



CARACTERISATION GENETIQUE DES POPULATIONS DE TRUITE COMMUNE DU DEPARTEMENT DE L'ALLIER



Intégrant le programme interfédéral :
« PROJET COMMUN INTERFEDERAL (départements :03, 38, 42, 43, 63, 69, 73, 74) DE
RECHERCHE COLLABORATIVE POUR MIEUX LOCALISER, IDENTIFIER et GERER LA DIVERSITE GENETIQUE CHEZ LA
TRUITE COMMUNE (SALMO TRUTTA) A DES ECHELLES SPATIALES COHERENTES - 2012 – 2015 ».

RAPPORT FINAL
Décembre 2017



Dossier n° 14A030381



Sommaire

1	Introduction.....	2
2	Contexte.....	3
3	Contenu scientifique et technique	4
4	Matériels et Méthodes	5
4.1	Echantillonnage des populations.....	5
4.2	Type d'analyses génétiques.....	8
4.2.1	Extraction, amplification et géotypage sur le versant atlantique.....	8
4.2.2	Caractéristiques et qualité des échantillons.....	9
4.2.3	Diversité génétique des échantillons.....	9
4.2.4	Différentiation et structure génétique entre les échantillons	9
5	Résultats.....	10
5.1	Caractéristiques et qualité des échantillons	10
5.2	Diversité génétique des échantillons.....	11
5.3	Différentiation et structure génétique entre les échantillons	11
6	Discussion	16
7	Bibliographie	17
8	Annexes.....	19

Liste des tableaux et figures

Figure 1 : Carte de localisation des secteurs échantillonnés dans les départements de l'Allier, du Puy-de-Dôme, de Haute-Loire et de la Loire.	5
Figure 2 : Prélèvements des écailles sur une truite fario	6
Figure 3 : Fragment d'adipeuse stocké dans un tube eppendorf numéroté	6
Figure 4 : Truite ayant fait l'objet d'un prélèvement sur le Coindre à St Nicolas des Biefs.....	7
Figure 5 : Carte de localisation des échantillons dans le département de l'Allier.....	10
Figure 6 : Présentation des 7 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. Au sein de chaque échantillon, 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.	12
Figure 7 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 7 clusters.....	14
Figure 8 : 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. Seules les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.....	15
Tableau 1 : Liste des stations de prélèvements génétiques (département 03).....	7
Tableau 2 : Marqueurs microsatellites utilisés pour le génotypage chez la truite commune <i>Salmo trutta</i> . Pour chaque marqueur, deux amorces sont nécessaires : F (= Forward) désigne l'amorce dite « sens » (sens de lecture de la séquence ADN) et R (= Reverse) désigne l'amorce dite « anti-sens » (complémentaire à la séquence ADN, dans le sens inverse de lecture).	8
Tableau 3 : Synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, Ho = hétérozygotie observée, 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%.	11
Tableau 4 : Présentation des indices de différenciation, Fst, par pair d'échantillons. Les valeurs significatives sont présentées en gras. Un gradient de couleur du rouge au bleu permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.....	12
Tableau 5 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon, assignés aux 7 clusters identifiées par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 6.	13

1 Introduction

Les pressions anthropiques, principalement le fractionnement des rivières (seuils, barrages...), les débits artificialisés par les exploitations hydroélectriques, les altérations de qualité de l'eau et de la qualité des habitats (travaux hydrauliques pour la protection des biens et des personnes, recalibrages, assèchement des zones humides, remembrement agricoles...) ont profondément marqué les milieux aquatiques au cours du vingtième siècle. Pour pallier au déficit de production piscicole généré par ces dégradations, ou encore dans l'intention de stimuler les populations salmonicoles naturelles, les pratiques de gestion ont très souvent consisté en des déversements massifs et répétés de truites domestiques sous forme d'œufs, d'alevins, de juvéniles, d'adultes. Ces procédés ont été longtemps soutenus et mis en œuvre par les services de l'Etat et les associations de pêche et de pisciculture de l'époque. Ils ont été menés de façon systématique, sans évaluation sur leur efficacité et répondant à une méconnaissance de l'état de fonctionnalité des milieux.

Aujourd'hui encore, ces empoissonnements de poissons adultes permettent le maintien de l'activité halieutique sur certains secteurs très fortement perturbés. S'ils s'avèrent inefficaces à long terme pour restaurer les stocks piscicoles, le récent développement des connaissances scientifiques en matière d'écologie a mis en évidence d'autres impacts des empoissonnements sur les populations autochtones. Ces pratiques de repeuplement massifs et répétés avec des truites domestiques ont été critiqués en raison de leurs impacts d'une part sur l'intégrité des populations naturelles en place et d'autre part sanitaire. En outre, l'efficacité de ces déversements pour soutenir les populations en place ou installer de nouvelles populations est controversée depuis plus de 15 ans....

On assiste donc à un important revirement vers l'idée et la pratique d'une gestion plus durable (« patrimoniale » au sens des plans de gestion piscicole) des ressources axées sur la protection et la réhabilitation des milieux et la conservation des populations natives mieux à même de répondre aux fluctuations naturelles et anthropiques.

