

- ♦ Annexe 5 : Rapport de l'étude génétique de la population de truites du bassin versant de la Lièpvrette (Haut-Rhin)



**SCIMABIO** *Interface*  
science-management interface for biodiversity conservation

[www.scimabio-interface.fr](http://www.scimabio-interface.fr)

SCIMABIO Interface  
Les Cyclades B  
5, rue des Quatre Vents  
74200 Thonon-les-Bains

Tél. : 06 41 68 68 64

## Etude génétique de la population de truites du bassin de la Lièpvrette (Haut-Rhin)



**Fédération**  
*du Haut-Rhin*  
FÉDÉRATION DÉPARTEMENTALE  
**PÊCHE** pour la pêche et la protection  
du milieu aquatique

Partenaires :

  
FÉDÉRATION NATIONALE  
**PÊCHE**

  
**AGENCE**  
**DE L'EAU**  
RHIN•MEUSE  
ÉTABLISSEMENT PUBLIC DE L'ÉTAT

Octobre 2021

Rédaction : Arnaud CAUDRON (SCIMABIO Interface)

# SOMMAIRE

Introduction.....	1
1 Objectifs de l'étude .....	2
2 Matériel et méthodes.....	2
2.1 Echantillonnage des populations .....	2
2.2 Analyses génétiques .....	4
2.3 Diversité génétique des échantillons .....	5
2.4 Différentiation et structure génétique entre les échantillons .....	5
3 Résultats .....	7
3.1 Diversité et caractéristiques des échantillons.....	7
3.2 Recherche de liens de fraternité entre les individus échantillonnés .....	8
3.3 Evaluation de l'effet des repeuplements .....	9
3.4 Différenciation et structuration génétique au sein du bassin versant.....	14
3.5 Structuration inter-bassin entre la Liepvrette et la Thur .....	17
4 Synthèse .....	17
5 Références.....	18

## Liste des Figures

Figure 1 : Localisation générale du bassin de la Liepvrette sur le département et localisation des stations échantillonnées sur la Liepvrette (les points noirs représentent les ouvrages transversaux selon le ROE).....	3
Figure 2 : Histogramme de tailles des truites échantillonnées sur les 10 stations étudiées. ....	4
Figure 3 : Nombre de géniteurs efficaces pour chaque station (+ Intervalle de confiance à 95%). ....	8
Figure 4 : Analyse Discriminante des Composantes Principales présentant les 10 échantillons rivières et la référence historique pisciculture domestique.....	10
Figure 5 : Arbre des distances génétiques avec les 10 échantillons rivières et la référence historique pisciculture domestique.....	11
Figure 6 : Analyse Discriminante des Composantes Principales présentant les 10 échantillons rivières et les 3 piscicultures locales (Obenheim :POB, Thur :PVT et Guidat :PG).....	12
Figure 7 : Arbre des distances génétiques avec les 10 échantillons rivières et les 3 piscicultures locales (Obenheim :POB, Thur :PVT et Guidat :PG).....	12
Figure 8 : Répartition des génotypes individuels selon le nombre de cluster génétique le plus probable $K=3$ . Chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. Les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters. ....	13
Figure 9 : Démarche hiérarchique par Analyse Discriminante des Composantes Principales.....	15
Figure 10 : Recherche de la structuration génétique la plus probable par analyse hiérarchique sous STRUCTURE. ....	16
Figure 11 : Représentation spatiale de la structuration génétique obtenue au sein du bassin de la Liepvrette.....	16
Figure 12 : Localisation des deux bassins et résultats de l'Analyse Discriminante des Composantes Principales avec les 22 stations correspondantes. ....	17

## Liste des tableaux

Tableau 1 : Informations générales sur les échantillonnages réalisés. ....	3
Tableau 2 : Statistiques descriptives des échantillons. ....	7
Tableau 3 : Nombre de liens de fraternité significatif observés par paire de station (ayant une probabilité supérieure à 0,7). ....	9
Tableau 4 : Valeurs de $F_{st}$ par paires (Nei, 1987) sur les 10 stations étudiées et les 3 origines de pisciculture. ....	14

## INTRODUCTION

La truite commune (*Salmo trutta* L.) est une espèce présentant de forts enjeux halieutique et socio-économique. Au sein de son aire de répartition naturelle en Europe, cette espèce présente de nombreuses stratégies d'histoire de vie, et une importante diversité génétique et phénotypique.

Les pressions qui affectent cette espèce sont nombreuses : dégradation et fragmentation de l'habitat, réchauffement de l'eau, maladies, mais aussi les pratiques de repeuplement, qui depuis plus de 100 ans, ont conduit à l'introduction massive de truites issues de stocks domestiqués. Ces introductions ont eu pour conséquence dans de nombreux cas, une introgression des populations natives par des gènes d'origine non-native.

Ces pressions humaines ont donc un impact très marqué sur la diversité intra spécifique, qui est un aspect clé dans la dynamique des populations. La prise en compte de cette diversité génétique par les gestionnaires des populations naturelles est donc cruciale, et il est nécessaire d'accroître les efforts de conservation de cette diversité à l'échelle des populations.

La FDPPMA du Haut-Rhin a entrepris un important travail de diagnostic des réseaux de têtes de bassin sur le département. C'est dans ce cadre qu'une première étude sur la génétique des populations de truite du bassin de la Thur a été réalisée en 2019. En 2020, c'est le bassin de la Liepvrette qui a été étudié, dont le travail est détaillé dans le présent rapport.

# 1 OBJECTIFS DE L'ETUDE

Dans cette étude, l'outil génétique est utilisé à travers différents indicateurs afin d'aborder plusieurs problématiques de gestion et d'apporter des connaissances nouvelles sur la fonctionnalité naturelle de la population de truites de la Liepvrette. L'« image génétique » obtenue par ces indicateurs sur le bassin versant à partir des différents échantillons étudiés est volontairement réalisé sans *a priori* sur l'état du milieu, la présence des obstacles et la gestion pratiquée.

Tout d'abord, une analyse des tailles efficaces a permis de fournir des connaissances sur la fonctionnalité du recrutement naturel et la viabilité des populations.

Ensuite, le travail a cherché à préciser le rôle des repeuplements passés et présents dans la structuration génétique observée. Quatre origines de pisciculture ont été utilisées : une référence historique représentative des souches de piscicultures domestiques pour rechercher des traces des repeuplements passés, et trois souches de piscicultures plus locales à savoir la pisciculture Guidat, la pisciculture d'Obenheim et celle de la Thur pour étudier les effets des repeuplements plus contemporains. Il s'agira de rechercher d'éventuels traces des poissons de ces piscicultures dans le bassin, et d'évaluer dans la population naturelle la proportion d'individus issus des repeuplements.

Une analyse fine de la différenciation et de la structure génétique entre les différentes stations étudiées, a permis de préciser les effets de la fragmentation du milieu par des ouvrages sur le fonctionnement de la population de truites.

Enfin, une analyse de comparaison entre les populations de la Thur et de la Liepvrette a été conduite pour préciser la diversité génétique existante au sein du département et l'importance de prendre en compte toute cette diversité dans la gestion des populations.

## 2 MATERIEL ET METHODES

### 2.1 ECHANTILLONNAGE DES POPULATIONS

L'échantillonnage de la population de truites du bassin de la Liepvrette a été réalisé du 07 au 11 septembre 2020 par pêches électriques par le service technique de la FDAAPPMA 68. L'échantillonnage a porté sur 10 stations réparties sur le bassin de la Liepvrette dont 3 sur le cours d'eau principal et 7 sur les affluents (Tableau 1, Figure 1). La souche de la pisciculture Guidat qui est utilisée localement pour pratiquer des repeuplements a également été échantillonnée. Sur chaque secteur, un objectif de 25 à 30 individus a été recherché. Au total 305 individus ont été échantillonnés dont 255 dans les populations naturelles. Chaque individu échantillonné a été anesthésié dans un bain d'eugénol, mesuré (longueur totale), puis un morceau de nageoire pelvienne a été prélevé et stocké dans l'éthanol 96°.

Station (Code station)	Cours d'eau	Date échantillon	X (L93)	Y (L93)	Effectif	Taille Moy (mm) (Ecartype)
Liepvrette Amont (LAm)	LIEPVRETTE	09-sept-20	1007348,6	6798614,2	25	166,5 (45,5)
Liepvrette Mediane (LM)	LIEPVRETTE	09-sept-20	1012805,9	6803719,7	25	189,4 (77,0)
Liepvrette Aval (LA)	LIEPVRETTE	11-sept-20	1016605,2	6805146,6	30	148,3 (68,7)
Raenthal (RA)	RAUENTHAL	07-sept-20	1009266,1	6799997,3	25	187,2 (35,2)
Fertrupt (Fe)	FERTRUPT	11-sept-20	1011607,2	6801778,1	25	160,5 (84,9)
La Goutte Saint-Blaise (GSB)	GOUTTE SAINT BLAISE	08-sept-20	1013196,5	6803541,3	25	107,6 (33,5)
Robinot (Ro)	ROBINOT	07-sept-20	1009441,7	6801731,5	25	168,9 (39,4)
Petit Rombach (Pro)	PETIT ROMBACH	07-sept-20	1011112,7	6804524,1	25	129,44 (63,6)
Grand Rombach (GR)	GRAND ROMBACH	08-sept-20	1012170,3	6806191,2	25	145,4 (24,3)
Rombach (ROM)	ROMBACH	08-sept-20	1015404,6	6806821,2	25	160,1 (45,4)
pisciculture Guidat (PG)	-	déc-20	-	-	50	-

Tableau 1 : Informations générales sur les échantillonnages réalisés.

