HAL
open science

Les populations de truites de la Garonne (affluents girondins) et de la Leyre : génétique et scalimétrie

Joëlle Chat, Marin Tetillon, Aurélie Manicki, Francois Gueraud, Olivier Lepais

To cite this version:

Joëlle Chat, Marin Tetillon, Aurélie Manicki, Francois Gueraud, Olivier Lepais. Les populations de truites de la Garonne (affluents girondins) et de la Leyre : génétique et scalimétrie. [Contrat] Fédération Départementale des Associations Agréées de Pêche et de Protection du Milieu Aquatique de la Gironde. 2018, 14 p. + annexes. hal-02025839

HAL Id: hal-02025839

https://hal.science/hal-02025839v1

Submitted on 19 Feb 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

Les populations de truites

de la Garonne (affluents girondins) et de la Leyre : génétique et scalimétrie

Rapport 2018

Joëlle Chat, Marin Tétillon, Aurélie Manicki, François Guéraud & Olivier Lepais

CC BY

Contexte

Dans le cadre de son Plan Départemental pour la Protection des milieux aquatiques (PDPG), la Fédération des AAPPMAs de la Gironde a lancé deux actions prioritaires : améliorer sa connaissance des milieux et de la faune piscicole et mettre en cohérence la gestion piscicole locale avec le PDPG. Dans le but de récolter de nouveaux éléments de connaissance concernant la faune piscicole présente sur son territoire, la Fédération des AAPPMAs de la Gironde a souhaité s'associer avec l'INRA (UMR 1224 ECOBIOP de St Pée sur Nivelle) qui bénéficie d'une expertise reconnue sur les populations de salmonidés.

L'objectif de cette étude est de préciser l'origine (sauvage ou domestique) des truites échantillonnées par pêches électriques dans les petits cours d'eau girondins en s'appuyant sur des analyses génétiques et scalimétriques.

Les échantillons

Les échantillons de truite (*Salmo trutta*) prélevés et rassemblés par la Fédération de Pêche 33 en 2016 et 2017 ont été fournis à l'INRA en 2018. Le lot 1 était composé de 107 truitelles (Longueur <20cm) et le lot 2 de 17 truites (Longueur >20cm). Elles ont toutes été capturées dans le milieu naturel à l'occasion de pêches électriques réalisées sur les affluents aval de la Garonne (Saucats, Gât mort, Barbouse et Ciron) et sur la Leyre. La liste des échantillons est fournie en **Annexe 1**. L'origine géographique des truites capturées dans le milieu naturel est indiquée dans l'**Annexe 2**.

Deux piscicultures de repeuplement ont également été échantillonnées par la Fédération de Pêche de la Gironde lors d'une campagne précédente : la pisciculture Delataillade, située sur le bassin du Ciron à Allons (47420) et appartenant à M. Delataillade, et la pisciculture Villement, située à Ruelle sur Touvre (16600) et appartenant à M. Bellet. Les échantillons de ces piscicultures ont été fournis lors de la première étude (Rapport 2015). Dans la suite du document, ces deux piscicultures seront parfois désignées sous le nom de PiscD et PiscB pour alléger le texte. Par ailleurs, nous adopterons le terme générique de "truites domestiques" pour désigner les souches de pisciculture, passées et actuelles, utilisées localement pour le soutien aux populations de la Garonne ou de la Leyre ; il déborde possiblement le panel des six piscicultures sélectionnées pour cette étude.

Les échantillons de la Fédération de Pêche 33 ont été livrés sous la forme de fragments de nageoire, conservés dans des tubes remplis d'éthanol absolu fournis par l'INRA, accompagnés pour la plupart des individus par une pochette d'écaille.

Cet échantillonnage a été complété par d'autres échantillons de truite commune tirés d'une collection détenue par l'INRA (Masson et al. 2018). Le nombre d'échantillons représentatifs de chaque bassin dans la matrice des génotypes est indiqué entre parenthèses.

CC BY

Etaient représentés :

- le bassin de la Garonne avec :
  - la Neste d'Aure (31 juvéniles échantillonnés sur des pêches organisées par la Fédération de Pêche 65 et ECOGEA),
  - la Garonne (24 smolts dévalant capturés au barrage de Pointis-de-Rivière par MIGADO),
  - l'Arize à La Bastide de Sérou en Ariège (13 juvéniles échantillonnés par la Fédération de Pêche de l'Ariège),
  - l'Arn au moulin de Vergougnac (8 juvéniles échantillonnés par la Fédération de Pêche du Tarn) ;

- au Sud,
  - le bassin de la Leyre (14 truites échantillonnées grâce à la collaboration du Parc Naturel régional des Landes et de MIGADO),
  - le bassin de l'Adour et les côtiers basques (120 truites au total échantillonnées grâce à la collaboration de la Fédération de Pêche 64 et 65; MIGRADOUR et l'INRA, puis tirées au sort à raison de 30 individus par bassin) ;
- au Nord,
  - les bassins de la Loire (11),
  - de la Sèvre Niortaise (10),
  - de la Charente (21),
  - de la Dordogne (19), échantillonnés grâce à des pêches AFB (ONEMA).
- enfin, quatre piscicultures de repeuplement opérant sur le sud-ouest ont été intégrées en complément des deux piscicultures déjà mentionnées (une trentaine d'individus par pisciculture, échantillonnés par l'INRA ou la Fédération de Pêche 64).

CC BY

Partie 1 : scalimétrie

Ce qui a été fait :

Les écailles de 108 poissons, 92 poissons du lot 1 et 16 du lot 2, ont été nettoyées, montées, scannées et lues quand la qualité des écailles le permettait. L'estimation de l'âge du poisson s'est appuyée sur l'observation de l'écaille mais également sur les informations biométriques (taille et poids à la date de la capture) fournies par la Fédération de Pêche de la Gironde.

Quand les écailles disponibles étaient toutes régénérées (reconstituée *de novo* après une perte accidentelle), il n'a pas été possible de déterminer l'âge. Ce fut le cas pour quatre poissons (STPE1115-2547 du lot 1 et STPE1115-3256, STPE1115-2662 et STPE1115-2687 du lot 2). Dans la majorité des cas, les écailles disponibles ont permis de donner un âge au poisson (cf. **Annexe 1**). Sur certaines écailles, un doute persiste sur l'âge véritable et deux hypothèses mutuellement exclusives ont été conservées (hypothèse 1 plus vraisemblable que hypothèse 2). Ainsi, pour quinze des 107 truites du lot 1 dont douze capturées sur l'Hount Sorgente, on a noté la présence d'un anneau à proximité du focus de l'écaille après un nombre inhabituellement faible de circuli (**Figure 1-B**). Compte tenu de la taille du poisson, cet anneau a finalement été considéré comme artefactuel (possiblement provoqué par un stress lié à l'environnement intervenu en milieu naturel ou en condition d'élevage) et n'a pas été retenu pour le calcul de l'âge, le poisson étant finalement considéré comme un jeune de l'année.

Sans surprise, les truitelles du lot 1 (Longueur <20cm) sont majoritairement des juvéniles de l'année (0+, 73 cas sur 91 écailles lues, **Figure 1-A**). On a attribué un an révolu et deux ans révolus à, respectivement, 11 et 7 truites de ce même lot. Aucun des poissons du lot 1 ne présentait de marque de fraie.

Sur le lot 2 (17 individus au total), on a identifié deux truites 1+, neuf truites 2+, une truite 3+ (**Figure 1-C**) et une truite 4+ (**Figure 1-D**). Il subsiste un doute pour une truite (1+ ou 2+). Une seule des truites présentait une marques de fraie (**Figure 1-D**), il s'agit d'une truite de quatre ans révolus (STPE115-2683) de taille supérieure à 35 cm, capturée sur un des affluents de la Leyre et portant les marques d'une reproduction lors de sa deuxième année. Il est à noter cependant que les écailles étaient absentes chez trois truites parmi les plus grandes (taille de 276, 315 et 212 mm).

Nos déductions :

Parmi les échantillons que nous avons eu à analyser, une seule truite témoigne par l'écaille d'une participation effective à la reproduction (marque de frai). Cependant, cette observation est à mettre en perspective avec les critères de sélection retenus par la Fédération de Pêche de la Gironde lors du choix des individus à analyser et à nuancer en fonction des résultats de l'étude génétique, notamment l'identification des fratries (*cf. infra*).