Jusqu'en 2007, la FDPPMA de l'Allier avait également une politique résolument engagée dans le repeuplement : plusieurs centaines de milliers de truites au stade juvénile (alevins à vésicules résorbées, truitelles de printemps et truitelles d'automne) déversées annuellement dans les différents cours d'eau à truites indépendamment de leur niveau de dégradation. La démarche a commencé à s'infléchir dans les esprits des représentants fédéraux à partir du lancement du Plan Départemental de Protection du milieu aquatique et de Gestion des ressources piscicoles (ou PDPG, 2007). De façon globale, le PDPG définissait deux types de cours d'eau :

- ceux où une gestion patrimoniale stricte devait s'appliquer en raison du bon état des populations de truites : milieu conforme ou faiblement perturbé ;
- ceux où les niveaux de dégradation et les perspectives de réhabilitation n'étaient pas envisageables sous 5 ans : une gestion patrimoniale différée pouvait s'appliquer : milieu fortement perturbé ou dégradé.

2 Contexte

La répartition biogéographique des populations naturelles de truites montre la présence de la lignée évolutive Atlantique (ATL) sur le versant atlantique et de la lignée Méditerranéenne (MED) sur le versant méditerranéen.

Cependant depuis plus de 100 ans, les pratiques traditionnelles de repeuplement ont conduit à l'introduction massive sur ces deux versants de truites ATL issues de stocks domestiqués génétiquement proches.

Sur le bassin atlantique qui comprend la totalité des cours d'eau du département de l'Allier, les repeuplements ont été pratiqués avec la même lignée évolutive mais en utilisant des poissons de bassins hydrographiques différents et domestiqués après plusieurs générations d'élevage en pisciculture.

Ces introductions de truites non-natives ont entraîné dans de nombreux cas une introgression des populations natives par des gènes d'origine non-native au sein des deux bassins versants avec des conséquences similaires : perte de populations génétiquement uniques, réduction de la variabilité génétique réduisant le potentiel d'adaptation future des populations. De nombreuses études ont mis en évidence une introgression des populations naturelles par les stocks domestiqués sur deux bassins.

Depuis une dizaine d'années, des investigations plus précises ont été menées sur plusieurs départements (Hautes-Alpes, Haute-Savoie, Savoie, Rhône, Ardèche, Corse, Isère) souvent à la demande des collectivités piscicoles.

Cependant, une fois les diagnostics génétiques terminés, les gestionnaires se retrouvent souvent seuls, confrontés à des situations complexes qui rendent extrêmement difficile le choix d'actions de gestion (conservation, restauration) précises à inscrire dans les plans de gestion. Ce constat incite de plus en plus à mettre en place des relations privilégiées entre gestionnaires et scientifiques sur le long terme pour accompagner les prises de décision et évaluer leurs effets suite aux diagnostics.

Il ressort également que si la donnée génétique est essentielle pour établir les plans de gestion, elle n'est qu'un élément parmi de nombreux autres. Il est en outre primordial d'être capable de coupler les approches génétique et démographique de manière complémentaire à la qualité des habitats et de travailler à l'échelle cohérente de la population. C'est ainsi que l'on peut répondre aux besoins réels des gestionnaires et aboutir à des actions efficaces dans le cadre de la mise en place des plans de gestion piscicole.

C'est avec cet objectif qu'un projet commun interfédéral entre 8 FDPPMA et deux laboratoires de l'INRA (laboratoire de génétique des poissons à Jouy-en-Josas et le centre alpin de recherche sur les réseaux trophiques et écosystème limnique à Thonon) a vu le jour.

3 Contenu scientifique et technique

Le principe consiste à réaliser un diagnostic sur les populations de truite à une échelle micro-géographique sur un large territoire spatial.

Les objectifs et étapes de ce projet sont :

- Développer, puis utiliser à large échelle des outils d'évaluation de la diversité génétique des populations et de l'introgession des populations naturelles par les populations domestiques. Les échantillons seront analysés génétiquement au niveau de 5 marqueurs SNP diagnostiques permettant de distinguer les origines méditerranéenne et atlantique domestique. Un set de 10-15 microsatellites sera également mis au point et utilisé ensuite en routine sur l'ensemble des échantillons et sur les stocks de pisciculture utilisés. Enfin, une partie plus expérimentale de recherche de marqueurs diagnostiques entre les origines atlantiques sauvage et domestique sera entreprise.
- Localiser les populations natives encore présentes et déterminer précisément leurs limites de répartition à une échelle micro-géographique. Les résultats des analyses génétiques permettront de localiser les secteurs de rivières abritant encore des populations naturelles faiblement introgressées par les individus domestiques. La densité du réseau d'échantillonnages permettra de déterminer les limites de répartition des différentes populations. La globalisation des résultats sur l'ensemble du territoire étudiés apportera des connaissances uniques sur la distribution à large échelle de la diversité génétique des populations de truite commune.
- Identifier sur les cours d'eau du département les zones de conservations prioritaires. Ces zones correspondent à l'échelle cohérente de gestion à laquelle les plans d'actions devront être élaborés pour aboutir à des effets efficaces au niveau des populations.
- Déterminer le statut démographique des populations, analyser leurs viabilités, et identifier les principaux facteurs de perturbations des populations sur les zones de conservations prioritaires. L'ensemble des données récoltées servira de base à l'établissement de plans de conservation et restauration des populations natives de truite. Ces plans de gestion des ressources piscicoles seront corédigés entre scientifiques et gestionnaires. Des suivis temporels destinés à évaluer scientifiquement les effets des actions mises en œuvre seront entrepris.