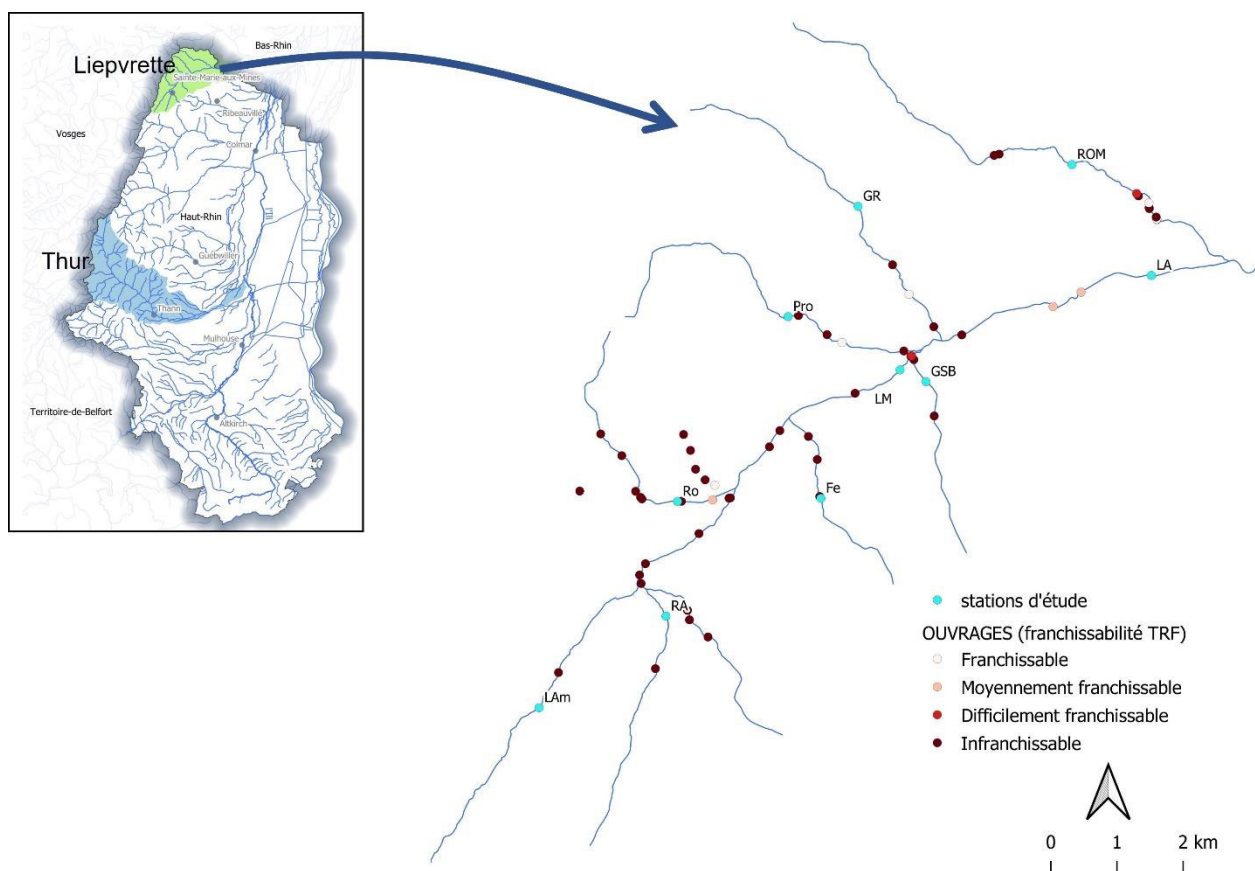


Figure 1 : Localisation générale du bassin de la Liepvrette sur le département et localisation des stations échantillonnées sur la Liepvrette (les points noirs représentent les ouvrages transversaux selon le ROE).

Pour une étude de génétique des populations, il est recommandé d'éviter d'échantillonner des individus faisant partie de la même fratrie (Hansen et al. 1997). En pratique ce risque peut être limité au cours de l'échantillonnage en évitant d'échantillonner les juvéniles de l'année (0+), en échantillonnant plusieurs classes d'âge et en répartissant les prélèvements sur un linéaire relativement important.

La répartition des tailles des truites échantillonnées indique une bonne représentativité des échantillons sur l'ensemble des stations sauf pour le Goutte St Blaise (Figure 2). En effet, sur cet affluent, les individus de taille inférieure à 100mm qui sont probablement des 0+ représentent 60% de l'échantillon et les individus adultes sont absents. Sur le Petit Rombach les individus 100mm sont également importants (52%) mais des individus adultes font également partis de l'échantillon ce qui permet de renforcer sa représentativité. Une attention particulière devra être portée aux résultats génétiques sur ces deux sites.

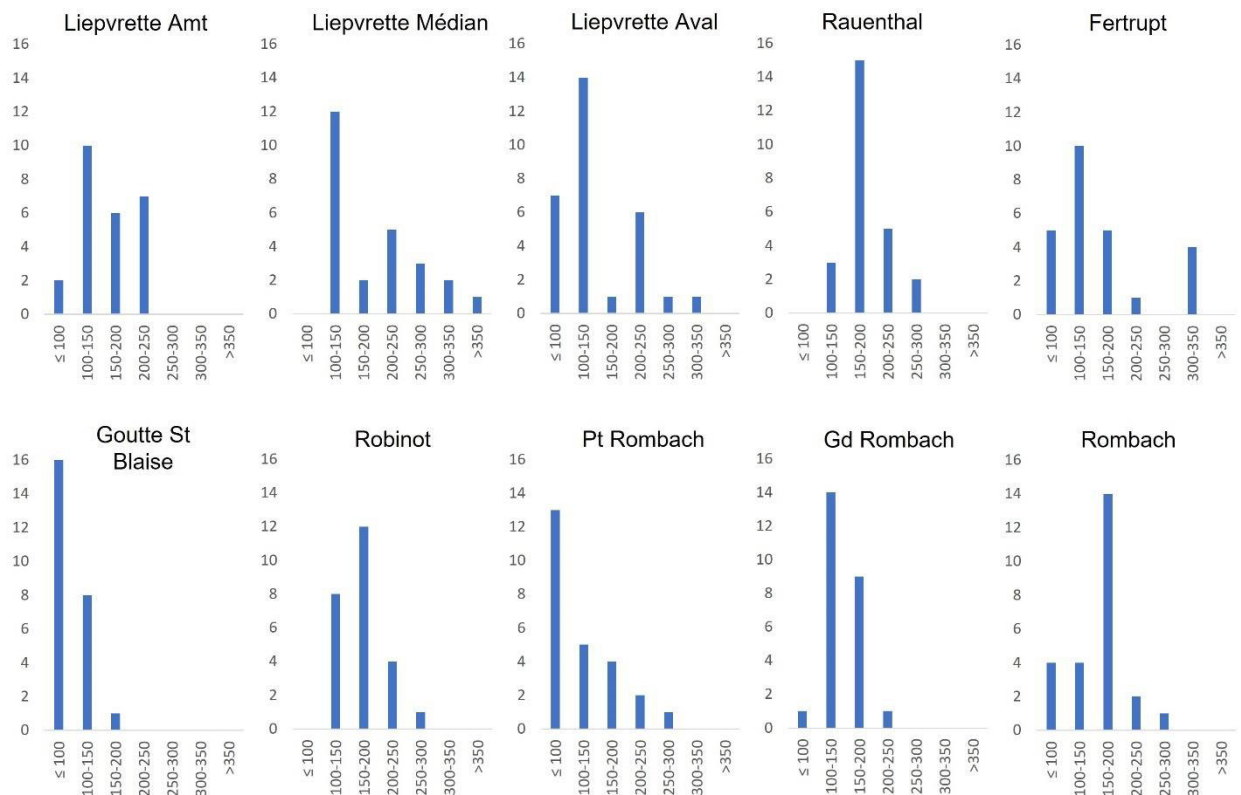


Figure 2 : Histogramme de tailles des truites échantillonnées sur les 10 stations étudiées.

## 2.2 ANALYSES GENETIQUES

Après extraction de l'ADN à partir de l'échantillon de nageoire, chaque individu a été génotypé au niveau de 192 marqueurs Single Nucleotide Polymorphisms (Saint-Pé et al. 2019).