CC BY

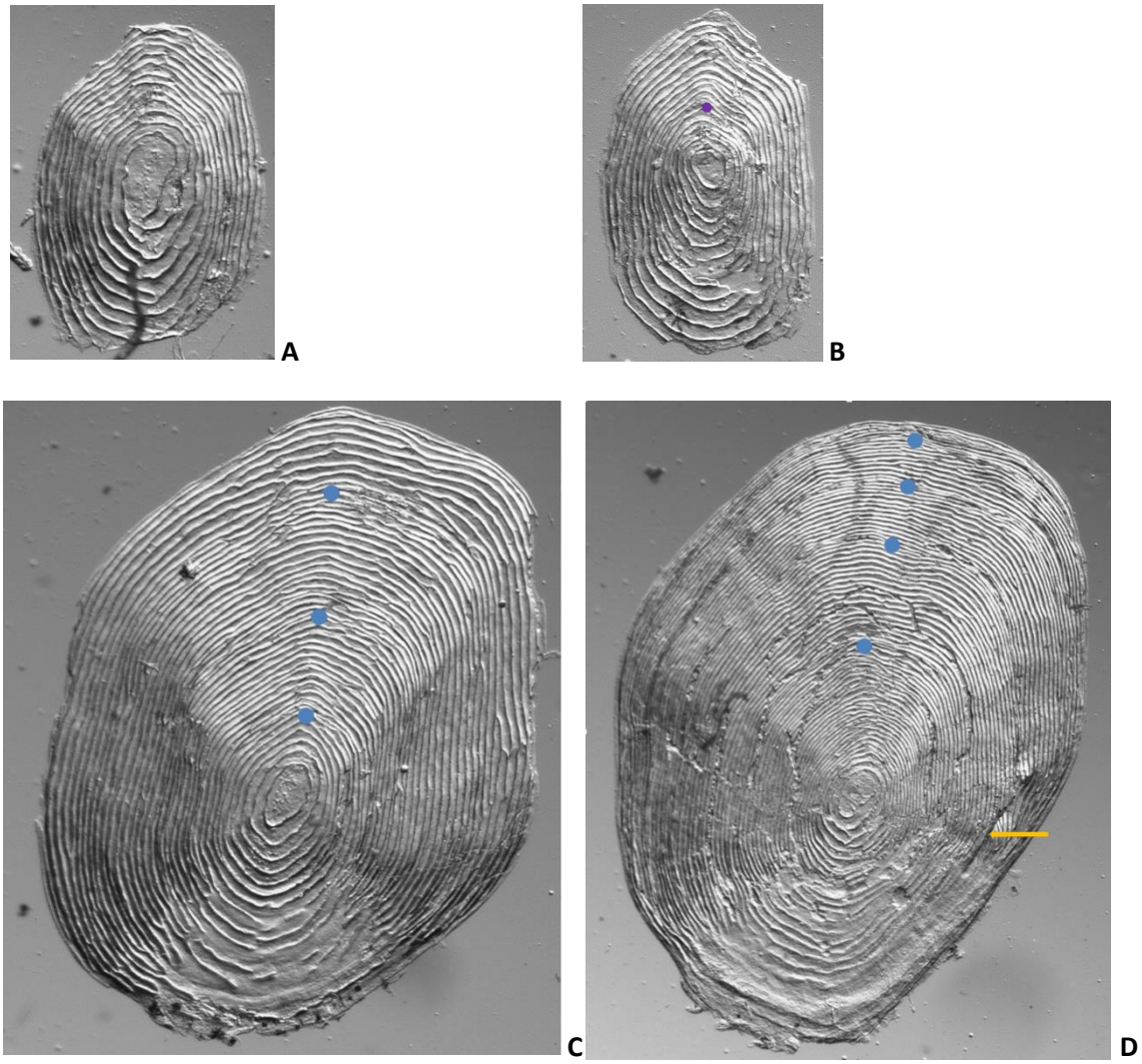

Figure 1 : Ecaille annotées. **A** : juvénile de l'année sans anneau hivernal, **B** : juvénile de l'année avec anneau surnuméraire (point violet), **C** : STPE115-3249 (longueur 271 mm et poids 204 g) avec trois anneaux hivernaux (point bleus), **D** : STPE115-2683 (longueur 368 mm et poids 425 g) avec quatre anneaux hivernaux (point bleus) et une marque de fraie (flèche orange).

CC BY

Partie 2 : génétique

Les génotypages

Après extraction de l'ADN, les génotypes des individus ont été examinés au niveau de 10 régions réparties sur le génome et réputées très variables : les microsatellites.

Les marqueurs sont initialement amplifiés par PCR avec le kit Type-it Microsatellite PCR Kit (QIAGEN) au sein de deux multiplexes mis au point par notre laboratoire (**Tableau I**). Les volumes réactionnels des deux multiplexes sont ensuite mélangés. Les fragments amplifiés sont alors séparés en fonction de leur taille à l'aide d'un séquenceur multicapillaire ABI (Life Technologies). Les génotypes (tailles d'allèles en paires de bases) sont attribués à l'aide du logiciel STRAND (Toonen and Hughes 2001) et vérifiés sous R à l'aide du package MSATALLELE (Alberto 2009).

Multiplex Marqueur (Référence)	Groupe de liaison	Programme PCR
Multiplex 1		
Ssa85 (O'Reilly et al. 1996)	4	Activation : 5' à 95°C
Str73INRA (Presa and Guyomard 1996)	27	Amplification : 35 cycles
Ssa410Uos (Cairney, Taggart and HØyheim 2000)	inconnu	30" à 95 °C
Ssa408Uos (Cairney et al. 2000)	13	90" à 57°C
MST60 (Presa and Guyomard 1996)	10	30" à 72°C
Str541 (Estoup et al. 1996)	2	Elongation finale : 30' à 60°C
SsaD71 (King, Eackles and Letcher 2005)	inconnu	
OmyFGT2TUF (Sakamoto, Okamoto and Ikeda 1994)	28	
Multiplex 2		
SSOSL438 (Slettan, Olsaker and Lie 1996)	13	idem
Str543 (Presa and Guyomard 1996)	17	

Tableau I : Liste des marqueurs génétiques utilisés et protocole d'amplification.

L'extraction de l'ADN a été effectuée sur la totalité des 124 individus remis par la Fédération de Pêche de la Gironde entre 2016 et 2017. Cependant, 4 individus ont été écartés de l'étude génétique *in silico* en raison d'un trop grand nombre de données manquantes (plus de 8 loci manquants sur les 10 que compte l'étude). Il s'agit de STP-E-1115-2700, STP-E-1115-3150, STP-E-1115-3162, STP-E-1115-3163.

La détection des familles de plein-frères

Ce qui a été fait :

Nous avons utilisé le logiciel COLONY pour repérer les fratries (plein-frères) au sein des individus. Trois analyses successives ont été réalisées pour s'assurer de la convergence des résultats. Seules sont

CC BY

listées ici les fratries repérées au sein des échantillons livrés par la Fédération de Pêche de la Gironde en 2016 et 2017 (d'où une incohérence qui n'est qu'apparente avec les chiffres indiqués dans la colonne N_{FS} de l'**Annexe 3** où les effectifs sont plus importants). Pour les fratries décrites ci-dessous, seuls les frères-sœurs identifiés comme tels sur au moins deux des trois analyses répétées sont mentionnés.

Nos déductions :

Quinze familles de plein-frères ont été identifiées au sein des échantillons transmis par la Fédération de Pêche de la Gironde en 2016-2017:

Bassin de la Leyre :

Famille 1 (Dubern ou esclaures, station DUBERN_05) : STP-E-1115-2658, STP-E-1115-2660, STP-E-1115-2665, STP-E-1115-2666, STP-E-1115-2667

Famille 2 (Dubern ou esclaures, station DUBERN_05) : STP-E-1115-2668, STP-E-1115-2669, STP-E-1115-2670

Famille 3 (Ruisseau du Lassieux, station LASS_01) : STP-E-1115-2661, STP-E-1115-2676

Famille 4 (Ruisseau du Lassieux, station LASS_01) : STP-E-1115-2677, STP-E-1115-2678, STP-E-1115-2679

Famille 5 (Ruisseau du Bouron, station BOURON_03) : STP-E-1115-2681, STP-E-1115-2682,

Bassin du Gât mort :

Famille 6 (station GATMORT_06): STP-E-1115-3139, STP-E-1115-3140,

Bassin de la Barbouse :

Famille 7 (station BARBOUSE_03 et _06) : STP-E-1115-2550, STP-E-1115-2653, STP-E-1115-2654, STP-E-1115-2656, STP-E-1115-3134, STP-E-1115-3135, STP-E-1115-3136

Famille 8 (station BARBOUSE_03 et _06) : STP-E-1115-2652, STP-E-1115-2655, STP-E-1115-2657, STP-E-1115-3161

Famille 9 (station BARBOUSE_07) : STP-E-1115-3128, STP-E-1115-3130, STP-E-1115-3131

Famille 10 (station BARBOUSE_07) : STP-E-1115-3126, STP-E-1115-3127

Famille 11 (station BARBOUSE_07) : STP-E-1115-3129, STP-E-1115-3132,

Bassin du Ciron :

Famille 12 (station CIRON_05) : STP-E-1115-2545, STP-E-1115-2692

Famille 13 (station ORIGNE_01) : STP-E-1115-3164, STP-E-1115-3166, STP-E-1115-3167

Famille 14 (station CIRON_05) : STP-E-1115-3172, STP-E-1115-3175, STP-E-1115-3176, STP-E-1115-3178, STP-E-1115-3180, STP-E-1115-3181, STP-E-1115-3182, STP-E-1115-3183, STP-E-1115-3184

Famille 15 (station CIRON_05) : STP-E-1115-3173, STP-E-1115-3179,

L'identification des familles est cohérente avec le lieu de capture et l'âge des membres de la fratrie. Tous les membres d'une même famille ont été capturés à proximité les uns des autres : deux familles au lieu-dit du Moulin de Debat et deux autres à Argilas sur le bassin de la Leyre, une famille au niveau du seuil de Lusié sur le bassin du Gât mort, deux familles au niveau du pont de l'autoroute A62 et 3 familles au lieu-dit du Pas bordelais sur le bassin de la Barbouse, trois familles au voisinage de la papeterie Castelnau et une famille au pied du moulin d'Origne sur le bassin du Ciron. Pour autant

CC BY

que l'on puisse en juger lorsque les écailles étaient fournies, toutes les familles sont composées d'individus de la même cohorte, tous juvéniles de l'année sauf la famille 14 qui n'englobe que des individus 1+ (lecture des écailles de cinq des neufs membres de la famille).