4 Matériels et Méthodes

4.1 Echantillonnage des populations

Les échantillonnages des populations ont été réalisés entre 2012 et 2014 par pêches électriques par les services techniques des Fédérations Départementales pour la Pêche et la Protection des Milieux Aquatiques.

Sur chaque secteur, l'objectif initial recherché était d'échantillonner une trentaine d'individus. Cependant, sur certain secteur, ce nombre n'a pas été atteint en raison d'une abondance en truites faible ou de difficulté d'échantillonnage (milieu profond, rivière large). Seuls les individus d'âge supérieur ou égal à 1+ ont été recherchés. Chaque individu échantillonné a été anesthésié dans un bain d'eugénol, mesuré (longueur totale), pesé (poids en g) puis un morceau de nageoire (pelvienne ou adipeuse) a été prélevé et stocké dans l'éthanol 96°. Sur certain poisson, des prélèvements d'écaillés ont été réalisés en vue d'une analyse scalimétrique pour estimer l'âge.

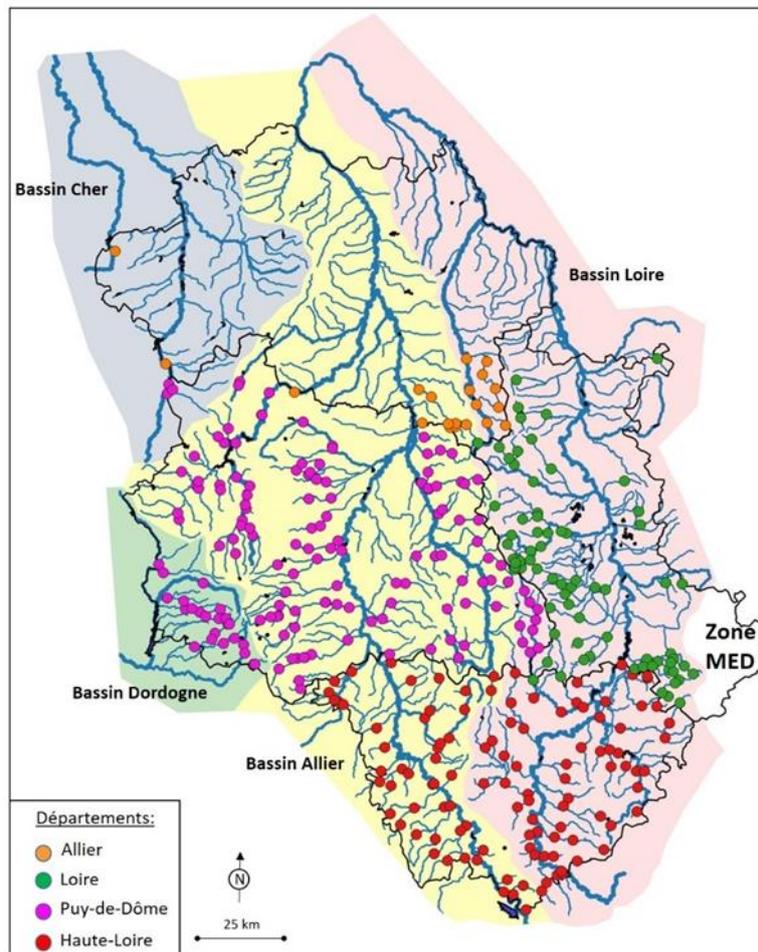


Figure 1 : Carte de localisation des secteurs échantillonnés dans les départements de l'Allier, du Puy-de-Dôme, de Haute-Loire et de la Loire.

Un maillage suffisamment fin du réseau hydrographique est nécessaire, le cloisonnement important des cours d'eau pouvant conduire à l'existence de populations autochtones résiduelles sur de faibles linéaires. Les stations à échantillonner ont été choisies sur les contextes

salmonicoles du département de l'Allier identifiées dans le Plan Départemental pour la Protection du Milieu Aquatique et la Gestion de la ressource Piscicole et qui possèdent encore des populations sauvages de truite fario.

Ce sont donc 19 stations qui ont été échantillonnées sur le département de l'Allier. Ces stations ont été complétées par un prélèvement sur un échantillon de géniteurs de truites fario de la pisciculture de Moulin Piat à Ferrières sur Sichon, ancienne pisciculture de la Fédération de Pêche de l'Allier, dont les produits ont assuré les repeuplements en truite fario sur la majorité des cours d'eau du département pendant plusieurs décennies.

L'objectif était donc de récolter par station environ 10 à 30 (30 étant le chiffre à viser car statistiquement plus fiable) truites d'âge 2+ ou supérieur si possible. L'âge des truites a été vérifié par scalimétrie à partir d'un échantillon d'écailles prélevé sur chaque individu. Cette récolte a été faite par capture en pêche électrique de truites de taille supérieure à une taille limite voisine de 18 à 25 cm (longueur totale) selon les caractéristiques de croissance des cours d'eau (certains secteurs à faible croissance possèdent des adultes de moins de 16 cm).

Les truites ont donc été échantillonnées sur les stations, majoritairement dans le cadre de pêches d'inventaire de populations (2 passages, méthode De Lury pour évaluation des densités et des biomasses) et en pêche de sondage uniquement pour la Sioule (un passage jusqu'à l'obtention du nombre minimum requis). Chaque truite entrant potentiellement dans l'analyse génétique a été individualisée par une référence unique.