Les Single Nucleotide Polymorphisms ou SNPs sont des marqueurs génétiques dont la variation concerne un seul nucléotide, ils sont bi-alléliques, c'est-à-dire que pour un SNP donné, un individu peut avoir deux



allèles. Comme tous marqueurs génétiques pouvant varier d'un individu à l'autre, ils permettent de mesurer diverses métriques génétiques caractéristiques de la population, comme la diversité génétique au sein d'un groupe d'individus, la différenciation entre populations etc...

### 2.3 DIVERSITE GENETIQUE DES ECHANTILLONS

La diversité génétique au sein de chaque échantillon a été étudiée à l'aide des paramètres suivants, en utilisant le Package R « adegenet » (Jombart et al. 2008) :

- **La richesse allélique ( $A_R$ )** qui correspond au nombre total d'allèles divisé par le nombre de loci ;
- **L'hétérozygotie attendue ( $H_s$ ) et observée ( $H_o$ )** qui indique la proportion d'individus hétérozygotes à laquelle on s'attend dans une population panmictique ( $H_e$ ) et observée dans l'échantillon ( $H_o$ ).
- **L'indice de fixation  $F_{is}$**  (Wright, 1969) qui varie de -1 à +1 et renseigne sur le déficit en hétérozygote dans un échantillon, en comparant l'hétérozygotie attendue (que l'on aurait dans le cas d'une population à l'équilibre de Hardy-Weinberg) et l'hétérozygotie observée. Un  $F_{is}$  de 0 indique une population à l'équilibre de Hardy-Weinberg, une valeur positive traduit un déficit en hétérozygotes alors qu'une valeur négative indique un excès en hétérozygotes.

**La taille efficace de la population,  $N_e$**  a aussi été estimée pour chaque échantillon à l'aide du logiciel Colony (Jones et al. 2010). Dans une population naturelle tous les individus ne participent pas à la reproduction et tous n'ont pas le même succès reproducteur. Il existe donc une différence entre le nombre total d'individus dans une population et le nombre d'individus qui engendrent une descendance viable, appelés géniteurs efficaces. La taille efficace ( $N_e$ ) est une estimation de l'abondance des géniteurs efficaces dans une population. Dans notre cas, il s'agira d'une estimation du nombre de géniteurs qui est à l'origine de l'échantillon étudié.

Le logiciel COLONY a également été utilisé pour reconstruire les liens de parenté entre les individus et rechercher les individus issus de la même fratrie.

### 2.4 DIFFERENTIATION ET STRUCTURE GENETIQUE ENTRE LES ECHANTILLONS

La différenciation et la structuration génétique entre les échantillons a été étudiée par 4 approches :

- Les indices de différenciations  **$F_{ST}$**  ont été calculés pour chaque paire d'échantillons à l'aide du package R « adegenet ». Cet indice compare les taux d'hétérozygotes de chaque population entre elles, et renseigne sur la différence génétique entre populations. Il varie de 0 à 1, plus il est élevé plus la différenciation génétique entre les deux échantillons est importante.

- Une analyse discriminante sur composantes principales (**DAPC**, Jombart et al. 2010) qui permet de visualiser comment les populations peuvent être séparées selon les génotypes : elle représente les populations sur des axes le long desquels la variance interpopulation est la plus grande et la variance intrapopulation est la plus faible.
- Les distances génétiques (**Dc**) de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) calculées pour chaque pair d'échantillons ont été utilisées pour construire un dendrogramme (arbre phylogénique). Pour ce faire, nous avons utilisé le package R « poppr » pour calculer les fréquences alléliques puis générer les Dc et les dendrogrammes. La robustesse des branches a été testée par bootstrap en réalisant 1000 répliqués, et le dendrogramme final a aussi été généré par le package « poppr ».
- La structure génétique a été étudiée par une méthode dite de « clustering » avec le logiciel STRUCTURE v2.3.4 (Prichard et al. 2000). Cette méthode regroupe les individus en différents groupes génétiques homogènes (appelés clusters) sur la base de leur génotype sans connaître leur appartenance à l'échantillon d'origine. L'analyse a consisté à rechercher le nombre le plus probable de clusters, entre 1 et 11, selon la procédure décrite par Evanno et al. (2005) avec l'utilitaire STRUCTURE HARVESTER (Earl et vonHoldt, 2012).

### 3 RESULTATS

#### 3.1 DIVERSITE ET CARACTERISTIQUES DES ECHANTILLONS

L'extraction de l'ADN et le génotypage se sont déroulés avec succès pour tous les individus ce qui indique une bonne conservation des échantillons. Sur les 193 SNPs testés, 135 sont polymorphes sur le jeu de données et ont été conservés pour réaliser les traitements statistiques.

La richesse allélique ( $A_r$ ) dans la population naturelle varie de 1,324 sur la Liepvrette amont à 1,428 sur la Liepvrette aval. On observe globalement des diversités plus faibles en zone amont du cours principal et sur les affluents qu'en zone aval. Ce gradient de diversité est classique dans les populations en raison d'un apport progressif de flux de gènes par dévalaison. Par contre, la station sur le Goutte St Blaise montre une diversité pouvant être considérée comme élevée pour un affluent isolé par rapport aux autres valeurs obtenus sur le bassin versant. (Tableau 2).

Les valeurs de  $F_{is}$  restent proches de 0, ne montrant pas d'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Les valeurs qui s'éloignent le plus de l'équilibre sont la Goutte St Blaise et le Fertrupt. (Tableau 2).

Le sexe-ratio est très variable selon les stations avec des valeurs pouvant être considérées comme faibles sur l'ensemble des stations sauf sur le la Goutte St Blaise et le Fertrupt. (Tableau 2).

Station (Code station)	Nb Echantillonné	Nb Genotypé	Nb Analysé	sex ratio (Nb M/Nb F)	$H_o$	$H_s$	$A_r$	$F_{is}$
Liepvrette Amont (LAm)	25	25	25	0,32	0,185	0,179	1,324	-0,034
Liepvrette Mediane (LM)	25	25	25	0,92	0,223	0,235	1,425	0,013
Liepvrette Aval (LA)	30	30	30	0,50	0,244	0,238	1,428	-0,030
Rauenthal (RA)	25	25	25	0,39	0,207	0,196	1,355	-0,020
Fertrupt (Fe)	25	25	25	1,50	0,217	0,191	1,347	-0,108
La Goutte Saint-Blaise (GSB)	25	25	25	1,78	0,217	0,236	1,422	0,112
Robinot (Ro)	25	25	25	0,25	0,191	0,189	1,344	0,002
Petit Rombach (Pro)	25	25	25	0,79	0,210	0,202	1,363	0,006
Grand Rombach (GR)	25	25	25	0,79	0,209	0,186	1,338	-0,086
Rombach (ROM)	25	25	25	0,56	0,220	0,220	1,400	-0,035
pisciculture Guidat (PG)	30	30	30	0,15	0,241	0,239	1,432	-0,018

Tableau 2 : Statistiques descriptives des échantillons.

Les tailles efficaces sont moyennes à faibles avec des valeurs variant de 8 sur la Goutte St Blaise à 50 sur la Liepvrette médian. C'est le cours principal médian et aval qui montre logiquement les valeurs les plus élevées suggérant la présence d'un nombre de géniteurs efficaces non négligeable mais pouvant être considéré comme moyen. Les résultats indiquent des reproducteurs beaucoup moins abondants sur le cours principal de la Liepvrette amont. Sur les affluents, on trouve deux situations avec des valeurs moyennes à faibles (entre 21 et 34) sur 3 sites à savoir le Rauenthal, le Robinot et le Rombach et des valeurs très faibles (8 à 11) sur le Fertrupt, le Goutte St Blaise, le

Petit et le Grand Rombach. Sur ces quatre affluents, les valeurs de Ne très faibles traduisent des populations peu fonctionnelles en limite de viabilité. (Figure 2).