Le Saucats n'a pas fait l'objet d'une recherche de fratrie car l'effectif était insuffisant.

Au final, la présence de fratries géographiquement localisée parmi les juvéniles indique que des évènements de reproduction ont lieu sur les trois affluents aval de la Garonne que sont le Gât mort, la Barbouse et le Ciron ainsi que sur la Leyre. Ces cours d'eau sont donc fréquentés par des géniteurs des deux sexes au moins à l'époque de la fraie.

Pour la suite des analyses génétiques, nous n'avons gardé qu'un membre de chaque famille choisi au hasard pour ne pas biaiser ou bruiter le signal « populationnel » par un signal familial.

La diversité génétique

Ce qui a été fait :

Nous avons utilisé les logiciels FSTAT, GENEPOP et GENETIX pour calculer divers indices de diversité :

- la diversité allélique (Â), correspondant au nombre moyen d'allèles observés par locus dans chaque échantillon,
- la richesse allélique(Ar), témoignant de la diversité allélique de chaque échantillon en s'affranchissant des différences d'effectifs,
- l'hétérozygotie observée (Ho) au sein de chaque échantillon
- l'hétérozygotie attendue (He) de chaque échantillon dans le cas théorique d'une population idéale où les croisements se font aléatoirement (loi de Hardy-Weinberg).
- l'indice de fixation (Fis) de chaque échantillon avec son intervalle de confiance, qui traduit un excès (valeur négative) ou un déficit (valeur positive) d'hétérozygotes par rapport à une population théorique idéale.

Le calcul a porté sur l'ensemble des individus, plein-frères exclus, sauf pour les deux échantillons de pisciculture qui ont été conservés intégralement.

Nos déductions :

Les résultats complets sont donnés en **Annexe 3**. Trois échantillons s'écartent significativement de la population théorique idéale avec, les deux échantillons de l'Ariège (rivière Arize) et de la pisciculture B avec un excès d'hétérozygotes et la population de la Leyre avec un déficit d'hétérozygote. Pour le bassin de la Garonne, nous pouvons donc conclure qu'il y a un brassage génétique correct au sein des populations de truites échantillonnées par la Fédération de Pêche de la Gironde sur les affluents girondins de la Garonne (Gât mort, Barbouse et Ciron). Concernant la Leyre, la faible valeur de l'indice de fixation F_{IS} résulte surement d'une forte consanguinité (croisements entre individus apparentés), comme en témoignent par ailleurs le nombre de fratries identifiées, possiblement renforcée par une situation de densité faible et d'habitat discontinu (populations en patchs).

CC BY

Les distances génétiques entre populations

Ce qui a été fait :

Nous avons calculé la distance génétique entre les populations à l'aide du logiciel POPULATIONS. Cette distance traduit la proximité génétique entre des groupes d'individus définis a priori. Dans notre présente étude, nous avons utilisé la distance D_C de Cavalli-Sforza and Edwards (1967) couplée à la méthode d'agrégation « Neighbor Joining ». Ici, l'appartenance au groupe a été déterminée en fonction du lieu de la capture (pisciculture, rivière ou bassin). On représente classiquement les distances génétiques par un « arbre » composé de « branches », la longueur de(s) branche(s) reliant deux entités étant proportionnelle à la distance génétique séparant ces entités. Pour tester la solidité des nœuds de l'arbre, on utilise une technique de ré-échantillonnage appelée « bootstrap » (dans le cas présent appliqué 100 fois) pour calculer le nombre de fois où le nœud apparait parmi les 100 arbres ainsi générés. Cette valeur de boostrap est indiquée sur l'arbre à proximité immédiate du nœud.

Nos déductions :

Globalement, l'arbre des distances (**Figure 2**) possède des branches peu solides (on considère classiquement qu'un nœud est solide lorsque la valeur du bootstrap dépasse 80%). L'arbre reconnait deux branches principales :

- une première branche située à droite de l'arbre sur laquelle se greffent, du nord au sud, la Loire, la Sèvre Niortaise, la Charente, la Dordogne et l'Arize ;
- une deuxième branche située à l'opposée sur laquelle se greffent les affluents avals de la Garonne, la Leyre, la Neste d'Aure ainsi que les deux souches domestiques.

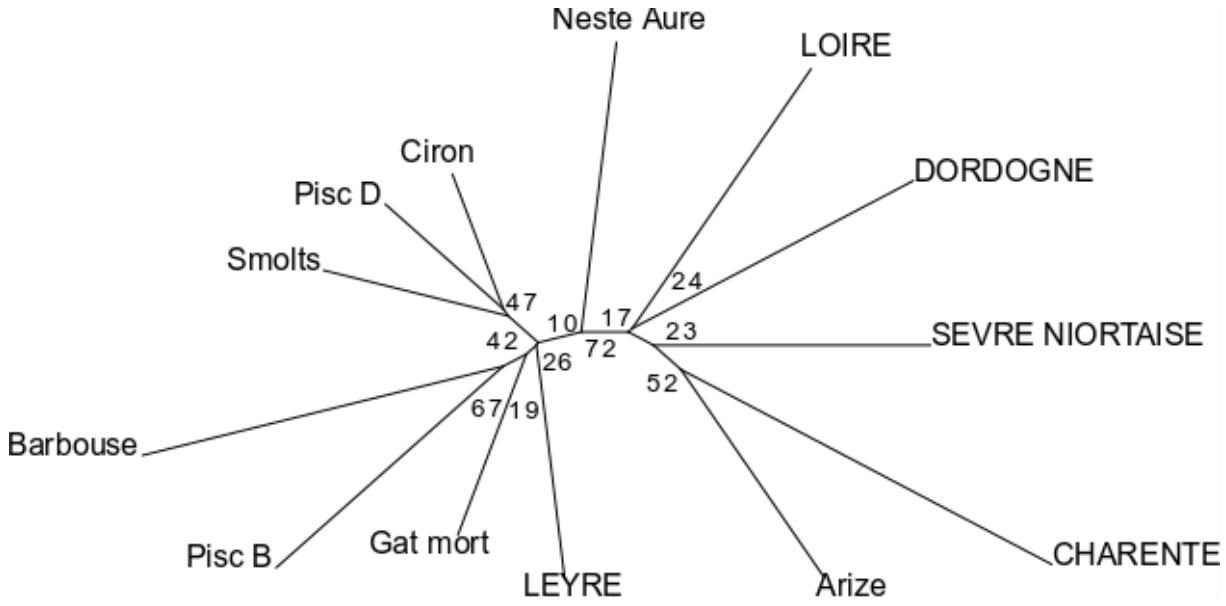

Figure 2 : Distances génétiques entre populations. Les nombres indiqués au cœur de l'arbre rendent comptent de la solidité des nœuds adjacents (échelle de 1 à 100).

CC BY

Comme lors de la précédente étude, tous les groupes sont relativement et uniformément distants les uns des autres, à l'exception de l'ensemble composé de la population du Ciron, des smolts dévalant de Pointis-de-Rivière et des géniteurs de la pisciculture Delataillade qui sont génétiquement plus proches les uns des autres qu'ils ne le sont des autres populations.

L'appartenance des individus à des populations

Ce qui a été fait :

Nous avons utilisé les génotypes de chaque individu échantillonné pour délimiter les populations en présence et assigner les individus échantillonnés à leur population d'origine. Pour ce faire, nous avons utilisé une méthode de « clustering » implémentée dans le logiciel STRUCTURE pour un nombre de K compris entre un et vingt, en réalisant cinq itérations pour chaque valeur de K. Contrairement au calcul des distances réalisé au chapitre précédent, l'analyse par « clustering » s'est faite en aveugle, aucune information géographique concernant l'origine des truites n'ayant été rentrée dans le logiciel préalablement à l'analyse. Des populations de l'Adour et de petits côtiers basques ont été ajoutées au jeu de données d'entrée de STRUCTURE afin de mieux contextualiser l'étude, notamment pour la zone méridionale.

Préambules :

- Le cluster correspond à une population au sens génétique du terme, c'est-à-dire un groupe d'individus qui se sont échangés des gènes pendant plusieurs générations (=se sont préférentiellement reproduits ensemble) de telle sorte que ses membres se ressemblent et se distinguent des membres des autres groupes par un assemblage de gènes qui leur est propre.
- Les truites échantillonnées ont été capturées à un endroit, ici un point du réseau hydrographique. Ce dernier est organisé en ruisseau, rivière, lacs, sous bassins, bassins… A chacun de ces niveaux et de ces milieux peut être associée une population de truites (au sens écologique du terme). Le contour de la population peut, ou pas, se superposer avec celui du cluster.
- STRUCTURE fournit des sorties graphiques en barre qui permettent de croiser l'échelle individuelle et populationnelle, de matérialiser l'appartenance d'un individu à un ou plusieurs clusters (=son ascendance) et donc d'identifier les éventuels hybrides et migrants au sein des populations. Une couleur distincte est attribuée à chaque cluster détecté. Chaque individu est représenté par une barre verticale colorée indiquant à quel(s) cluster(s) appartient l'individu. Sur l'exemple fictif de la **Figure 3**, l'individu 1 est assigné à hauteur de 80% au cluster bleu et de 20% au cluster vert alors que l'individu 2 est assigné à 100% au cluster rouge.