Ce sont donc 454 truites qui ont été capturées et prélevées sur les 19 stations prévues et qui ont été complétées par 18 truites prélevées à la pisciculture du Moulin Piat.

Pour chaque individu, les données suivantes ont été recueillies :

- Longueur totale (en mm).
- Poids de l'individu (en g).

Les prélèvements suivants ont été réalisés :

- Récolte de la nageoire adipeuse, stockage dans l'éthanol (minimum de 95°) dans un pilulier Eppendorf numéroté en vue des analyses génétiques et prélèvements de quelques écailles par poisson pour la scalimétrie et la détermination de l'âge du poisson.

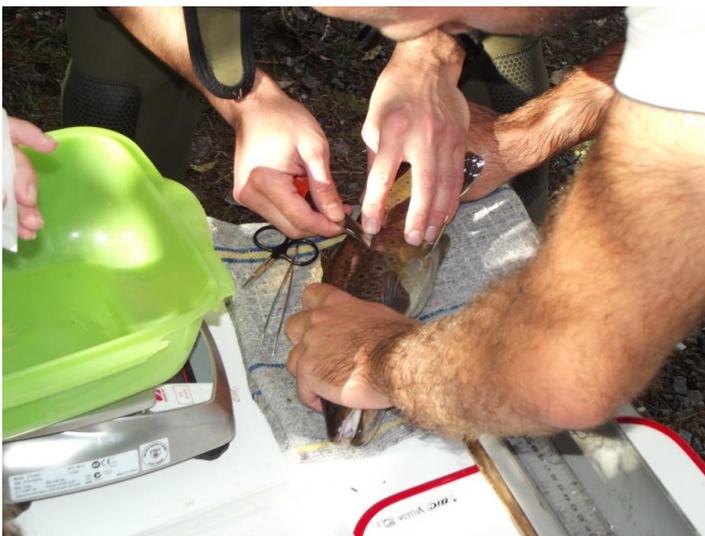


Figure 2 : Prélèvements des écailles sur une truite fario



Figure 3 : Fragment d'adipeuse stocké dans un tube eppendorf numéroté

- Une photographie de chaque poisson a été prise avec un appareil numérique en rendant simultanément visible, le côté gauche de la truite, son numéro de référence et une échelle de longueur (ex : règle graduée).

Année	uh	bassin	cours_deau	commune	lieu_dit	x193	y193	altitude (m)	Code_Genet	Code_étude	Type_prelevt	Date	Nombre de poissons prélevés
2012	Loire	BESBRE	Barbenan	Arfeuilles	Moulin Beaulieu	756009	6560960	454	BESBar1	RSPP3	Inv	07/09/12	13
2012	Loire	BESBRE	Barbenan	Arfeuilles	Pont Morel	757261	6564729	374	BESbar1bis	Genet_TRF	Son	07/09/12	17
2012	Loire	BESBRE	Barbenan	Arfeuilles	Précontent	759750	6556878	678	BESBar2	RSPP2	Inv	06/09/12	31
2012	Loire	BESBRE	Besbre	Le Breuil	Magnant	751410	6565521	310	BESBes1	RSPP5	Inv	11/09/12	29
2012	Loire	BESBRE	Besbre	Châtel Montagne	Pont de la Chassagne	752292	6556370	420	BESBes2	Genet_TRF	Inv	17/09/12	26
2012	Loire	BESBRE	Besbre	St Clément	terrain de sport	754258	6552254	478	BESBes3	Genet_TRF	Inv	18/09/12	31
2012	Loire	BESBRE	Besbre	La Chabanne	Pont de Chaudagne	757306	6546933	536	BESBes4	RSPP6	Inv	05/09/12	30
2012	Loire	SICHON	Sichon	Arronnes	Gué Chervais	741297	6554463	330	SICSic1	RSPP15	Inv	02/10/12	18
2012	Loire	SICHON	Sichon	Cusset	Moulin Ribière	737713	6556606	295	SICSic0	RSPP14	Inv	02/10/12	25
2012	Loire	SICHON	Sichon	Férières/Sichon	Mortles	748287	6546788	500	SICSic2	Genet_TRF	Inv	26/09/12	11
2012	Loire	SICHON	Sichon	Férières/Sichon	Pierre Encize	751367	6546413	589	SICSic3	Genet_TRF	Inv	03/10/12	25
2012	Loire	SICHON	Theux	Férières/Sichon	Moulin Bigay	748275	6545857	470	SICThe1	RSPP19	Inv	25/09/12	21
2012	Loire	SICHON	Terrasson	Férières/Sichon	Pont de Becouze	746706	6545586	509	SICTer1	RSPP18	Inv	25/09/12	15
2012	Loire	ALLIER	Darot	Mariol	Bourg	738670	6546922	305	ALLDar1	RSPP10	Inv	14/09/12	25
2012	Loire	SIOULE	Sioule	Chouvigny	Camping Peraclos	701900	6555860	315	SIOSio1	Genet_TRF	Son	27/09/12	30
2012	Loire	CHER	Annon	Viplaix	Moulin des Ores	650279	6596748	290	CHEAm1	RSPP1	Inv	28/08/12	6
2012	Loire	CHER	Cher	La Petite Marche	Valette	664803	6564076	317	CHEChe1	Genet_TRF	Inv	24/09/12	15
2013	Loire	BESBRE	Coindre	St Nicolas des Biefs	Pont D477	760626	6551485	882	BESCo1	Genet_TRF	Son	13/06/13	31
2013	Loire	BESBRE	Sapey	Laprugne	La Grande Ecluse	762647	6546229	1002	BESSap	Genet_TRF	Inv	11/09/13	37
2012		PIS	Pisciculture	Férières/Sichon	moulin plat				PISPIa1	Genet_TRF		26/09/12	18
Total échantillons prélevés													454

TABLEAU 1 : LISTE DES STATIONS DE PRELEVEMENTS GENETIQUES (DEPARTEMENT 03)

Pour les besoins des analyses, tous les secteurs ont été recodés par un identifiant unique permettant d'identifier rapidement leur bassin d'origine. La correspondance entre ce code spécifique à l'étude et le nom de station d'origine est fournie pour chaque département en annexe 1.