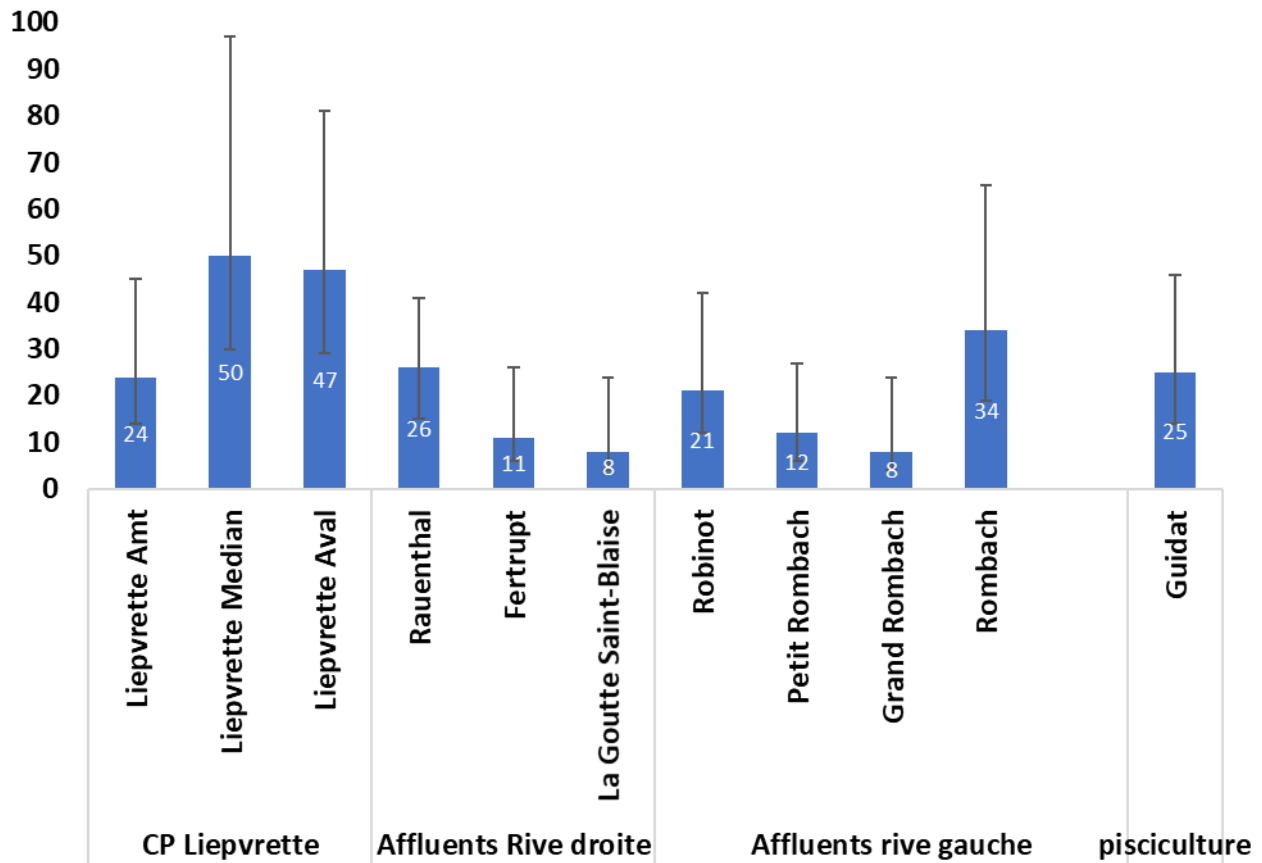


Figure 3 : Nombre de géniteurs efficaces pour chaque station (+ Intervalle de confiance à 95%).

### 3.2 RECHERCHE DE LIENS DE FRATERNITE ENTRE LES INDIVIDUS ECHANTILLONNES

Le nombre de liens de fraternité est particulièrement faible au sein des deux stations aval et médian de la Liepvrette, signifiant que l'échantillon est bien issu d'un nombre important de géniteurs différents. Ce résultat peut s'expliquer par 1/une certaine abondance de géniteurs efficaces dans ces populations ce qui est cohérent avec les tailles efficaces obtenues et 2/un flux d'individus par dévalaison provenant de différentes zones de recrutement situées en amont sur le bassin.

Par contre, les liens sont plus élevés au sein des autres stations mettant en évidence un déficit de flux de gènes et/ou un nombre de géniteurs peu abondant. Les valeurs sont très importantes au sein des affluents Fertrupt, Goutte St Blaise, Petit Rombach et Grand Rombach.

On observe sur l'ensemble du bassin très peu de liens de fraternité entre les stations ce qui suggère des flux d'individus très limités.

	LAm	LM	LA	RA	FE	GSB	Ro	Pro	GR	ROM	PB
Liepvrette Amont (LAm)	12										
Liepvrette Mediane (LM)	0	2									
Liepvrette Aval (LA)	0	0	3								
Rauenthal (RA)	0	0	0	18							
Fertrupt (Fe)	0	0	0	0	49						
La Goutte Saint-Blaise (GSB)	0	0	0	0	0	63					
Robinot (Ro)	0	0	1	0	0	0	19				
Petit Rombach (Pro)	0	0	0	1	0	0	0	46			
Grand Rombach (GR)	0	0	0	0	0	0	0	0	36		
Rombach (ROM)	0	1	0	0	0	0	1	0	0	11	
pisciculture Guidat (PG)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	26

*Tableau 3 : Nombre de liens de fraternité significatif observés par paire de station (ayant une probabilité supérieure à 0,7).*

### 3.3 EVALUATION DE L'EFFET DES REPEULEMENTS

**La première approche** a consisté à évaluer l'empreinte des repeuplements historiques sur les populations en place. Pour ce faire une souche de pisciculture domestiquée référente, qui est représentative des souches commerciales utilisées dans le passé pour produire les truites destinées aux repeuplements, a été comparée aux échantillons prélevés sur la Liepvrette.

Les résultats des DAPC montrent clairement que tous les échantillons rivières se distinguent génétiquement de la souche de pisciculture référente (Figure 4). L'arbre phylogénétique montre que la distance génétique entre la souche référente et les échantillons rivières reste importante et que la souche de pisciculture se sépare des échantillons rivières avec une robustesse de 100% (Figure 5). Ces résultats indiquent que les populations en place observées sur la Liepvrette ne proviennent donc pas des repeuplements historiques.

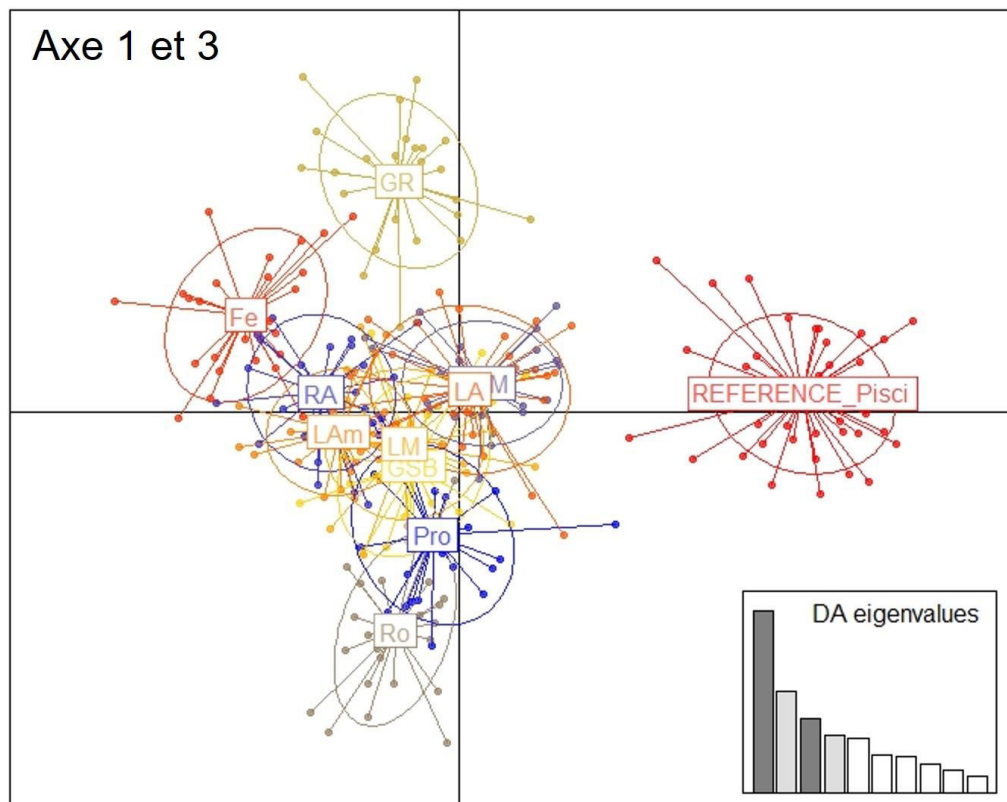
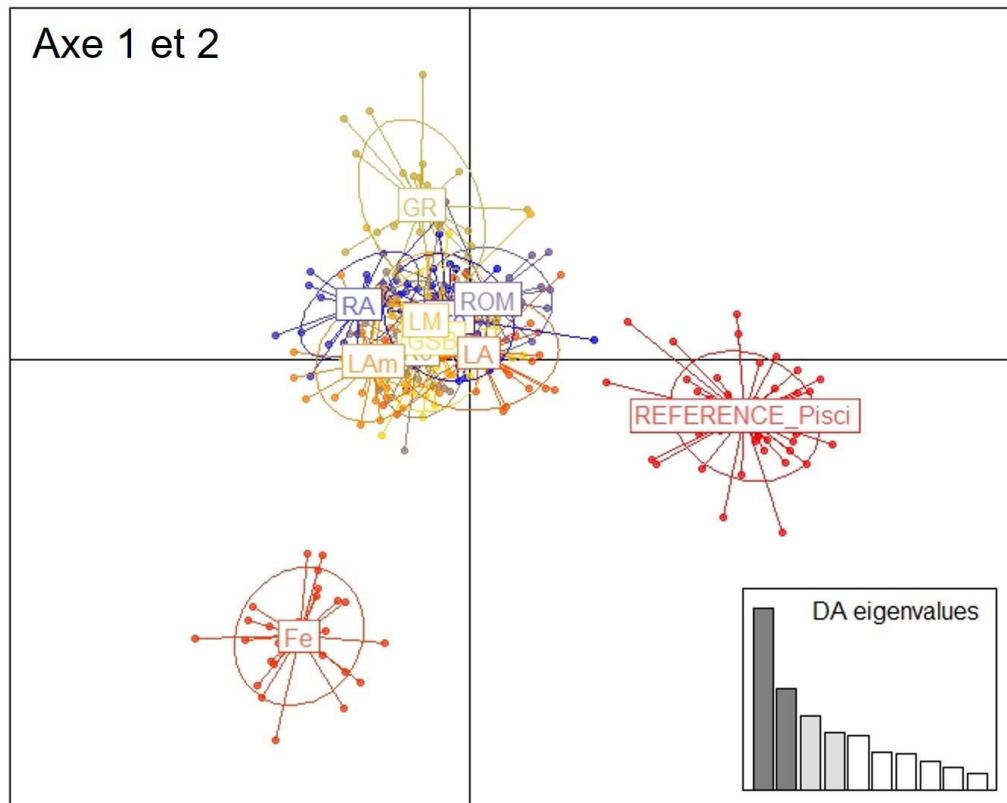