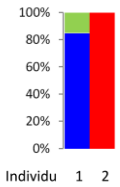

Figure 3 : Interprétation des sorties graphiques en barre du logiciel STRUCTURE.

CC BY

Nos déductions :

STRUCTURE estime que le nombre de clusters K le plus vraisemblable au vu des données est supérieur à 10 alors que la statistique delta K décrite par Evanno et al (2005) suggère K=4 comme le nombre optimal de clusters (**Figure 4**).

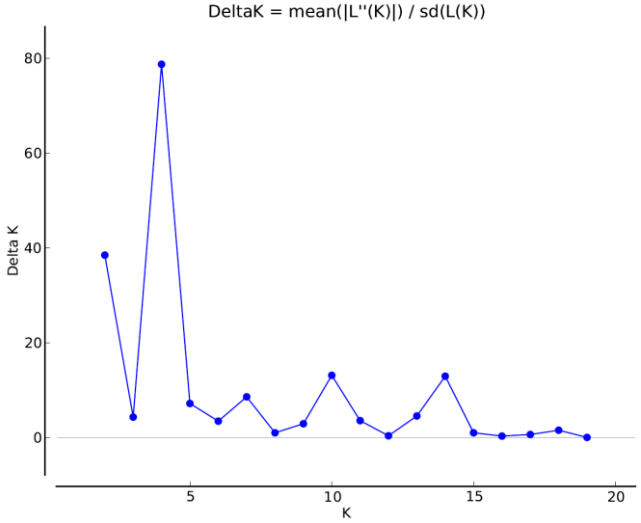

Figure 4 : Statistique Delta K sur l'intervalle [2;19].

Nous avons choisi de représenter ici deux niveaux de complexité, K=2 et K=8. Au-dessus de K=8, le gain d'information ne nous paraissait pas flagrant au regard de l'objectif de l'étude et risquait de masquer les grandes tendances.

L'objectif principal de cette étude était de pouvoir distinguer les truites indigènes des truites issues de repeuplement. En Gironde, les gestionnaires pratiquent des repeuplements à partir des **souches Bellet** et **Delataillade**. Le grain correspondant à K=2 (première dichotomie révélée par STRUCTURE) est pertinent pour répondre à la question posée par la Fédération de Pêche de la Gironde (**Figure 5).**

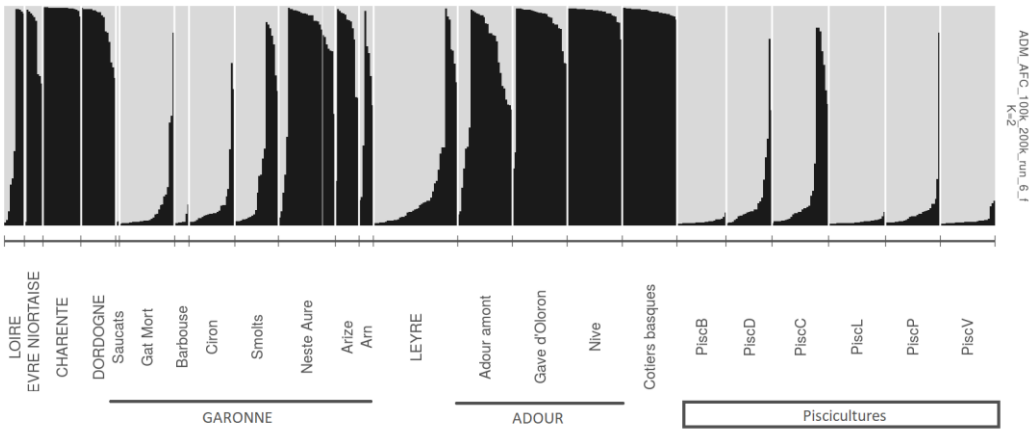

Figure 5 : Résultats de l'analyse génétique réalisée par STRUCTURE sur la base de 2 clusters. Les individus capturés par pêche électrique sont regroupés par rivière puis par grand bassin hydrographique, les individus domestiques par pisciculture. A l'intérieur de ces groupes, les individus sont ordonnés en fonction de leur probabilité d'appartenance à l'un ou l'autre des clusters (paramètre Q).

CC BY

Le cluster gris est omniprésent au sein des six souches domestiques. A l'opposé, les populations de truites réputées en bonne santé (par exemple Gaves et Nive sur l'Adour, Nivelle, Neste d'Aure sur la Garonne) appartiennent au cluster noir. A quelques exceptions près, les truites des affluents de la Garonne en partie aval (Saucats, Gât mort, Barbouse, Ciron) et de la Leyre sont toutes d'ascendance domestique.

Le grain correspondant à K=8 permet d'affiner la réponse. Sur l'arbre des distances (**Figure 6**), on distingue :

- les clusters 1 et 8 de couleur verte présents au nord de notre site d'étude : bassins de la Loire, de la Sèvre Niortaise et, dans une moindre mesure, de la Dordogne, et au sud : amont des bassins de la Garonne et de l'Adour ;
- le cluster 4 de couleur bleue présent sur les côtiers basques, la Nive et le Gave d'Oloron ;
- les clusters 2, 3, 6 et 7, respectivement de couleur rouge, mauve, orange et rose, présents chez les populations domestiques mais également en mélange chez les sauvages capturées sur les affluents girondins de la Garonne et, dans une moindre mesure, de la Leyre ;
- le cluster 5 de couleur chair, présent surtout chez les truites de la Leyre, mais peu distants des clusters domestiques 3 et 7.

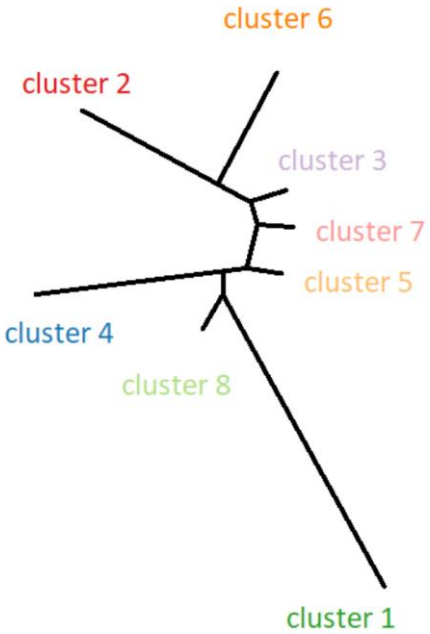

Figure 6 : Arbre des distances entre les huit premiers clusters identifiés par STRUCTURE.

L'assignation individuelle pour k=8 (**Figure 7**) permet de distinguer nettement quatre clusters au sein des souches domestiques de notre panel. Ces quatre clusters sont également largement présents chez les truites capturées sur les affluents aval de la Garonne. Pour les truites échantillonnées sur ces cours d'eau, les assignations à l'échelle individuelle (**Annexe 4**) témoignent d'un patron très lié à la rivière et au site de pêche. Il est probable que les structures locales en charge de la gestion piscicole

CC BY

des cours d'eau girondins s'approvisionnent ou se sont approvisionnées auprès de différentes piscicultures pour mener à bien leurs opérations de repeuplement.

Le cas de la Leyre est plus complexe. Pour la Leyre, le cluster majoritaire est le cluster 5, peu présent chez les souches domestiques de notre panel mais présent de manière significative chez les truites du bassin de la Dordogne. La proximité génétique entre la Leyre et la Dordogne ne se vérifie cependant pas sur toutes les simulations obtenues avec STRUCTURE, plusieurs autres simulations assignent les individus de la Leyre à un cluster qui lui est propre. Le fait que l'embouchure de la Leyre se situe au fond du Bassin d'Arcachon, une zone sous influence maritime soumise à de forts courants, doit probablement limiter les flux géniques entre la Leyre et les fleuves voisins situés au sud comme au nord. Au vu des informations dont nous disposons aujourd'hui, l'hypothèse la plus parcimonieuse serait que la Leyre ait bénéficié d'un soutien aux populations à l'aide d'une souche de pisciculture que nous n'aurions pas échantillonnée.

En résumé, **pour les truites capturées sur les affluents girondins de la Garonne (Saucats, Gât mort, Barbouse et Ciron**), il existe des indices convergents en faveur d'une **origine domestique**. Certaines d'entre elles portent la signature marquée de l'une des deux piscicultures Bellet (Barbouse, Gât mort) ou Delataillade (Barbouse, Ciron) mais il est probable que des repeuplements impliquant au moins une troisième pisciculture aient également eu lieu. Hormis pour le Saucats sur lequel nous ne pouvons nous prononcer en raison d'un effectif trop faible, nous avons relevé des évènements de reproduction sur l'ensemble des bassins cibles de l'étude, ce qui prouve qu'ils hébergent des géniteurs d'ascendance domestique en âge de se reproduire et que ces géniteurs contribuent effectivement au renouvellement des populations. Pour **les truites de la Leyre**, les résultats sont plus ambigus : il est vraisemblable que les truites de ce bassin soient d'ascendance domestique. Il semble néanmoins qu'un brassage génétique se soit opéré, possiblement accompagné par de possibles effets de fondation, dérive ou sélection, ayant conduit ultérieurement la population de truites de la Leyre à se différentier.