Figure 4 : Truite ayant fait l'objet d'un prélèvement sur le Coindre à St Nicolas des Biefs

4.2 Type d'analyses génétiques

4.2.1 Extraction, amplification et génotypage sur le versant atlantique

Les prélèvements suivants ont été réalisés : Pour chaque individu, l'ADN a été extrait avec le Kit Wizard® SV 96 Genomic DNA Purification System (Promega, USA) selon les recommandations du fournisseur. La concentration en ADN a ensuite été mesurée à 260 nm et 280 nm au moyen d'un spectrophotomètre NanoDrop™ 1000 (Thermo Scientific) afin de s'assurer de la bonne qualité de l'ADN extrait.

Les ADN extraits ont été transmis à la Plateforme de Génotypage de Pierroton de l'INRA de Bordeaux pour amplification par PCR et génotypage sur séquenceur ABI3730 de 15 marqueurs microsatellites.

L'amplification a été réalisée en 2 multiplex (Harrang et al., données en cours de publication).

Un marqueur microsatellite correspond à la répétition continue d'un motif composé de plusieurs nucléotides sur une séquence ADN donnée. Le nombre de répétition d'un même motif varie d'un individu à l'autre, et d'un allèle à l'autre chez un même individu. Ces marqueurs microsatellites sont utilisés pour mesurer la diversité génétique au sein d'un groupe d'individus. Les 15 marqueurs microsatellites sont présentés dans le Tableau 2.

Plex	Marqueurs	Dye	amorces F (5' - 3')	amorces R (5' - 3')
Plex 1	Ssa159NVH	6'FAM	TGTTTGACGCCTCGTCTG	CGCTGATCTTTGTGTAAGG
	Str543INRA	6'FAM	CTTTCTCTTGCATAGTACGG	GTTTCTACAGTCAGCACAAAGTC
	Str60INRA	6'FAM	CGGTGTGCTTGTGTCAGGTTTC	GTCAAGTCAGCAAGCCTCAC
	SsaD71	NED	AACGTGAAACATAAATCGATGG	TTAAGAATGGGTTGCCATATGAG
	Str58CNRS	PET	GCTCACCTCGTAATAAGGAGG	AAGGACTTGAAGGACGAC
	BS131	VIC	CACATCATGTTACTGCTCC	CAGCCTAATTCTGAATGAG
	Ssa408UOS	VIC	AATGGATTACGGGTACGTTAGACA	CTCTTGTGCAGGTTCTTCATCTGT
Plex2	Oneµ9	6'FAM	CTCTCTTTGGCTCGGGGAATGTT	GCATGTTCTGACAGCCTACAGCT
	Ssa85DU	6'FAM	AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC	ACCCGCTCCTCACTTAATC
	SsoSL438	NED	TGACAACACACAACCAAGG	GTA AAAATGGAAGCATCTGTG
	T3-13	NED	CCAGTTAGGGTTCATTGTCC	CGTTACACCTCTCAACAGATG
	CA060177	PET	CGCTTCCTGGACAAAAATTA	GAGCACACCCATTCTCA
	Ssa197DU	PET	GGGTTGAGTAGGGAGGCTTG	TGGCAGGGATTGACATAAC
	Ssa171DU	VIC	TTATTATCCAAAGGGGTCAAAA	GAGGTCGCTGGGGTTTACTAT
	Str73INRA	VIC	CCTGGAGATCCTCCAGCAGGA	CTATTCTGCTTGTAACTAGACCTA

Tableau 2 : Marqueurs microsatellites utilisés pour le génotypage chez la truite commune *Salmo trutta*. Pour chaque marqueur, deux amorces sont nécessaires : F (= Forward) désigne l'amorce dite « sens » (sens de lecture de la séquence ADN) et R (= Reverse) désigne l'amorce dite « anti-sens » (complémentaire à la séquence ADN, dans le sens inverse de lecture).

Les résultats du génotypage des marqueurs microsatellites ont été vérifiés et lus individuellement avec le logiciel PeakScanner v2.0 (ThermoFisher Scientific). Les données de génotypage utilisées pour la présente étude portent sur 14 des 15 marqueurs microsatellites. En effet, le marqueur Ssa171DU a dû être retiré du jeu de données à cause de sa trop grande variabilité.

4.2.2 Caractéristiques et qualité des échantillons

Lors d'un échantillonnage par pêche électrique, il y a un risque d'échantillonner des individus faisant partie de la même fratrie. Dans ce cas, l'interprétation des données génétiques obtenues pourrait être biaisée (Hansen et al. 1997). Dans la présente étude, ce risque a été limité par le protocole mis en œuvre :

1. En évitant d'échantillonner les juvéniles de l'année (0+).
2. En échantillonnant plusieurs classes d'âge.
3. En répartissant les prélèvements sur un linéaire de rivière relativement important.

