échantillons du Borne (L049 à L054) montrent une faible différenciation entre eux ;
- Globalement les échantillons du bassin du Lignon du Velay constituent un ensemble avec des faibles niveaux de différenciation entre eux.

L'analyse de la structure génétique des échantillons n'a pas permis de dégager clairement un nombre le plus probable de groupes génétiques homogènes (clusters).

Cependant, l'analyse des distances génétiques entre les échantillons met en évidence quelques regroupements génétiques cohérents (figure 2 et carte 5) :

- plusieurs échantillons situés à proximité sur le même ruisseau se regroupent deux à deux avec des valeurs de robustesse élevées : C'est le cas sur la Gazeille (L073 et L075), le Gagne (L071 et L072), le Dolaizon (L055 et L056) et l'Echapre (L125 et L126) ;
- Les échantillons de l'Holme à Maison Neuve (L077) et de l'Orcival à Champetienne (L0133) montrent une proximité génétique en se regroupant avec une robustesse de 78%. Ils sont relativement proche

géographiquement mais hydrologiquement éloigné. Ce regroupement pourrait s'expliquer par un transfert de poissons ou par un historique de repeuplement commun ;

- 5 groupes géographiquement cohérents forment des groupes génétiques soutenus par des robustesses élevées : l'Arzon, l'aval du Lignon du Velay associé avec la Dunière, la Semène, l'Andrable associée à l'aval de l'Ance du Nord, le Borne ;
- Les autres échantillons du Lignon du Velay et de l'Ance du Nord ont tendance à se regrouper pour former deux autres entités géographiques et génétiques cohérentes.