Figure 4 : Analyse Discriminante des Composantes Principales présentant les 10 échantillons rivières et la référence historique pisciculture domestique.

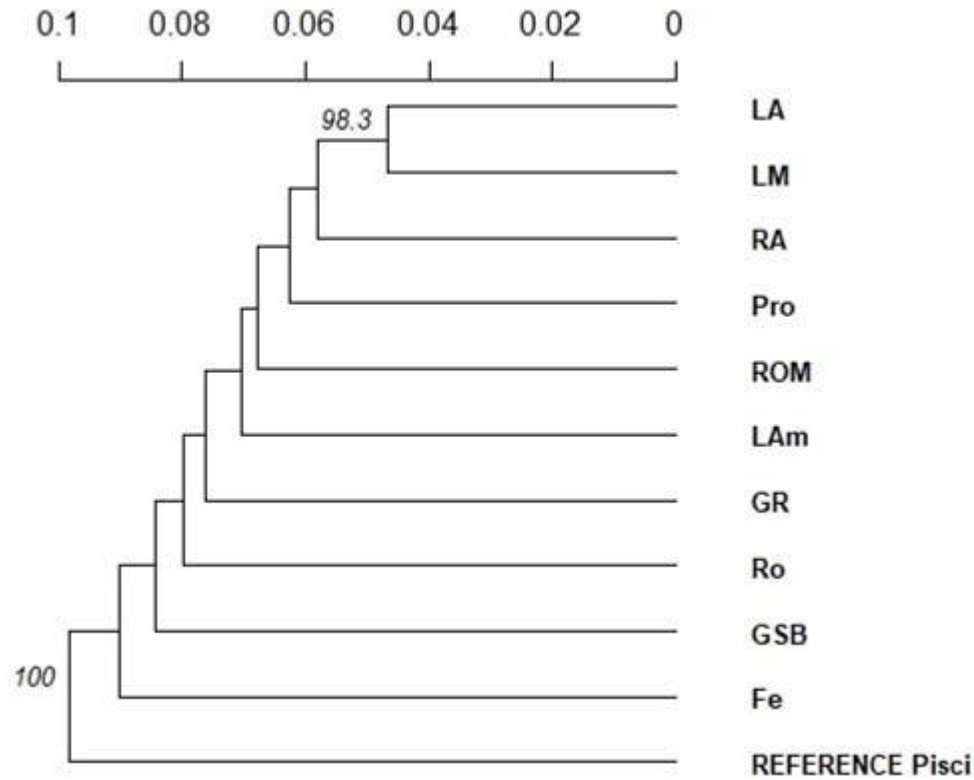


Figure 5 : Arbre des distances génétiques avec les 10 échantillons rivières et la référence historique pisciculture domestique.

**La deuxième approche** a consisté à comparer les échantillons rivières avec des souches de piscicultures locales utilisées pour les repeuplements. Trois piscicultures ont été testées à savoir Obenheim, la Thur et Guidat. Le travail a cherché à mieux quantifier l'efficacité des repeuplements réalisés récemment avec ces souches plus locales.

La DAPC montre que globalement les 3 souches de piscicultures se distinguent des échantillons rivières (Figure 6). L'arbre phylogénétique montre un regroupement des deux origines Obenheim et Thur avec une robustesse de près de 99% qui se sépare de tous les échantillons rivières. La pisciculture Guidat se distingue également de la majorité des échantillons rivières et se rapproche de l'échantillon de la Goutte St Blaise (Figure 7).

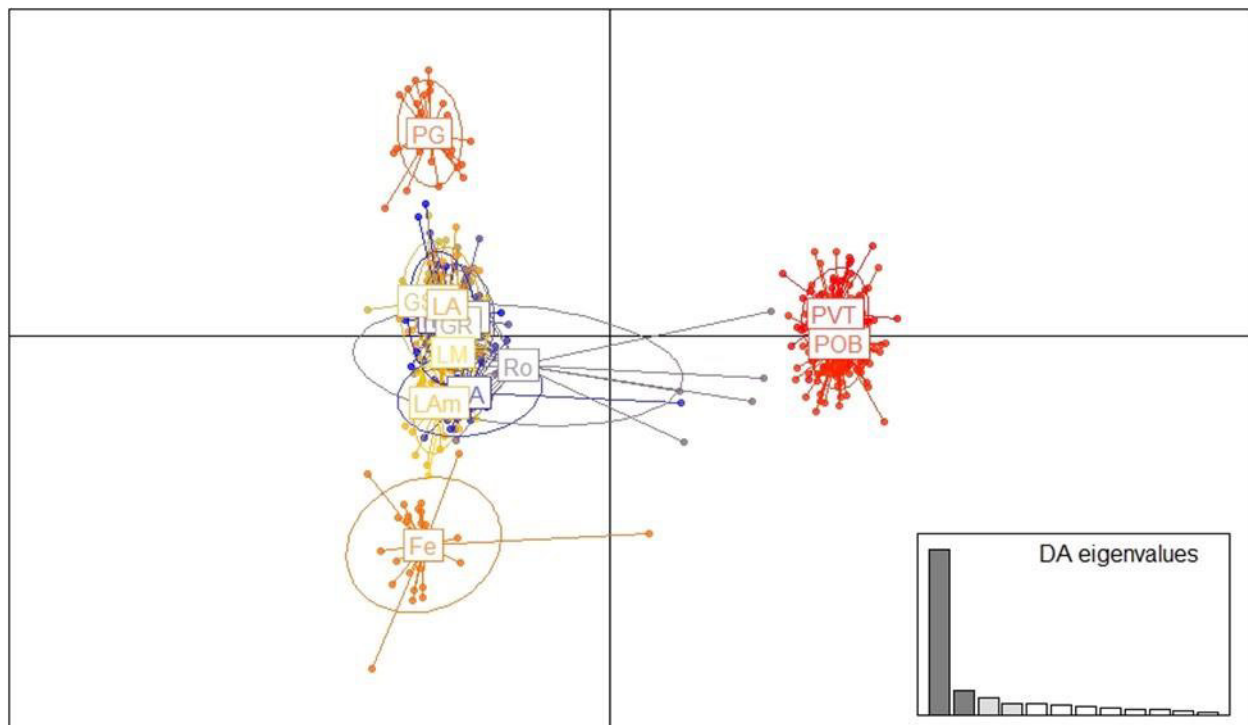


Figure 6 : Analyse Discriminante des Composantes Principales présentant les 10 échantillons rivières et les 3 piscicultures locales (Obenheim :POB, Thur :PVT et Guidat :PG).