Cependant pour vérifier que les échantillons ne soient pas composés majoritairement d'individus de la même famille, une analyse avec le logiciel COLONY 2.0 (Wrang 2004, 2009) a été réalisée. Ainsi, pour chaque échantillon, le **pourcentage d'individus appartenant à une même famille** a été évalué.

Les déviations par rapport à l'**équilibre d'Hardy-Weinberg (HW)** et l'existence de **déséquilibre de liaison (DL)** ont été testés à l'aide de GENEPOP v4.2 (Rousset, 2008). Le seuil initial de significativité ($P=0,05$) a été ajusté par la correction de Bonferroni pour les comparaisons multiples des 20 échantillons ($P=0,05/20 = 0,0025$), des 14 loci ($P=0,05/14 = 0,0035$), et des 91 combinaisons de loci ($P=0,05/91 = 0,0005$).

L'**indice de fixation Fis** (Wright, 1969) de chaque échantillon a été calculé en utilisant le logiciel Arlequin v3.5 (Excoffier et Lischer, 2010) et sa significativité a été testé par permutations. Cet indice varie de -1 à +1 et renseigne sur le déficit en hétérozygote dans un échantillon. Un Fis 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 d'hétérozygote.

4.2.3 Diversité génétique des échantillons

La diversité génétique au sein de chaque échantillon a été étudiée à l'aide de 3 paramètres :

- **La moyenne du nombre d'allèles (A) par locus ;**
- **La richesse allélique (AR)** qui correspond au nombre total d'allèles divisé par le nombre de loci ;
- **L'hétérozygotie attendues (He)** qui indique la proportion d'individus hétérozygotes à laquelle on s'attend dans une population panmictique.

A et AR ont été calculés à l'aide du logiciel FSTAT (Goudet, 1995) et He avec le logiciel Arlequin.

La taille efficace de la population, Ne, a également été estimée. 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 engendre une descendance. La taille efficace (Ne) est une estimation de l'abondance des géniteurs efficace 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. Ne a été estimée pour chaque échantillon à l'aide du logiciel NeEstimator V2 (Do et al. 2014) en utilisant la méthode du déséquilibre de liaison. Son intervalle de confiance à 95% a également été estimé.

4.2.4 Différentiation et structure génétique entre les échantillons

La différence et la structuration génétique entre les échantillons a été étudiée par 3 approches :

- **Les indices de différenciations FST** ont été calculés pour chaque pair d'échantillons. Cet indice renseigne sur la différence génétique entre les échantillons sur la base des fréquences alléliques. Il varie de 0 à 1, plus il est élevé plus la différenciation génétique

entre les deux échantillons est importante. Ces calculs ainsi que les tests de significativité basés sur 3800 permutation ont été réalisés avec le logiciel FSTAT.

- 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. Le nombre le plus probable de clusters a été évalué selon la procédure décrite par Evanno et al. (2005) avec l'utilitaire STRUCTURE HARVESTER (Earl et vonHoldt, 2012).
- Les distances génétiques (D_c) de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) calculées pour chaque pair d'échantillons ont été utilisées pour construire un dendrogramme (arbre phylogénétique). Pour ce faire, les fréquences alléliques ont été calculées avec FSTAT et le package Phylip (Felsenstein, 1993) a été utilisé pour générer les D_c et les dendrogrammes. La robustesse des branches a été testée par bootstrap en réalisant 1000 réplicats. Le dendrogramme final a été visualisé avec TreeView (Page 1996).

5 Résultats

5.1 Caractéristiques et qualité des échantillons

Au total, 454 individus ont été échantillonnés répartis en 20 échantillons, 19 sur des populations naturelles et un provenant de la pisciculture. Le nombre d'individus par échantillon varie de 6 à 31. La taille des individus échantillonnés varie de 124mm à 444mm et les classes d'âge de 1+ à 6+.

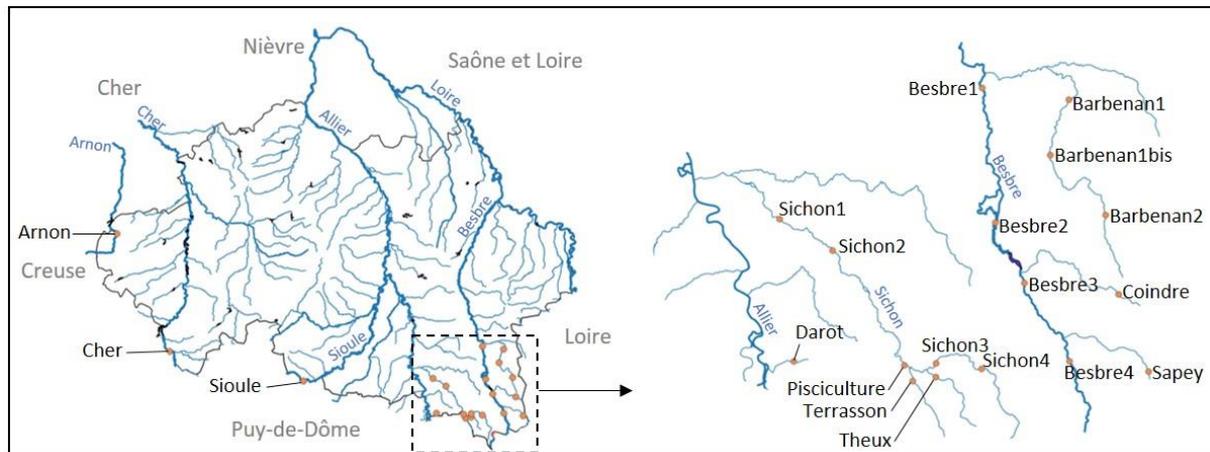


Figure 5 : Carte de localisation des échantillons dans le département de l'Allier

Sur les 454 individus analysés, 25 (soit 6 %) n'ont pas pu être génotypés. Aussi, les analyses de données ont été réalisées sur 429 individus.