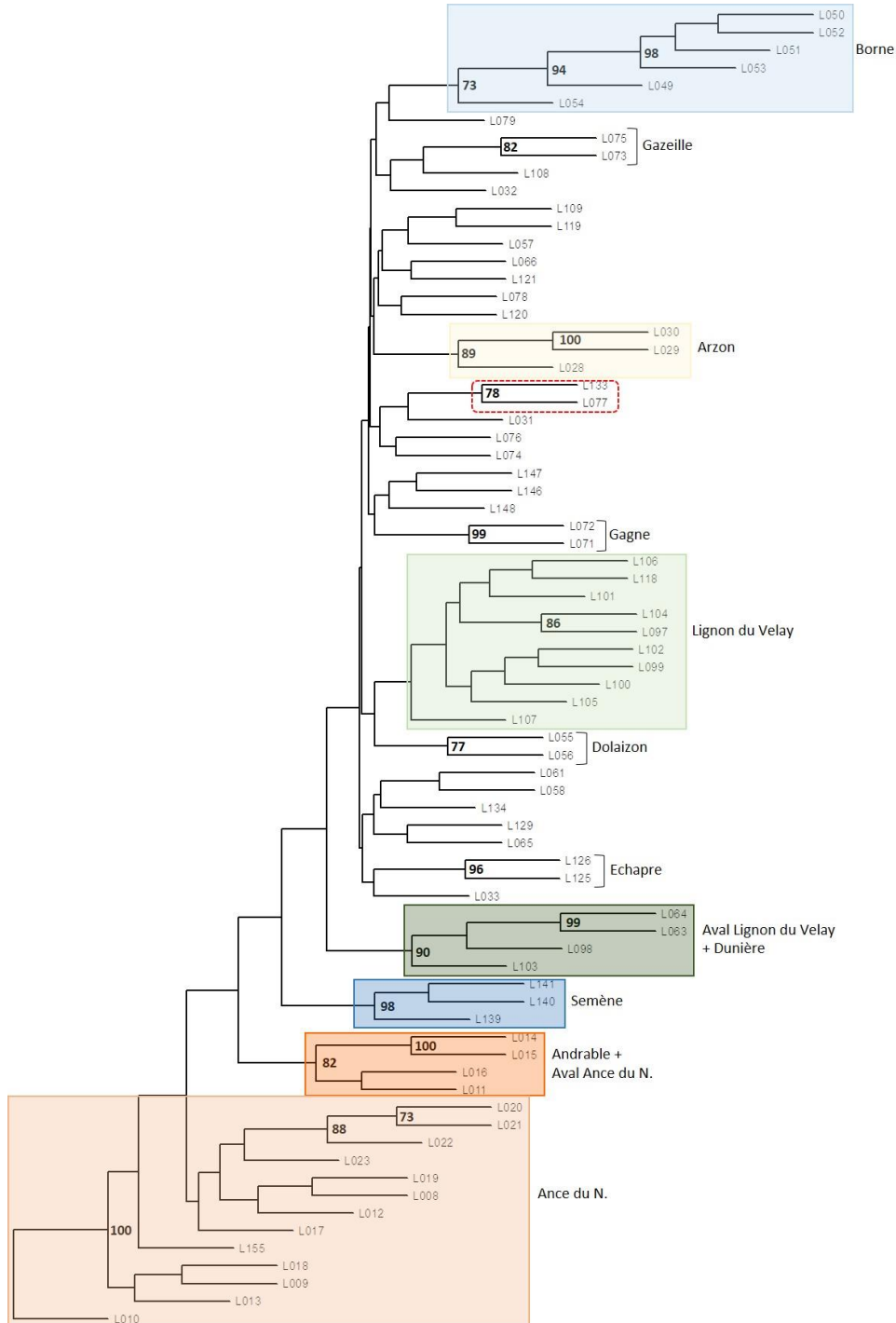
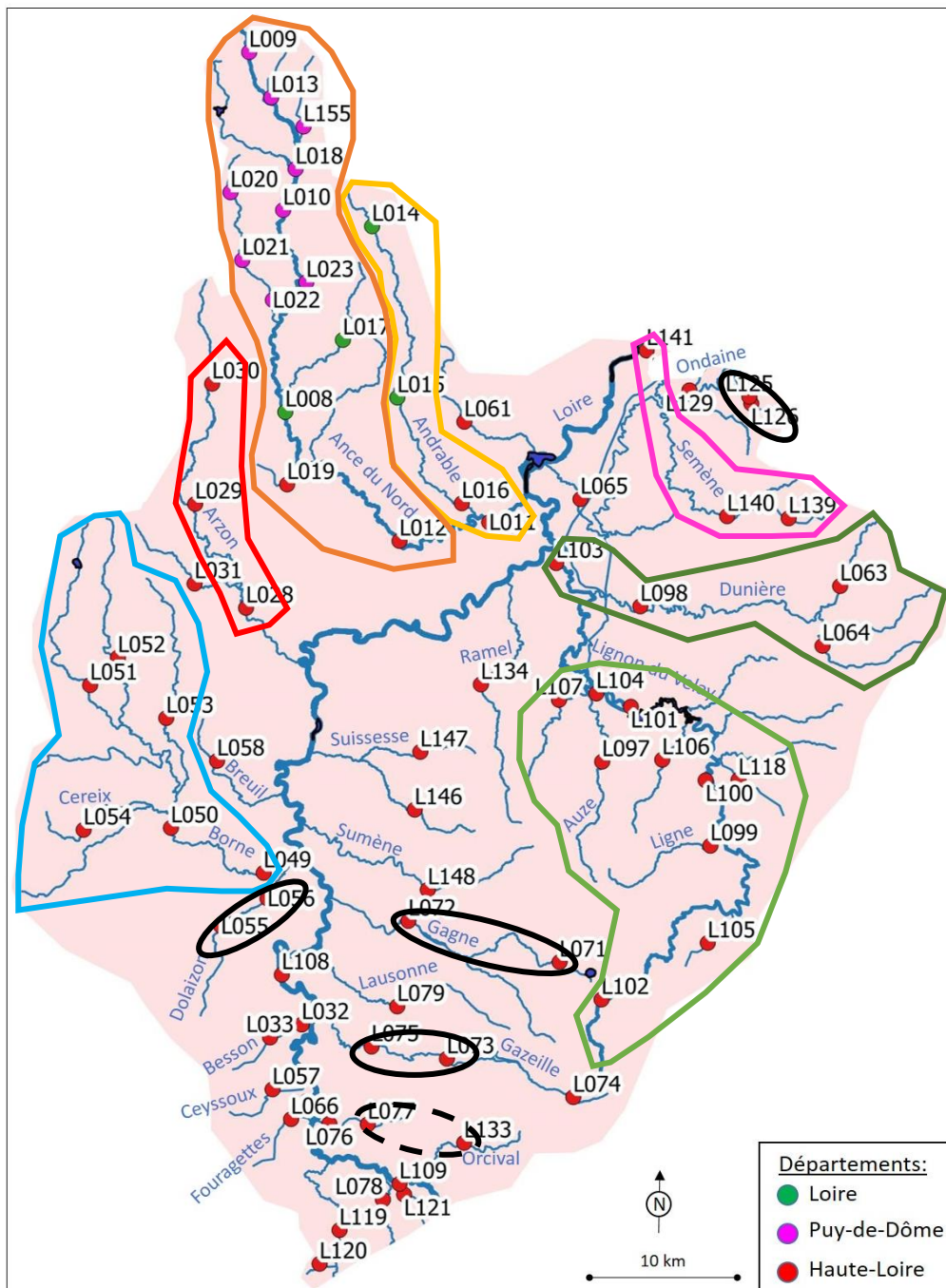


Figure 2 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (Dc). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.