CC BY

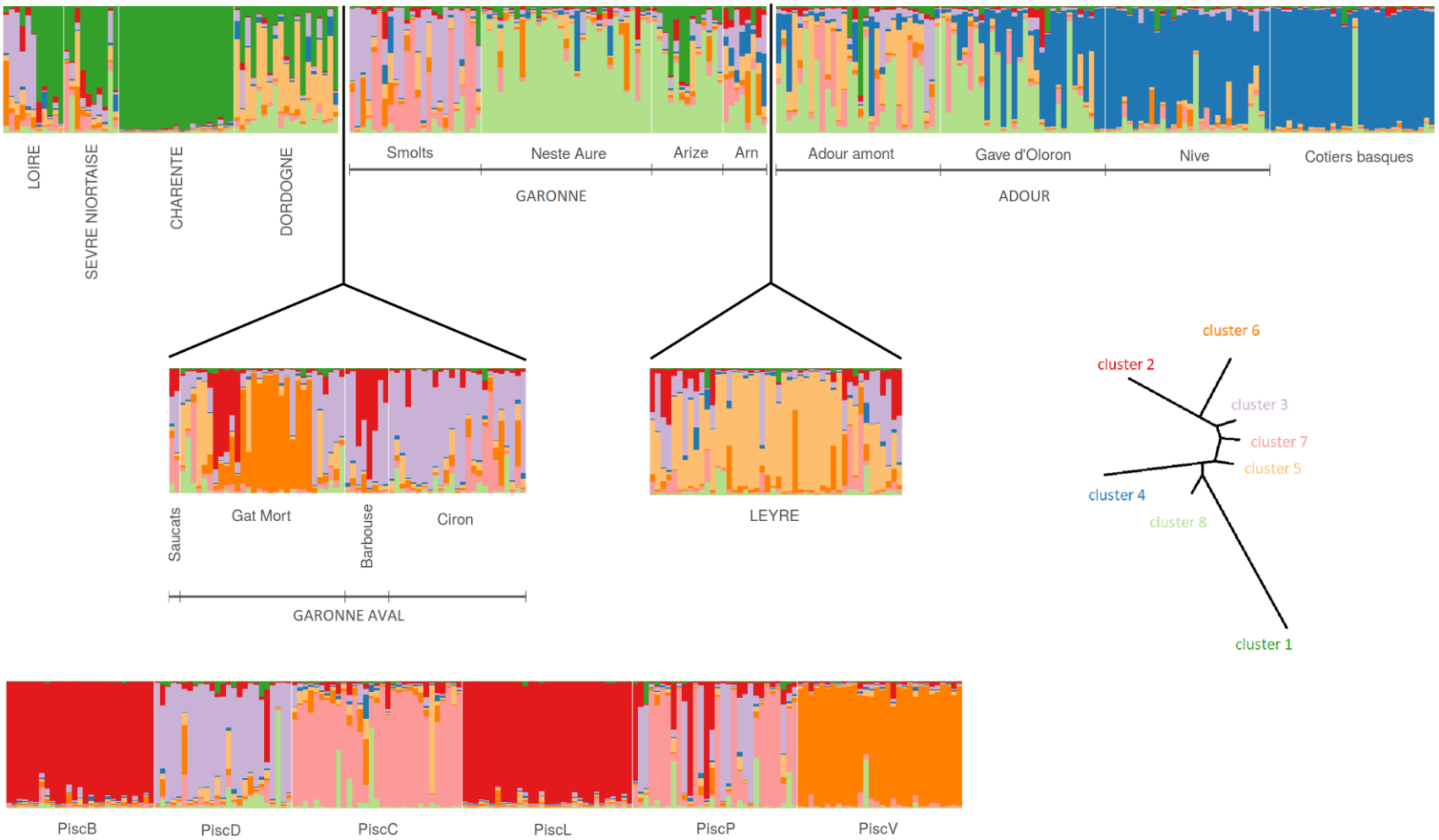

Figure 7 : Résultats de l'analyse génétique réalisée par STRUCTURE sur la base de 8 clusters. Chaque individu est représenté par une barre verticale, les individus sont regroupés par site de pêche, rivière, bassin ou pisciculture. Les individus capturés dans le milieu naturel sont représentés sur le haut de la figure, les individus échantillonnés en pisciculture sont représentés au bas de la figure. Les cours d'eau cibles de la présente étude sont positionnés dans la partie médiane. En partie droite figure l'arbre des distances entre clusters repris de la **Figure 6**.

CC BY

Conclusions

Les six souches de pisciculture étudiées se distinguent génétiquement très clairement des truites sauvages capturées en milieu naturel, qu'il s'agisse des populations plus méridionales ou plus septentrionales. On peut ainsi affirmer sans trop de risque de se tromper que les truites capturées sur les affluents girondins de la Garonne sont exclusivement ou presque d'origine domestique. La présence de fratries détectée localement atteste que certaines d'entre elles atteignent l'âge adulte et se reproduisent.

Statuer définitivement sur une origine exclusivement domestique dans le cas de la Leyre est plus hasardeux. Les simulations ne convergent pas bien et les assignations génétiques sont ambigües. Le cluster majoritaire de la population de la Leyre ne concorde avec aucun des six souches domestiques de notre panel. A notre connaissance, il n'existe pas d'échantillons biologiques anciens de truites de la Leyre et l'historique des opérations de repeuplement qui y ont été pratiquées est peu documentée, ce qui limite considérablement les perspectives d'investigation.

CC BY

Annexes

Annexe 1 : Informations sur les individus échantillonnés par la Fédération de Pêche de la Gironde et lecture d'écailles (* : écailles régénérées)

Annexe 2 : Provenance des échantillons fournis par la Fédération de Pêche de la Gironde (X et Y, coordonnées géographiques RGF93).

Annexe 3 : Indices de diversité génétique.

Annexe 4 : Ascendance génétique des individus échantillonnés par la Fédération de Pêche de la Gironde déduite des analyses conduites avec STRUCTURE (les assignations dépassant le seuil de 10% sont surlignées en respectant le code couleur de la Figure 7).

Annexe 1 : Informations sur les individus échantillonnés par la Fédération de Pêche de la Gironde et lecture d'écaille (* : écailles régénérées). En cas de doute à l'issue de la lecture d'écaille, deux hypothèses alternatives sont conservées (hypothèse 1 plus vraisemblable qu'hypothèse 2).

										Lecture d'écaille			
Envoi	Code station FD33	Code_ espèce	Taille (mm)	Poids (g)	Code Nageoire	N° Qualité INRA	Ecaille (oui/non)	Dossier photo	N° photos	Hypothèse 1 Age total	MF	Hypothèse 2 Age total	MF
1	BROU_02	TRF	85	5.5	62	STPE1115-3170	oui	23	4715	**0**			
1	BROU_02	TRF	130	19	61	STPE1115-3171	oui	23	4714	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	64	2.5	49	STPE1115-3145	oui	18	4652	**0**			
1	HTSORGENTE_01	TRF	70	4.5	41	STPE1115-3146	oui	18	4644	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	72	5.5	43	STPE1115-3147	oui	18	4646	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	74	4.5	46	STPE1115-3148	oui	18	4649	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	77	4	45	STPE1115-3149	oui	18	4648	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	79	5	50	STPE1115-3150	oui	18	4653	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	80	5.5	44	STPE1115-3151	oui	18	4647	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	80	5.5	48	STPE1115-3152	oui	18	4651	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	81	6	37	STPE1115-3153	oui	18	4639	**0**			
1	HTSORGENTE_01	TRF	82	5	36	STPE1115-3154	oui	18	4638	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	83	5.5	38	STPE1115-3155	oui	18	4640	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	86	8	35	STPE1115-3156	oui	18	4637	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	89	8	42	STPE1115-3157	oui	18	4645	**0**			
1	HTSORGENTE_01	TRF	91	7	40	STPE1115-3158	oui	18	/	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	108	13	47	STPE1115-3159	oui	18	4650	**0**		**1**	
1	HTSORGENTE_01	TRF	198	72.5	39	STPE1115-3160	oui	18	4641	**2**			
1	GATMORT_06	TRF	45	1	29	STPE1115-3137	non	17	4609				
1	GATMORT_06	TRF	58	2	34	STPE1115-3138	non	17	4614				
1	GATMORT_06	TRF	66	2.5	31	STPE1115-3139	oui	17	4611	**0**			
1	GATMORT_06	TRF	68	2.5	32	STPE1115-3140	oui	17	4612	**0**			
1	GATMORT_06	TRF	70	3	30	STPE1115-3141	oui	17	4610	**0**			
1	GATMORT_06	TRF	88	5.5	28	STPE1115-3142	oui	17	4608	**0**			
1	GATMORT_06	TRF	89	6	27	STPE1115-3143	oui	17	4607	**0**			
1	GATMORT_06	TRF	92	7.5	33	STPE1115-3144	oui	17	4613	**0**			
1	GATMORT_09	TRF	88	6.5	51	STPE1115-3162	oui	19	4669	**0**		**1**	
1	BARBOUSE_03	TRF	64	2.5		STPE1115-2550	oui	15	4556	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	66	2.5		STPE1115-2655	oui	15	4560	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	71	3.5	1	STPE1115-3161	oui	15	4563	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	74	3.5		STPE1115-2653	oui	15	4558	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	76	4		STPE1115-2652	oui	15	4557	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	79	5		STPE1115-2657	oui	15	4562	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	83	6.5		STPE1115-2656	oui	15	4561	**0**			
1	BARBOUSE_03	TRF	90	6.5		STPE1115-2654	oui	15	4559	**0**			
1	BARBOUSE_06	TRF	79	4	3	STPE1115-3134	oui	16	4565	**0**			
1	BARBOUSE_06	TRF	76	5	4	STPE1115-3135	oui	16	4566	**0**			
1	BARBOUSE_06	TRF	78	4	2	STPE1115-3136	oui	16	4564	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	64	3	5	STPE1115-3124	oui	14	4570	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	57	2	6	STPE1115-3125	oui	14	4571	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	60	2.5	7	STPE1115-3126	oui	14	4572	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	62	3	8	STPE1115-3127	oui	14	4573	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	64	2.5	9	STPE1115-3128	oui	14	4574	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	63	2	10	STPE1115-3129	oui	14	4575/4576	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	60	2	12	STPE1115-3130	oui	14	4578	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	61	2	13	STPE1115-3131	oui	14	4579	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	62	2.5	14	STPE1115-3132	oui	14	4580	**0**			
1	BARBOUSE_07	TRF	155	35	15	STPE1115-3133	oui	14	4581/4582	**1**			