Pour l'ensemble des loci, des déviations à l'équilibre HW ont été observées dans 5 populations : Barbenan2, Besbre3, Besbre4, Coindre et Sioule.

Sur les 280 tests de combinaison échantillon-locus, seuls 10 montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW, ils concernent les loci Str58CNRS pour 4 populations, T3-T13 pour 4 populations, et CA060177 pour 2 populations.

Quatre échantillons montrent un déficit significatif d'hétérozygotes : Barbenan1 ($F_{is}=0,176$), Besbre3 (0,171), Sichon4 (0,121), Sioule (0,092) et Pisciculture (0,153) (tableau 3).

Les échantillons ne sont pas dominés par des individus issus de mêmes familles. Seuls 4 échantillons montrent quelques individus pouvant provenir de la même fratrie (tableau 3).

Cours d'Eau	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%)
Arnon	CHEArn1	Moulin des Ores	Arnon	6	6	0	0,705	4,00	3,39	0,199	∞ (29-∞)
Barbenan	BESbar1	Moulin Beaulieu	Barbenan-1	13	13	0	0,600	3,93	2,73	0,141	163 (16-∞)
Barbenan	BESbar1bis	Pont Morel	Barbenan-1bis	17	17	0	0,648	5,21	2,99	0,023	120 (31-∞)
Barbenan	BESbar2	Précontent	Barbenan-2	31	21	0	0,578	5,64	2,71	0,006	460 (52-∞)
Besbre	BESbes1	Magnant	Besbre-1	29	25	0	0,669	7,14	3,24	-0,006	165 (51-∞)
Besbre	BESbes2	Pont de la Chassagne	Besbre-2	26	21	2 (9)	0,700	7,00	3,44	-0,002	42 (23-136)
Besbre	BESbes3	Terrain de sport	Besbre-3	31	30	4 (13)	0,755	8,43	3,70	0,108	22 (18-28)
Besbre	BESbes4	Pt de Chaudagne	Besbre-4	30	30	0	0,618	5,43	2,99	0,097	∞ (103-∞)
Cher	CHEche1	Valette	Cher	15	15	0	0,677	5,93	3,26	-0,003	110 (30-∞)
Coindre	BEScoi	Pont D477	Coindre	31	27	0	0,556	4,43	2,65	0,018	76 (26-∞)
Darot	ALLdar1	Le Bourg	Darot	25	25	2 (8)	0,744	7,43	3,57	0,012	54 (31-152)
Sapey	BESsap	La Grande Ecluse	Sapey	37	32	0	0,483	3,50	2,37	0,038	47 (24-189)
Sichon	SICsic0	moulin ribière	Sichon-1	25	25	0	0,670	6,64	3,19	-0,009	105 (42-∞)
Sichon	SICsic1	Gué chervais	Sichon-2	18	18	0	0,661	5,71	3,11	-0,002	252 (46-∞)
Sichon	SICsic2	Mortes	Sichon-3	11	11	2 (18)	0,695	6,07	3,40	0,000	39 (16-∞)
Sichon	SICsic3	Pierre encize	Sichon-4	25	25	0	0,745	8,79	3,62	0,117	26 (19-37)
Sioule	SIOsio1	Péraclos	Sioule	30	30	0	0,646	8,43	3,31	0,085	27 (21-38)
Terrasson	SICter1	Pont de Becouze	Terrasson	15	15	0	0,742	7,57	3,68	0,023	24 (15-53)
Theux	SICthe1	Moulin Bigay	Theux	21	15	0	0,662	5,57	3,18	0,037	62 (23-∞)
Pisciculture	PISpia1	Moulin Piat	Pisciculture	18	18	0	0,676	6,00	3,25	0,080	17 (12-28)

Tableau 3 : Synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, Ho = hétérozygotie observée, 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%.

5.2 Diversité génétique des échantillons

Dans l'ensemble, les échantillons montrent des populations relativement bien diversifiées. Le nombre moyen d'allèles par locus (A), varie de 3,5 l'échantillon du Sapey à 8,79 pour Sichon4. La richesse allélique (Ar) varie de 2,37 pour Sapey à 3,70 pour Besbre3. L'hétérozygotie attendue varie de 0,48 (Sapey) à 0,75 (Besbre 3).

Les diversités génétiques les moins élevées se situent sur le Sapey, le Coindre, et le Barbenan. L'échantillon Besbre4 montre une diversité beaucoup plus faible que les 3 autres échantillons de la Besbre.