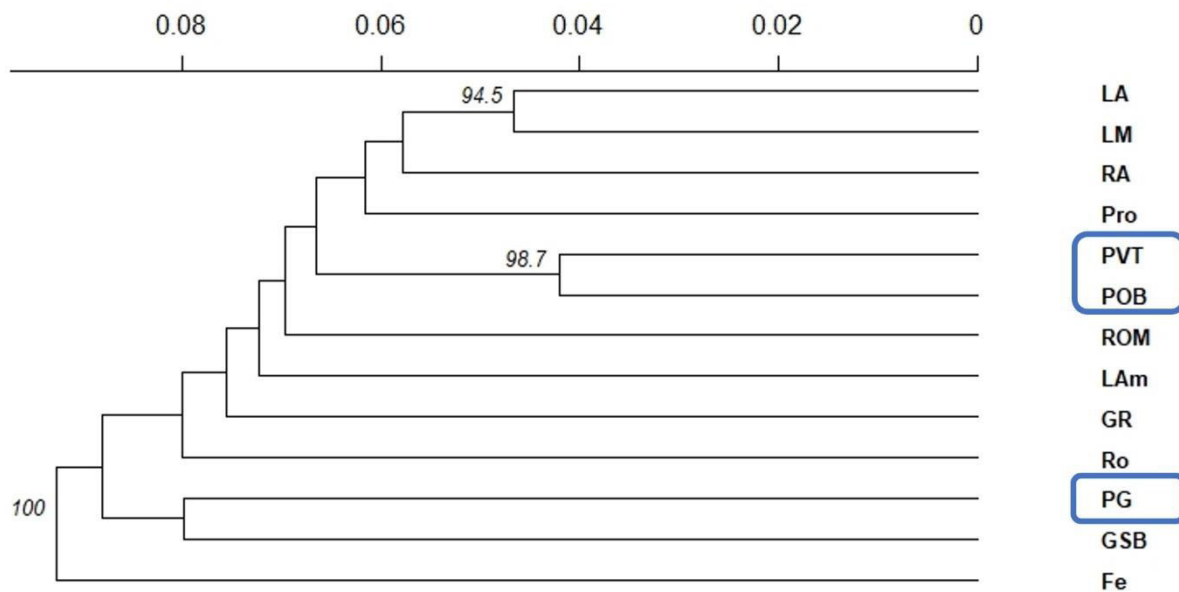


Figure 7 : Arbre des distances génétiques avec les 10 échantillons rivières et les 3 piscicultures locales (Obenheim :POB, Thur :PVT et Guidat :PG).



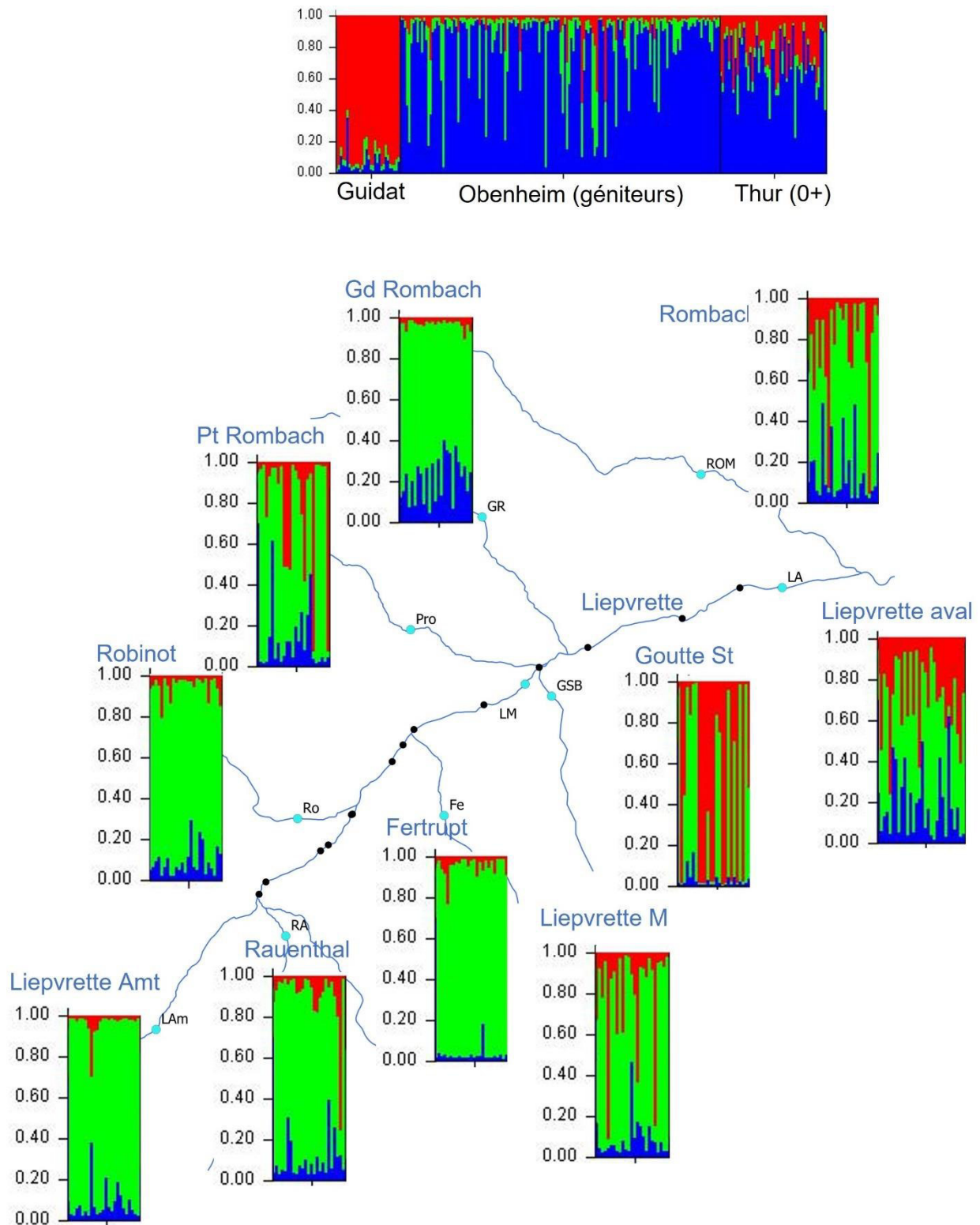


Figure 8 : Répartition des génotypes individuels selon le nombre de cluster génétique le plus probable  $K=3$ . Chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. Les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters.

L'analyse donne une structuration statistiquement la plus probable en 3 clusters (Figure 8). On retrouve un cluster regroupant la totalité des individus de la pisciculture Guidat, un cluster regroupant ensemble les individus des piscicultures Obenheim et Thur et un troisième cluster regroupant la majorité des individus échantillonnés en rivières.

Ces résultats indiquent que les échantillons rivières constituent bien un groupe génétique différent des piscicultures. La majorité des individus échantillonnés en rivières ne proviennent donc pas des repeuplements récents réalisés avec les 3 souches étudiées.

L'étude au niveau individuel suggère que seulement 16 individus sur les 255 échantillonnés soit 7% ont une probabilité significative de provenir de la pisciculture Guidat. Sur ces 16 individus assignés à la pisciculture 11 sont observés sur la Goutte St-Blaise. Si on retire du jeu de données cet affluent particulier, la contribution du repeuplement tombe à 2%.

### 3.4 DIFFERENCIATION ET STRUCTURATION GENETIQUE AU SEIN DU BASSIN VERSANT

Au niveau populationnel, les différentes analyses réalisées mettent globalement en évidence une différenciation et structuration génétique assez forte au sein du bassin versant.

**Les valeurs de Fst** montrent plusieurs différenciations (Tableau 4). Le Fertrupt (Fe) se différencie de toutes les autres stations. Les différents affluents montrent une différenciation entre eux. Seuls les deux échantillons situés plus en aval sur le cours principal se différencient peu des autres stations. Ceci peut s'expliquer par l'existence de flux de gènes par dévalaison d'individus entre les affluents et le cours principal.

	LAm	LM	LA	RA	Fe	GSB	Ro	Pro	GR	ROM	PG	POB
LM	0,046											
LA	0,060	0,013										
RA	0,053	0,028	0,056									
Fe	0,109	0,094	0,098	0,126								
GSB	0,131	0,071	0,060	0,098	0,154							
Ro	0,099	0,082	0,079	0,100	0,168	0,146						
Pro	0,078	0,040	0,039	0,065	0,134	0,101	0,106					
GR	0,102	0,069	0,072	0,102	0,174	0,135	0,122	0,104				
ROM	0,087	0,048	0,050	0,079	0,143	0,097	0,117	0,073	0,106			
PG	0,192	0,111	0,082	0,155	0,219	0,097	0,197	0,130	0,196	0,124		
POB	0,089	0,062	0,050	0,080	0,167	0,124	0,102	0,089	0,095	0,080	0,149	
PVT	0,105	0,059	0,038	0,083	0,167	0,088	0,112	0,089	0,104	0,092	0,100	0,029

Tableau 4 : Valeurs de Fst par paires (Nei, 1987) sur les 10 stations étudiées et les 3 origines de pisciculture.

La recherche d'une structuration génétique à l'aide d'une démarche hiérarchique par DAPC permet de révéler la forte structuration qui existe au sein du bassin (Figure 9). Progressivement

plusieurs affluents s'isolent les uns des autres en particulier le Fertruport, le Goutte St-Blaise, le Grand Rombach et le Robinot.