Envoi	Code station FD33	Code_ espèce	Taille (mm)	Poids (g)	Code Nageoire	N° Qualité INRA	Ecaille (oui/non)	Dossier photo	N° photos	Lecture d'écaille			
										Hypothèse 1		Hypothèse 2	
										Age total	MF	Age total	MF
1	CIRON_05	TRF	120	18		STPE1115-2700	oui	3	1883-1884	**0**			
1	CIRON_05	TRF	124	22		STPE1115-2692	oui	3	1886-1887	**0**			
1	CIRON_05	TRF	125	22		STPE1115-2545	oui	3	1882	**0**			
1	CIRON_05	TRF	122	15.5	103	STPE1115-3172	oui	24	4865	**1**			
1	CIRON_05	TRF	126	24	110	STPE1115-3173	non	24	4884				
1	CIRON_05	TRF	133	25	109	STPE1115-3174	non	24	4883				
1	CIRON_05	TRF	136	20	100	STPE1115-3175	oui	24	4858	**1**			
1	CIRON_05	TRF	142	29	101	STPE1115-3176	oui	24	4863	**1**			
1	CIRON_05	TRF	143	31	105	STPE1115-3177	oui	24	4879	**1**			
1	CIRON_05	TRF	143	30	107	STPE1115-3178	oui	24	4881	**1**			
1	CIRON_05	TRF	148	34	108	STPE1115-3179	non	24	4882				
1	CIRON_05	TRF	150	36	111	STPE1115-3180	non	24	4885				
1	CIRON_05	TRF	153	38	106	STPE1115-3181	oui	24	4880	**1**			
1	CIRON_05	TRF	155	41	112	STPE1115-3182	non	24	4886				
1	CIRON_05	TRF	161	44	113	STPE1115-3183	non	24	4887				
1	CIRON_05	TRF	165	50	114	STPE1115-3184	non	24	4888				
1	CIRON_22	TRF	75	3		STPE1115-2699	oui	4	1946-1947	**0**		**1**	
1	ORIGNE_01	TRF	55	1	56	STPE1115-3163	oui	20	4679	**0**			
1	ORIGNE_01	TRF	57	1.5	55	STPE1115-3164	oui	20	4678	**0**			
1	ORIGNE_01	TRF	59	1.5	54	STPE1115-3165	oui	20	4677	**0**			
1	ORIGNE_01	TRF	66	2.5	53	STPE1115-3166	oui	20	4675	**0**			
1	ORIGNE_01	TRF	67	2.5	52	STPE1115-3167	oui	20	4674	**0**			
1	NERE_03	TRF	71	3	59	STPE1115-3168	oui	21	4702	**0**			
1	BALL_01	TRF	107	13.5	60	STPE1115-3169	oui	/	pas de photo	**1**			
1	GOUANEYRE_02	TRF	69	3		STPE1115-2543	non	5	1220-1221				
1	DUBE_04	TRF	162	46		STPE1115-2533	oui	1	1584	**2**			
1	DUBE_04	TRF	172	45		STPE1115-2542	oui	1	1582-1583	**2**			
1	DUBE_04	TRF	191	80		STPE1115-2547	oui	1	1585-1586	**≥2, ***			
1	DUBE_04	TRF	192	75		STPE1115-2548	oui	1	1588	**2**			
1	DUBE_04	TRF	64	2		STPE1115-2673	oui	11	4391	**0**			
1	DUBE_04	TRF	68	2		STPE1115-2675	oui	11	4393	**1**			
1	DUBE_04	TRF	74	3		STPE1115-2674	oui	11	4392	**1**			
1	DUBE_04	TRF	70	3		STPE1115-2672	oui	11	4390	**0**			
1	DUBE_04	TRF	82	4		STPE1115-2671	oui	11	4389	**0**			
1	DUBE_04	TRF	88	4		STPE1115-2534	oui	11	4388	**0**			
1	DUBERN_05	TRF	53	1.5		STPE1115-2658	non	10	4418				
1	DUBERN_05	TRF	57	2		STPE1115-2659	non	10	4417				
1	DUBERN_05	TRF	66	3		STPE1115-2660	non	10	4416				
1	DUBERN_05	TRF	75	6		STPE1115-2670	non	13	4415				
1	DUBERN_05	TRF	84	5.5		STPE1115-2665	non	13	4408				
1	DUBERN_05	TRF	84	6		STPE1115-2669	oui	13	4413	**0**			
1	DUBERN_05	TRF	86	6		STPE1115-2668	oui	13	4412	**0**			
1	DUBERN_05	TRF	93	7.5		STPE1115-2666	oui	13	4410	**0**			
1	DUBERN_05	TRF	94	9		STPE1115-2667	oui	13	4411	**0**			
1	LASS_01	TRF	191	70		STPE1115-2546	oui	2	1767-1768	**2**			
1	LASS_01	TRF	71	3		STPE1115-2661	oui	12	4399	**0**			
1	LASS_01	TRF	66	2.5		STPE1115-2676	oui	12	4394	**0**			
1	LASS_01	TRF	69	3		STPE1115-2678	oui	12	4396	**0**			
1	LASS_01	TRF	69	3		STPE1115-2679	oui	12	4397	**0**			
1	LASS_01	TRF	76	4		STPE1115-2677	oui	12	4395	**0**			
1	LASS_01	TRF	77	4		STPE1115-2680	oui	12	4398	**0**			
1	MOULETTE_01	TRF	155	37		STPE1115-2690	oui	9	23819/23820	**1**			
1	MOULETTE_01	TRF	199	73		STPE1115-2688	oui	9	23500/23503	**2**			
1	BOURON_03	TRF	62	3		STPE1115-2681	oui	6	4375	**0**			
1	BOURON_03	TRF	75	4.5		STPE1115-2682	oui	6	4376	**0**			
1	BOURON_03	TRF	80	4		STPE1115-2694	oui	6	4374	**0**			
1	BOURON_03	TRF	166	48		STPE1115-2696	oui	6	4370	**2**			
1	BOURON_04	TRF	77	4		STPE1115-2685	oui	8	/	**0**			
1	BOURON_05	TRF	68	2		STPE1115-2686	oui	7	/	**0**			

Envoi	Code station FD33	Code_ espèce	Taille (mm)	Poids (g)	Code Nageoire	N° Qualité INRA	Ecaille (oui/non)	Dossier photo	N° photos	Lecture d'écaille			
										Hypothèse 1		Hypothèse 2	
										Age total	MF	Age total	MF
2	GATMORT_04	TRF	271	204	21	STPE1115-3249	oui		4601	**3**			
2	GATMORT_06	TRF	260	167	22	STPE1115-3250	oui		4602	**2**			
2	GATMORT_06	TRF	298	232	23	STPE1115-3251	oui		4603	**2**			
2	GATMORT_06	TRF	269	176	24	STPE1115-3252	oui		4604	**2**			
2	GATMORT_06	TRF	275	205	25	STPE1115-3253	oui		4605	**2**			
2	CIRON_05	TRF	272	225	102	STPE1115-3254	oui		4864	**1**		**2**	
2	CIRON_05	TRF	210	12	104	STPE1115-3255	oui		/	**1**			
2	CIRON_05	TRF	276	222	115	STPE1115-3256	non		4889	*			
2	ILE_02	TRF	212	122	2651	STPE1115-2651	oui		1566-1568	**1**			
2	DUBERN_05	TRF	315	302	2662	STPE1115-2662	oui		4403	*			
2	DUBERN_05	TRF	281	205	2663	STPE1115-2663	oui		4404	**2**			
2	DUBERN_05	TRF	282	238	2664	STPE1115-2664	oui		4405	**2**			
2	MOULETTE_01	TRF	212	195	2687	STPE1115-2687	oui		23303/23301	*			
2	MOULETTE_01	TRF	230	121	2689	STPE1115-2689	oui		23701/23704	**2**			
2	BOURON_02	TRF	368	425	2683	STPE1115-2683	oui		/	**4**	**2**		
2	BOURON_02	TRF	264	155	2684	STPE1115-2684	oui		/	**2**			
2	BOURON_03	TRF	255	177	2695	STPE1115-2695	oui		4372	**2**			

Annexe 2 : Provenance des échantillons fournis par la Fédération de Pêche de la Gironde (X et Y, coordonnées géographiques RGF93).