Carte 5 : Représentation géographique de la structuration génétique des populations de truites sur le bassin de la Loire d'après les distances génétiques : les zones entourées figurent les regroupements les plus robustes (robustesse $\geq 70\%$).

4. Discussion :

Les populations de truites de Haute-Loire apparaissent très structurées génétiquement. Cette structuration différencie des groupes génétiques homogènes à l'échelle des sous bassins versants, y compris les plus petits.

L'homogénéité des traits génétiques des populations intra-bassin versant et leur différenciation inter-bassin versant, même proches, pourrait traduire **l'existence d'un grand nombre de génotypes de truites** (parfois communément appelées « souches »).

De fait, cette différenciation et cette structuration génétiques des populations de truites tendraient à montrer que **les pratiques de repeuplement n'ont pas (ou plus) d'impact génétique aujourd'hui visible**. En effet, l'introduction de poissons d'élevage (« souches domestiques atlantiques ») aurait alors eu comme conséquence première d'homogénéiser les populations, c'est-à-dire de les rendre moins différenciées et moins structurées à l'échelle du réseau hydrographique départemental.

Cette spécificité des populations de truites par bassin versant traduit aussi vraisemblablement l'effet des **discontinuités physiques majeurs au sein des hydrosystèmes** (barrages, chûtes naturelles) qui, en cloisonnant les cours d'eau, ont pu isoler certaines populations qui se sont différenciées génétiquement.

Ceci est notamment révélé sur le versant Loire où les « grands » barrages EDF sur l'Ance du Nord (Passouira) et le Lignon (Lavalette/La Chapelette) ont contribué à différencier les populations de amont et de l'aval des ouvrages mais également sur l'Allier, bien que moins nettement dans le cas du barrage EDF de Poutès, mais pas sur l'Ance du Sud où les populations sont proches entre l'amont et l'aval des ouvrages (barrages de Saint-Préjet et de Pouzas).

Ceci est moins vrai systématiquement dans le cas des discontinuités naturelles qui parfois différencient nettement les populations de truites amont/aval (exemple du ruisseau de la Beaume) mais parfois ne les différencient pas (exemple du Dolaizon).

L'étude met également en évidence le lien entre les populations salmonicoles des 2 grands axes - la Loire et l'Allier - et celles de leurs affluents. Ces populations sont globalement peu différenciées à l'échelle de leurs grands bassins versants respectifs et montrent une proximité génétique avec leurs affluents. Les échanges de gènes entre ces populations confirment l'existence d'interactions entre elles par le déplacement et la migration des truites entre l'Allier/la Loire et leurs affluents, au moins dans leur parties basses.

Ces résultats sont également constatés à l'échelle du bassin de la Senouire, entre les populations de truites de la basse Senouire, du Lidenne et de l'aval du Doulon, mais pas pour les autres sous bassins versants de l'Allier.

La **diversité et la spécificité hydrographique des génotypes de truites de la lignée atlantique du département de la Haute-Loire** constituent un acquis essentiel dans la connaissance de notre patrimoine salmonicole. Des « souches » spécifiques à chacun des sous bassins versants se sont adaptées aux caractéristiques de leur biotope sous l'effet des processus de la sélection naturelle. Les pratiques « anciennes » de repeuplement ne semblent pas avoir modifié (globalement et sensiblement) les **caractéristiques génétiques** de ces populations qui sont donc **préservées**.

La conservation de ce patrimoine génétique est un **enjeu fort** pour la Haute-Loire, auquel les collectivités piscicoles doivent répondre par des actions adaptées dans la gestion de l'espèce et de ses habitats :

- Gestion des populations de truites à des échelles cohérentes d'un point de vue fonctionnel et génétique (adaptation des « contextes piscicoles » du Plan départemental de gestion) ;
- Gestion patrimoniale des populations où l'apport de truites d'élevage (souches domestiques) doit être proscrit ou fortement encadré (c'est déjà le cas en Haute-Loire) ;
- Conservation des populations fonctionnelles et restauration de celles perturbées par la mise en œuvre des plans d'actions adaptés, portant en priorité sur l'habitat de l'espèce au sens large : qualité d'eau, morphologie, continuité, hydrologie (objet du Plan départemental de gestion) ;
- Et secondairement sur des mesures de gestion halieutique de l'espèce (réglementation de la pêche, repeuplement).