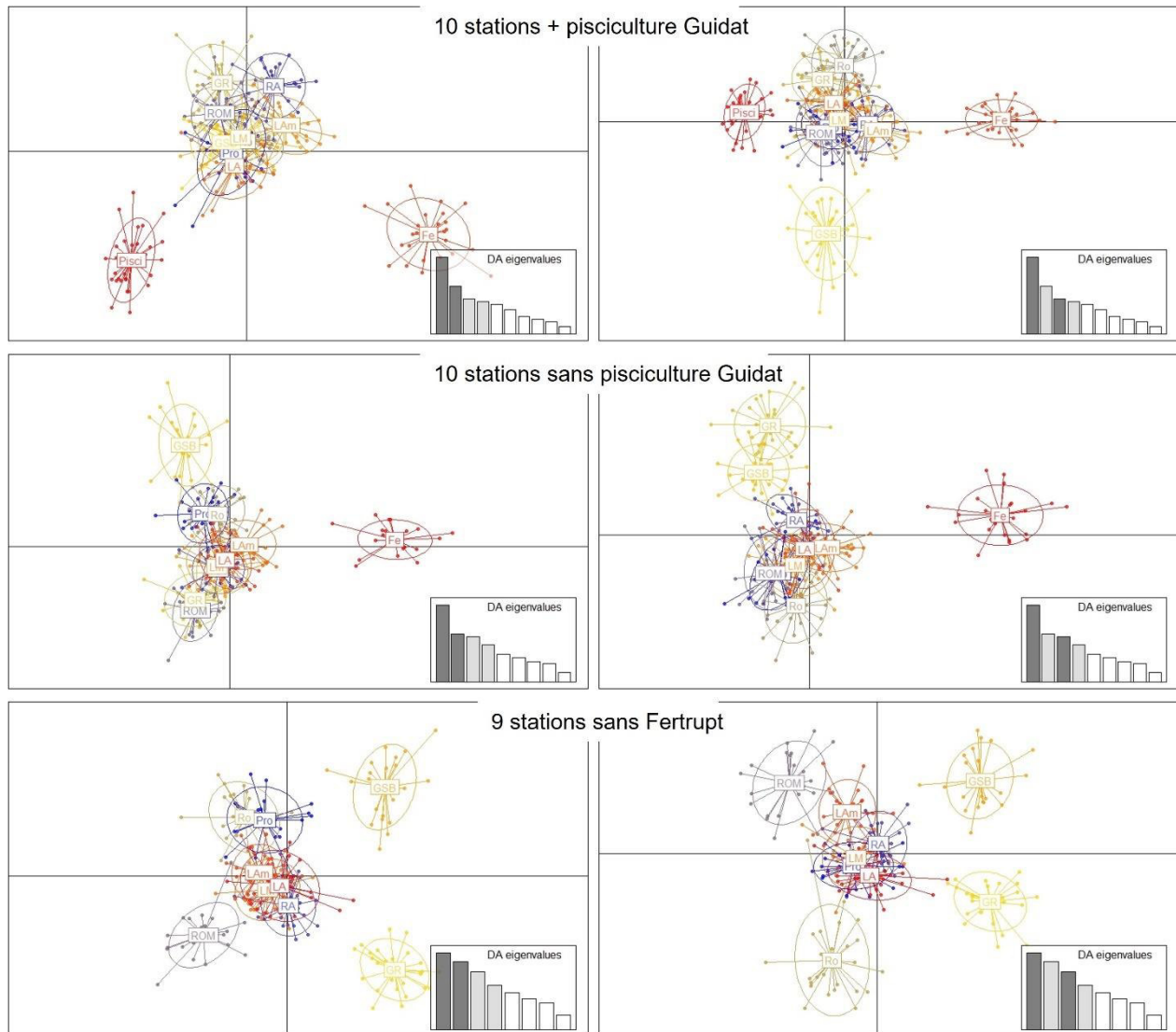


Figure 9 : Démarche hiérarchique par Analyse Discriminante des Composantes Principales.

Enfin, la recherche du nombre de cluster le plus probable dans la population passe de deux à 6 lorsqu'on supprime de l'analyse la pisciculture Guidat (Figure 10).

Chacun des 4 affluents suivant forme un cluster à lui seul : le Fertruport, Le Goutte St Blaise, le Grand Rombach et le Robinot. On trouve un cluster amont regroupant les individus du cours principal amont et du Rauenthal et un cluster aval regroupant les affluents du cours principal amont et du Rombach.

Sur le Petit Rombach, les individus sont assignés pour partie au cluster amont et pour partie au cluster aval.

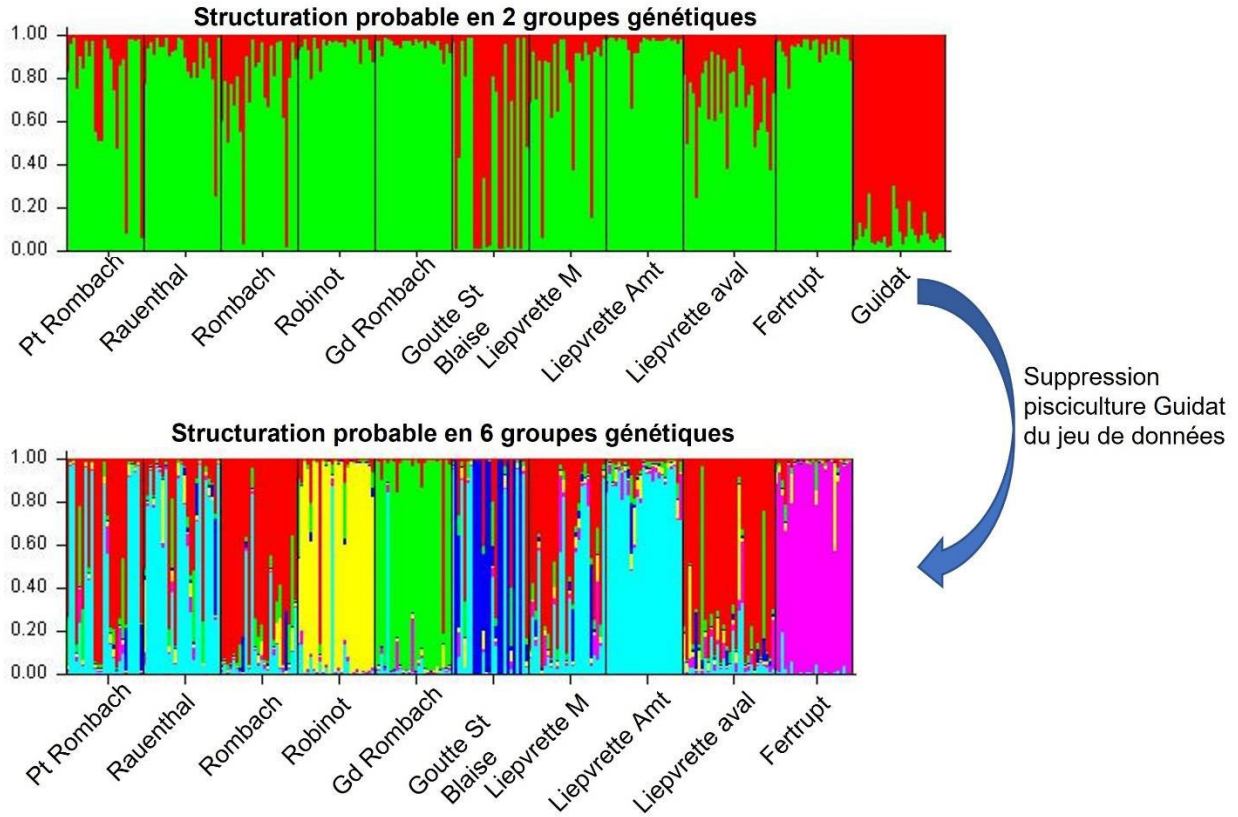


Figure 10 : Recherche de la structuration génétique la plus probable par analyse hiérarchique sous STRUCTURE.

La figure 11 présente la structuration génétique au niveau spatial en proposant un schéma plus visuel des isoléments de populations obtenus.