Code_station FD	Bassin versant	Affluent	Cours d'eau	Lieu-dit	X	Y	Date Pêche	Commentaires	Effectif
BROU_02	**Garonne**	**Saucats**	Brousteyrot	Aval cascade	419494	6403518	01/08/2017		2
GATMORT_04	**Garonne**	**Gât mort**	Gât mort	Aval Pont de l'A62	424211	6403613	26/07/2017	Alevinage régulier	1
GATMORT_06	**Garonne**	**Gât mort**	Gât mort	Aval seuil de lusié	421240	6399445	26/07/2017	Alevinage régulier	12
GATMORT_09	**Garonne**	**Gât mort**	Gât mort	Aval confluence Hount Sorgente	420661	6397808	28/07/2017		1
HTSORGENTE_01	**Garonne**	**Gât mort**	Hount-Sorgente	Amont Confluence Gât mort	420661	6397808	28/07/2017		16
BARBOUSE_03	**Garonne**	**Barbouse**	Barbouse/Rieuffret	Aval Pont de l'A62	428665	6398888	24/07/2017		8
BARBOUSE_06	**Garonne**	**Barbouse**	Barbouse/Rieuffret	Amont Pont de l'A62	428592	6399207	24/07/2017		3
BARBOUSE_07	**Garonne**	**Barbouse**	Barbouse/Rieuffret	Pas bordelais	426139	6395723	24/07/2017		10
CIRON_05	**Garonne**	**Ciron**	Ciron	Papeterie Castelnau	450079	6359281	29/07/2016	Alevinage sur le Ciron sur le secteur	19
CIRON_22	**Garonne**	**Ciron**	Ciron	Pichegarie	452652	6357348	01/08/2016		1
ORIGNE_01	**Garonne**	**Ciron**	Origne	Aval moulin d'Origne	421535	6383015	31/07/2017		5
NERE_03	**Garonne**	**Ciron**	Nère	Station pompage eau potable	426517	6381804	31/07/2017		1
BALL_01	**Garonne**	**Ciron**	Ballion	Aval Pont D3	430128	6378822	31/07/2017		1
GOUANEYRE_02	**Garonne**	**Ciron**	Gouaneyre	Font du moulin	440015	6365167	21/10/2016		1
ILE_02	**Leyre**		Ile	Aval piste cyclable	388656	6496353	07/07/2016	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	1
DUBE_04	**Leyre**		Dubern ou esclaures	Fachat	395326	6393044	08/07/2016		10
DUBERN_05	**Leyre**		Dubern ou esclaures	Amont moulin de Debat	392503	6393361	12/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau depuis 2013 ni sur le confluent (Leyre en 2004)	12
LASS_01	**Leyre**		Lassieux	Argilas	394195	6394581	20/07/2016		7
MOULETTE_01	**Leyre**		Moulette	Moulin de la Moulette	397959	6388035	10/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	4
BOURON_02	**Leyre**		Bouron	Pont du Boutox	399986	6381157	10/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	2
BOURON_03	**Leyre**		Bouron	Amont moulin du Bouron	401236	6381025	10/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	5
BOURON_04	**Leyre**		Bouron	Pont du Boutox	399986	6381157	10/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	1
BOURON_05	**Leyre**		Bouron	Pont du Boutox	399986	6381157	10/07/2017	aucun alevinage sur le cours d'eau ni sur le confluent (Leyre en 2004)	1
									124

Annexe 3 : Indices de diversité génétique.

Origine	Rivière(s)	S	N_{ech}	$N_{NA>2}$	N_{FS}	N'	Â	Ar	He	Ho	Fis	(Fis IC 95%)
Loire	Bouleure, Thouet	2	28	1	16	11	4.8	4.5	0.67	0.59	0.121	(-0.047 – 0.165)
Sèvre Niortaise	Sèvre Niortaise	1	12	0	2	10	4.8	4.5	0.60	0.59	0.023	(-0.257 – 0.182)
Charente	Bonnieure, Touvre, Viville	3	25	2	2	21	4.3	3.3	0.48	0.47	0.026	(-0.145 – 0.125)
Dordogne	Auvezere, Cole, Ruchalet	3	28	4	5	19	7.6	5.6	0.70	0.66	0.066	(-0.047 – 0.114)
Garonne	Gât mort	6	37	2	5	30	6.6	4.8	0.64	0.63	0.010	(-0.077 – 0.057)
	Barbouse	3	21	0	13	8	3.1	3.1	0.45	0.40	0.115	(-0.186 – 0.199)
	Ciron	10	44	2	17	25	7.6	5.3	0.67	0.63	0.063	(-0.055 – 0.133)
	Garonne^{smolts}	1	26	2	0	24	8.5	5.7	0.70	0.62	0.110	(-0.002 – 0.176)
	Neste d'Aure	2	32	0	1	31	8.2	5.3	0.64	0.62	0.031	(-0.040 – 0.070)
	Arize	1	14	0	1	13	5.0	4.4	0.59	0.62	**-0.053**	**(-0.201 – -0.009)**
Leyre	Ile, Esclaures, Moulette, Calette, Bouron	12	67	1	20	46	7.8	5.1	0.65	0.58	**0.103**	**(0.013 – 0.171)**
Pisciculture	Pisciculture B	-	30	1	-	29	3.8	3.2	0.56	0.60	**-0.074**	**(-0.187 – -0.001)**
	Pisciculture D	-	30	4	-	26	6.4	4.6	0.63	0.64	-0.016	(-0.109 – 0.033)

S = nombre de sites de pêches électriques, Nech = nombre d'individus échantillonnés, $N_{NA>2}$ = nombre d'individus écartés car possédant plus de 2 loci manquants N_{FS} = nombre d'individus frère-sœurs écartés, N'= nombre d'individus conservés pour les analyses génétiques, Â = nombre moyen d'allèles observés par locus, Ar = estimation du nombre d'allèles obtenue avec la méthode de raréfaction sur la base d'un effectif de 8, He = taux d'hétérozygotie théorique en situation d'équilibre de Hardy-Weinberg, Ho = taux d'hétérozygotie observée, F_{IS} = indice de fixation ou écart à la panmixie.

Annexe 4 : Ascendance génétique des individus échantillonnés par la Fédération de Pêche de la Gironde déduite des analyses conduites avec STRUCTURE (les assignations dépassant le seuil de 10% sont surlignées en respectant le code couleur de la Figure 7).

Label	Bassin	Rivière	Site	cluster 1	cluster 2	cluster 3	cluster 4	cluster 5	cluster 6	cluster 7	cluster 8
STPE1115-1122	Saucats	Brousteyrot	BROU_02	0.01	0.22	0.21	0.02	0.03	0.06	0.36	0.09
STPE1115-2271	Saucats	Brousteyrot	BROU_02	0.01	0.17	0.49	0.01	0.02	0.03	0.26	0.02
STPE1115-2274	Gât mort	Gât mort	GATMORT_04	0.07	0.14	0.62	0.01	0.01	0.05	0.06	0.05
STPE1115-2275	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.01	0.02	0.07	0.01	0.65	0.08	0.03	0.14
STPE1115-2280	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.04	0.12	0.19	0.01	0.33	0.15	0.13	0.04
STPE1115-2281	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.05	0.75	0.11	0.01	0.01	0.04	0.03	0.02
STPE1115-2283	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.00	0.69	0.03	0.01	0.02	0.20	0.04	0.01
STPE1115-2284	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.02	0.64	0.09	0.01	0.02	0.15	0.04	0.04
STPE1115-2452	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.01	0.36	0.12	0.01	0.04	0.38	0.07	0.02
STPE1115-2458	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.02	0.72	0.08	0.01	0.01	0.12	0.03	0.01
STPE1115-2460	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.03	0.01	0.63	0.01	0.10	0.01	0.11	0.12
STPE1115-2461	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.01	0.01	0.56	0.01	0.21	0.09	0.06	0.06
STPE1115-2462	Gât mort	Gât mort	GATMORT_06	0.02	0.06	0.46	0.01	0.02	0.03	0.02	0.38
STPE1115-2467	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.03	0.11	0.01	0.01	0.74	0.08	0.02
STPE1115-2468	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.05	0.02	0.57	0.27	0.02	0.05
STPE1115-2469	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.01	0.00	0.01	0.95	0.01	0.01
STPE1115-2470	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.02	0.05	0.01	0.04	0.82	0.03	0.03
STPE1115-3170	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.91	0.02	0.01
STPE1115-3171	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.01	0.93	0.01	0.01
STPE1115-2539	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.01	0.93	0.02	0.01
STPE1115-2540	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.10	0.02	0.08	0.74	0.02	0.03
STPE1115-3249	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.05	0.01	0.01	0.91	0.01	0.01
STPE1115-3137	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.01	0.52	0.01	0.02	0.39	0.01	0.05
STPE1115-3138	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.02	0.01	0.02	0.04	0.86	0.03	0.02
STPE1115-3139	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.06	0.02	0.04	0.01	0.04	0.78	0.03	0.02
STPE1115-3141	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.03	0.02	0.01	0.02	0.88	0.02	0.01
STPE1115-3142	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.01	0.02	0.90	0.01	0.01	0.04	0.01	0.01
STPE1115-3143	Gât mort	Hount Sorgente	HTSORGENTE_01	0.04	0.02	0.27	0.01	0.52	0.05	0.03	0.06

Label	Bassin	Rivière	Site	cluster 1	cluster 2	cluster 3	cluster 4	cluster 5	cluster 6	cluster 7	cluster 8
STPE1115-3144	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_03	0.01	0.04	0.86	0.03	0.02	0.01	0.01	0.03
STPE1115-3250	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_03	0.01	0.02	0.71	0.02	0.12	0.06	0.05	0.03
STPE1115-3251	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.00	0.61	0.30	0.01	0.02	0.02	0.03	0.01
STPE1115-3252	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.00	0.40	0.40	0.01	0.02	0.15	0.01	0.01
STPE1115-3145	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.01	0.87	0.07	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
STPE1115-3146	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.00	0.49	0.40	0.01	0.01	0.05	0.02	0.01
STPE1115-3147	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.01	0.09	0.82	0.01	0.04	0.01	0.01	0.01
STPE1115-3148	Barbouse	Barbouse Rieuffret	BARBOUSE_07	0.01	0.27	0.64	0.02	0.03	0.01	0.02	0.01
STPE1115-3155	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.00	0.01	0.94	0.01	0.01	0.01	0.01	0.01
STPE1115-3125	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.02	0.03	0.01	0.02	0.11	0.81	0.01
STPE1115-3126	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.03	0.53	0.01	0.06	0.10	0.25	0.03
STPE1115-3128	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.04	0.28	0.01	0.09	0.51	0.05	0.03
STPE1115-3129	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.01	0.59	0.01	0.03	0.01	0.02	0.32
STPE1115-3133	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.02	0.02	0.84	0.01	0.06	0.01	0.02	0.02
STPE1115-2545	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.06	0.19	0.03	0.13	0.36	0.17	0.06
STPE1115-3097	Ciron	Ciron	CIRON_05	0.01	0.02	0.80	0.04	0.07	0.01	0.03	0.03
STPE1115-3098	Ciron	Ciron	CIRON_22	0.01	0.15	0.74	0.02	0.02	0.02	0.01	0.03
STPE1115-3107	Ciron	Origne	ORIGNE_01	0.01	0.01	0.34	0.01	0.03	0.15	0.44	0.01
STPE1115-3117	Ciron	Origne	ORIGNE_01	0.03	0.01	0.69	0.01	0.04	0.06	0.13	0.04
STPE1115-3120	Ciron	Nère	NERE_03	0.02	0.03	0.67	0.02	0.07	0.05	0.05	0.10
STPE1115-3121	Ciron	Ballion	BALL_01	0.10	0.07	0.20	0.03	0.02	0.03	0.47	0.08
STPE1115-3122	Ciron	Gouaneyre	GOUANEYRE_02	0.01	0.07	0.39	0.01	0.21	0.09	0.05	0.17
STPE1115-2533	Leyre	Ile	ILE_02	0.11	0.02	0.13	0.02	0.58	0.09	0.03	0.02
STPE1115-2534	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.02	0.02	0.01	0.01	0.89	0.03	0.01	0.01
STPE1115-2542	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.01	0.01	0.07	0.01	0.25	0.65	0.01	0.01
STPE1115-2546	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.02	0.01	0.04	0.03	0.88	0.01	0.01	0.01
STPE1115-2547	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.02	0.02	0.01	0.01	0.90	0.03	0.01	0.01
STPE1115-2548	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.01	0.01	0.01	0.01	0.90	0.03	0.02	0.01
STPE1115-2651	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.01	0.01	0.04	0.03	0.84	0.02	0.01	0.04
STPE1115-2658	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.01	0.01	0.24	0.06	0.29	0.35	0.04	0.01
STPE1115-2659	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.00	0.01	0.01	0.01	0.93	0.02	0.01	0.01
STPE1115-2661	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.01	0.02	0.57	0.03	0.14	0.05	0.17	0.01

Label	Bassin	Rivière	Site	cluster 1	cluster 2	cluster 3	cluster 4	cluster 5	cluster 6	cluster 7	cluster 8
STPE1115-2662	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBE_04	0.00	0.01	0.02	0.01	0.89	0.04	0.01	0.01
STPE1115-2663	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.01	0.01	0.01	0.01	0.95	0.01	0.01	0.01
STPE1115-2664	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.02	0.01	0.01	0.02	0.79	0.13	0.01	0.01
STPE1115-2668	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.02	0.01	0.01	0.01	0.94	0.01	0.01	0.01
STPE1115-2671	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.01	0.01	0.01	0.01	0.89	0.06	0.01	0.01
STPE1115-2672	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.01	0.01	0.07	0.01	0.82	0.04	0.02	0.02
STPE1115-2673	Leyre	Dubern ou Esclaures	DUBERN_05	0.01	0.01	0.01	0.01	0.93	0.02	0.01	0.01
STPE1115-2674	Leyre	Lassieux	LASS_01	0.01	0.01	0.05	0.01	0.88	0.01	0.01	0.02
STPE1115-2675	Leyre	Lassieux	LASS_01	0.01	0.01	0.01	0.03	0.87	0.01	0.01	0.05
STPE1115-2677	Leyre	Lassieux	LASS_01	0.03	0.08	0.04	0.02	0.44	0.35	0.03	0.01
STPE1115-2680	Leyre	Lassieux	LASS_01	0.01	0.01	0.02	0.01	0.92	0.02	0.01	0.01
STPE1115-2681	Leyre	Moulette	MOULETTE_01	0.02	0.20	0.36	0.04	0.34	0.01	0.01	0.02
STPE1115-2683	Leyre	Moulette	MOULETTE_01	0.02	0.01	0.41	0.01	0.54	0.01	0.01	0.01
STPE1115-2684	Leyre	Moulette	MOULETTE_01	0.01	0.36	0.37	0.02	0.16	0.03	0.03	0.02
STPE1115-2685	Leyre	Bouron	BOURON_02	0.01	0.24	0.23	0.01	0.03	0.41	0.05	0.02
STPE1115-2686	Leyre	Bouron	BOURON_02	0.02	0.07	0.68	0.01	0.12	0.05	0.02	0.04
STPE1115-2687	Leyre	Bouron	BOURON_03	0.01	0.03	0.06	0.01	0.04	0.21	0.62	0.02
STPE1115-2689	Leyre	Bouron	BOURON_03	0.02	0.07	0.18	0.16	0.17	0.13	0.03	0.24
STPE1115-2690	Leyre	Bouron	BOURON_03	0.01	0.11	0.10	0.02	0.21	0.01	0.49	0.05
STPE1115-2694	Leyre	Bouron	BOURON_03	0.07	0.08	0.15	0.01	0.55	0.01	0.10	0.05
STPE1115-2695	Leyre	Bouron	BOURON_04	0.01	0.40	0.07	0.03	0.28	0.10	0.07	0.03
STPE1115-2696	Leyre	Bouron	BOURON_05	0.01	0.01	0.41	0.01	0.53	0.01	0.02	0.01

Citations

Alberto, F. (2009) MsatAllele 1.0: An R Package to Visualize the Binning of Microsatellite Alleles. *Journal of Heredity,* 100**,** 394-397.

Cairney, M., J. B. Taggart & B. HØyheim (2000) Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology,* 9**,** 2175-2178.

Estoup, A., C. R. Largiader, E. Perrot & D. Chourrout (1996) Rapid one-tube DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes. *Molecular Marine Biology and Biotechnology,* 5**,** 295-298.

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

King, T. L., M. S. Eackles & B. H. Letcher (2005) Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes,* 5**,** 130-132.

Masson, S., O. Lepais, A. Manicki, E. Prévost & J. Chat (2018) Disentangling individual movement between populations from effective dispersal in the facultative anadromous *Salmo trutta* L. *Ecology of Freshwater Fish,* 27**,** 323-338.

O'Reilly, P. T., L. C. Hamilton, S. K. McConnel & J. M. Wright (1996) Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences,* 53**,** 2292-2298.

Presa, P. & R. Guyomard (1996) Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology,* 49**,** 1326-1329.

Sakamoto, T., N. Okamoto & Y. Ikeda (1994) Rapid Communication - Dinucleotide Repeat Polymorphism of Rainbow-Trout, Fgt2. *Journal of Animal Science,* 72**,** 2765-2765.

Slettan, A., I. Olsaker & O. Lie (1996) Polymorphic Atlantic salmon, *Salmo salar* L., microsatellites at the SSOSL438, SSOSL439 and SSOSL444 loci. *Animal Genetics,* 27**,** 57-8.

Toonen, R. J. & S. Hughes (2001) Increased throughput for fragment analysis on an ABI PRISM (R) automated sequencer using a membrane comb and STRand software. *Biotechniques,* 31**,** 1320-1324.

Remerciements

Les auteurs remercient l'Installation expérimentale IE ECP de l'UMR Ecobiop pour sa contribution à la lecture et la numérisation des écailles de truites. Les génotypages microsatellites des échantillons de truites capturées en 2016 et 2017 par la Fédération de Pêche de la Gironde ont été réalisés sur la Plate-forme GENTYANE du centre INRA de Clermont-Theix labellisée IBISA et certifiée ISO 9001 et NF-X 50 900.