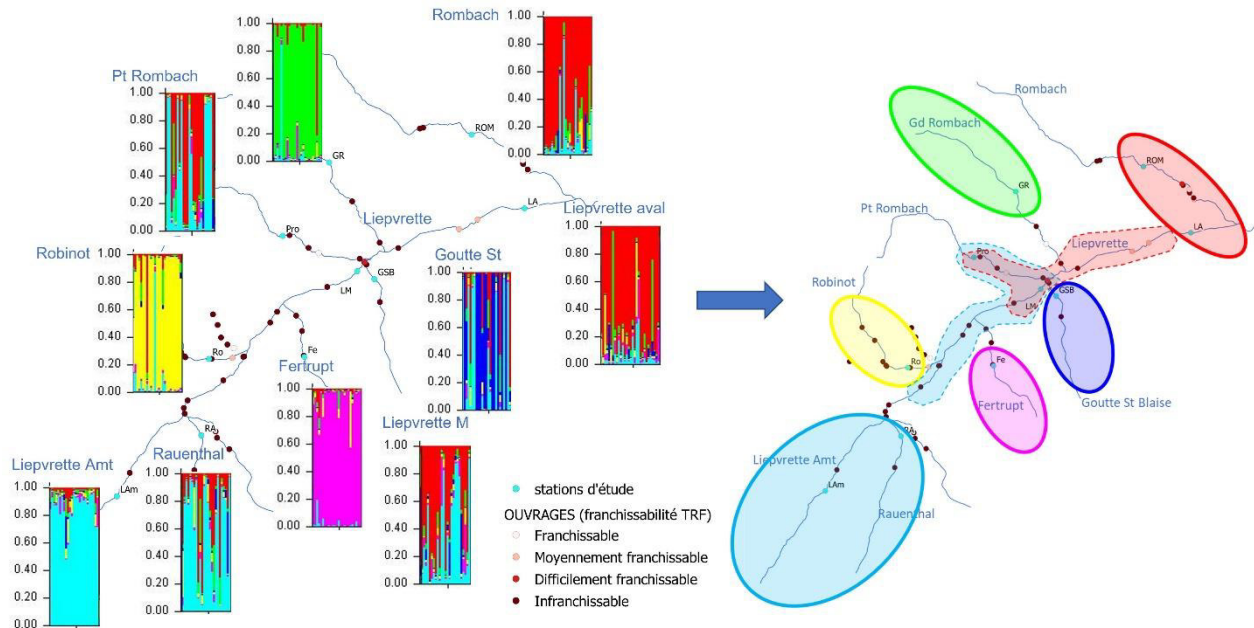


Figure 11 : Représentation spatiale de la structuration génétique obtenue au sein du bassin de la Liepvette.

### 3.5 STRUCTURATION INTER-BASSIN ENTRE LA LIEPVRETTE ET LA THUR

La comparaison de la Liepvrette avec la Thur qui a été étudiée en 2019, montre que ces deux populations se distinguent très clairement et doivent donc être considérés comme deux entités de gestion différentes (Figure 12).

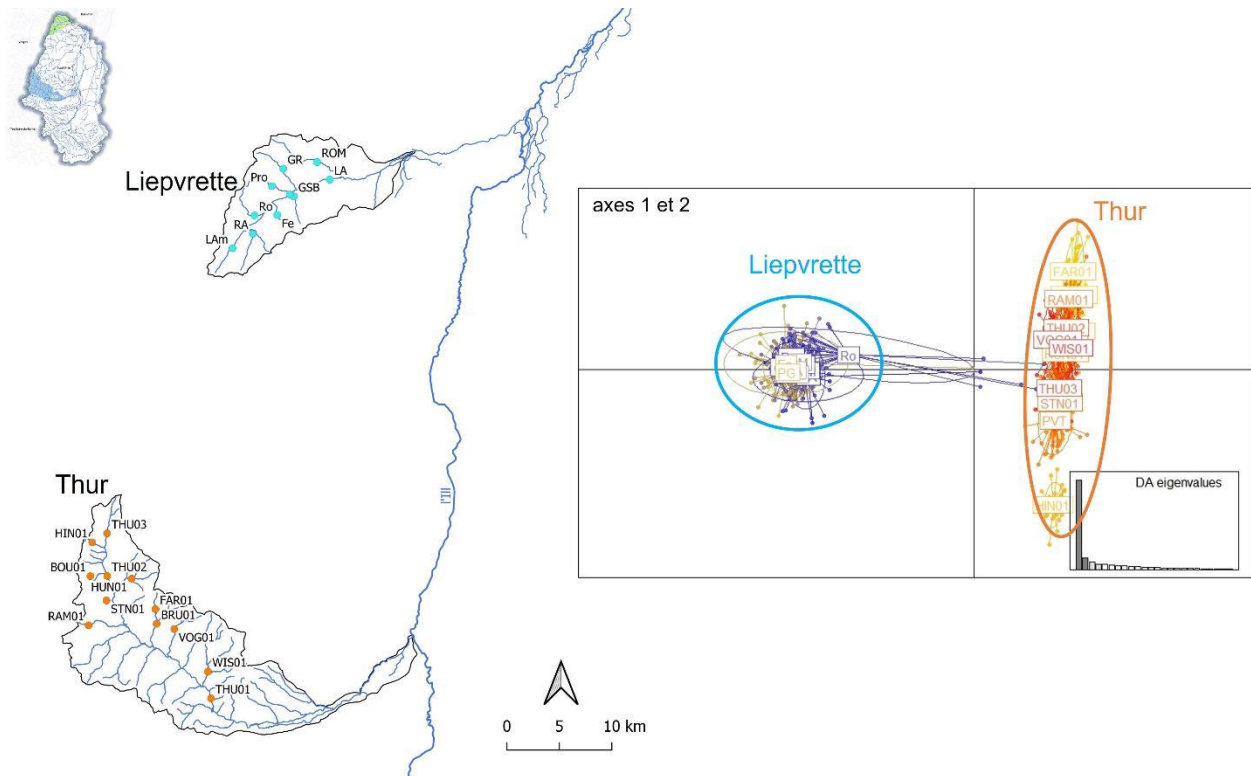


Figure 12 : Localisation des deux bassins et résultats de l'Analyse Discriminante des Composantes Principales avec les 22 stations correspondantes.

## 4 SYNTHÈSE

**Les Tailles efficaces** sont convenables sur la Liepvrette aval et médian en rapport certainement avec une abondance de truites plus élevée et/ou des flux d'individus plus importants sur le cours principal venant à la fois de l'amont et de l'aval.

Par contre, les tailles efficaces apparaissent faibles à très faibles sur les affluents en particulier sur le Fertrupt, le Goutte St-Blaise, le Petit et le Grand Rombach. Ces résultats indiquent une situation de faible abondance de géniteurs efficaces et d'isolement des populations. Ce résultat se confirme par l'étude des fraternités et aussi par l'analyse de la structuration.

**Les comparaisons avec les souches de piscicultures** étudiés montrent une forte divergence avec les piscicultures Obenheim et Thur. On ne trouve aucune empreinte de ces souches de repeuplements dans les populations de la Liepvrette.



On observe globalement une forte divergence génétique entre l'ensemble des populations de la Liepvrette et la pisciculture Guidat, sauf pour la Goutte St-Blaise où on retrouve une forte proportion d'individus qui sont assignés au même cluster que la pisciculture Guidat.

Sur les autres stations, seuls 4 individus échantillonnés en rivière peuvent être assignés avec certitude à la pisciculture Guidat (2 sur le Petit Rombach, 1 sur le Rombach et 1 sur Liepvrette médian).

**L'analyse de la structuration** permet de dégager 6 clusters génétiques qui confirment un fort isolement avec une absence totale de flux de gènes sur 3 affluents : Grand Rombach, Fertrupt et Robinot.

Un isolement géographique est présent à la fois sur l'amont du bassin regroupant la Liepvrette amont et le Rauenthal et sur l'aval regroupant la Liepvrette aval et le Rombach.

La Liepvrette médian et le Petit Rombach présente un mélange des deux clusters certainement maintenus par des flux de gène depuis l'amont et l'aval.

La Goutte St Blaise présente une situation singulière avec quelques individus assignés au cluster amont et une majorité d'individus assigné à la pisciculture Guidat.

**La comparaison entre la Liepvrette et la Thur** montre une forte divergence entre les deux bassins montrant qu'il s'agit bien de deux entités génétiques différentes.

## 5 REFERENCES

Cavalli-Sforza, L. L., & Edwards, A. W. (1967). Phylogenetic analysis. Models and estimation procedures. *American journal of human genetics*, 19(3.1), 233.

Earl, D. A. (2012). BM vonHoldt. *STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method*, *Conserv. Genet. Resour*, 4(2), 359-361.

Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620.

Hansen, M. M., Nielsen, E. E., & Mensberg, K. L. (1997). The problem of sampling families rather than populations: relatedness among individuals in samples of juvenile brown trout *Salmo trutta* L. *Molecular Ecology*, 6(5), 469-474.

Jombart, T. (2008). adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24, 1403-1405.

Jombart, T., Devillard, S. & Balloux, F. (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11, 94.

Jones, O. R., & Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular ecology resources*, 10(3), 551-555.

Nei, M., (1987). Genetic distance between populations. In *Molecular Evolutionary Genetics* (pp. 208-253). Columbia University Press

Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959.

Saint-Pé, K., Leitwein, M., Tissot, L., Poulet, N., Guinand, B., Berrebi, P., Marselli, G., Lascaux, JM., Gagnaire, PA., & Blanchet, S. (2019). Development of a large SNPs resource and a low-density SNP array for brown trout (*Salmo trutta*) population genetics. *BMC Genomics*, 20, 582.

Wright, S. (1969). *Evolution and the Genetics of Populations. VOL 2. The Theory of Gene Frequencies.* University of Chicago Press, Chicago