5.3 Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les Fst entre les échantillons varient de 0,0036 à 0,2423 (tableau 4). Elles permettent d'obtenir les informations suivantes :

- Une différenciation génétique importante est constatée entre le Sapey et tous les autres échantillons.
- Le Cher se distingue de tous les autres échantillons sauf de Besbre3 avec qui il a une Fst faible (0,0234).
- Le Coindre se différencie également des autres échantillons mais montre des Fst plus faibles avec les échantillons de la Besbre et celui de la Sioule.
- Le Darot a tendance à se différencier des autres échantillons sauf pour 4 d'entre eux : Sichon3, Sichon4, Terrasson et Theux.
- Des valeurs de Fst faibles sont observées entre plusieurs échantillons géographiquement proches : les 3 échantillons du Barbenan, les échantillons de la Besbre excepté pour Besbre3, et les 4 échantillons du Sichon.
- La Sioule semble se rapprocher des échantillons de la Besbre.

- L'échantillon de la pisciculture montre une certaine proximité avec 3 échantillons du Sichon (Sichon1, 2 et 3) et de Besbre 4.

	Arnon	Barbenan-1	Barbenan-1bis	Barbenan-2	Besbre-1	Besbre-2	Besbre-3	Besbre-4	Cher	Coindre	Darot	Sapey	Sichon-1	Sichon-2	Sichon-3	Sichon-4	Sioule	Terrasson	Theux	
Barbenan-1	0.1151	-																		
Barbenan-1bis	0.1224	0.0083	-																	
Barbenan-2	0.1610	0.0357	0.0233	-																
Besbre-1	0.0939	0.0591	0.0451	0.0887	-															
Besbre-2	0.0616	0.0790	0.0676	0.1129	0.0300	-														
Besbre-3	0.0614	0.0886	0.0774	0.1270	0.0574	0.0380	-													
Besbre-4	0.0957	0.0546	0.0588	0.0956	0.0292	0.0358	0.0809	-												
Cher	0.1417	0.1426	0.1271	0.1784	0.1219	0.1056	0.1542	0.1939	-											
Coindre	0.1450	0.1028	0.0827	0.1142	0.0556	0.0714	0.1156	0.0639	0.1596	-										
Darot	0.0922	0.1344	0.1152	0.1616	0.0939	0.0795	0.0590	0.1227	0.1003	0.1596	-									
Sapey	0.2242	0.1711	0.1316	0.1400	0.0996	0.1091	0.1582	0.1234	0.2423	0.1129	0.2074	-								
Sichon-1	0.1093	0.1138	0.0882	0.1279	0.0738	0.0913	0.0703	0.1103	0.1160	0.1394	0.0584	0.1743	-							
Sichon-2	0.1264	0.1027	0.0796	0.1227	0.0794	0.0890	0.0679	0.1134	0.0955	0.1351	0.0598	0.1884	0.0038	-						
Sichon-3	0.0824	0.0797	0.0631	0.1012	0.0638	0.0718	0.0528	0.0823	0.0942	0.1124	0.0331	0.1798	0.0097	0.0069	-					
Sichon-4	0.0574	0.1034	0.0965	0.1309	0.0860	0.0667	0.0261	0.1109	0.0741	0.1402	0.0318	0.1844	0.0406	0.0382	0.0150	-				
Sioule	0.0674	0.0463	0.0554	0.0945	0.0425	0.0218	0.0576	0.0203	0.1069	0.0685	0.0929	0.1242	0.0848	0.0748	0.0547	0.0728	-			
Terrasson	0.0618	0.0869	0.0813	0.1218	0.0607	0.0567	0.0207	0.0887	0.0533	0.1235	0.0276	0.1812	0.0377	0.0311	0.0178	0.0051	0.0540	-		
Theux	0.0897	0.1148	0.0979	0.1301	0.0722	0.0881	0.0679	0.1057	0.1217	0.1255	0.0483	0.1840	0.0267	0.0249	0.0104	0.0449	0.0877	0.0204	-	
Pisciculture	0.0826	0.0845	0.0697	0.1044	0.0588	0.0696	0.0612	0.0716	0.1057	0.0947	0.0645	0.1703	0.0185	0.0144	0.0036	0.0308	0.0465	0.0309	0.0445	-

Tableau 4 : Présentation des indices de différenciation, F_{st} , par pair d'échantillons. Les valeurs significatives sont présentées en gras. Un gradient de couleur du rouge au bleu permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.

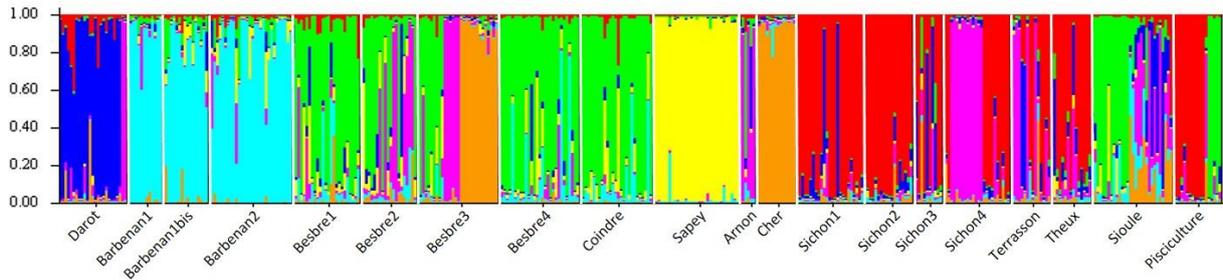


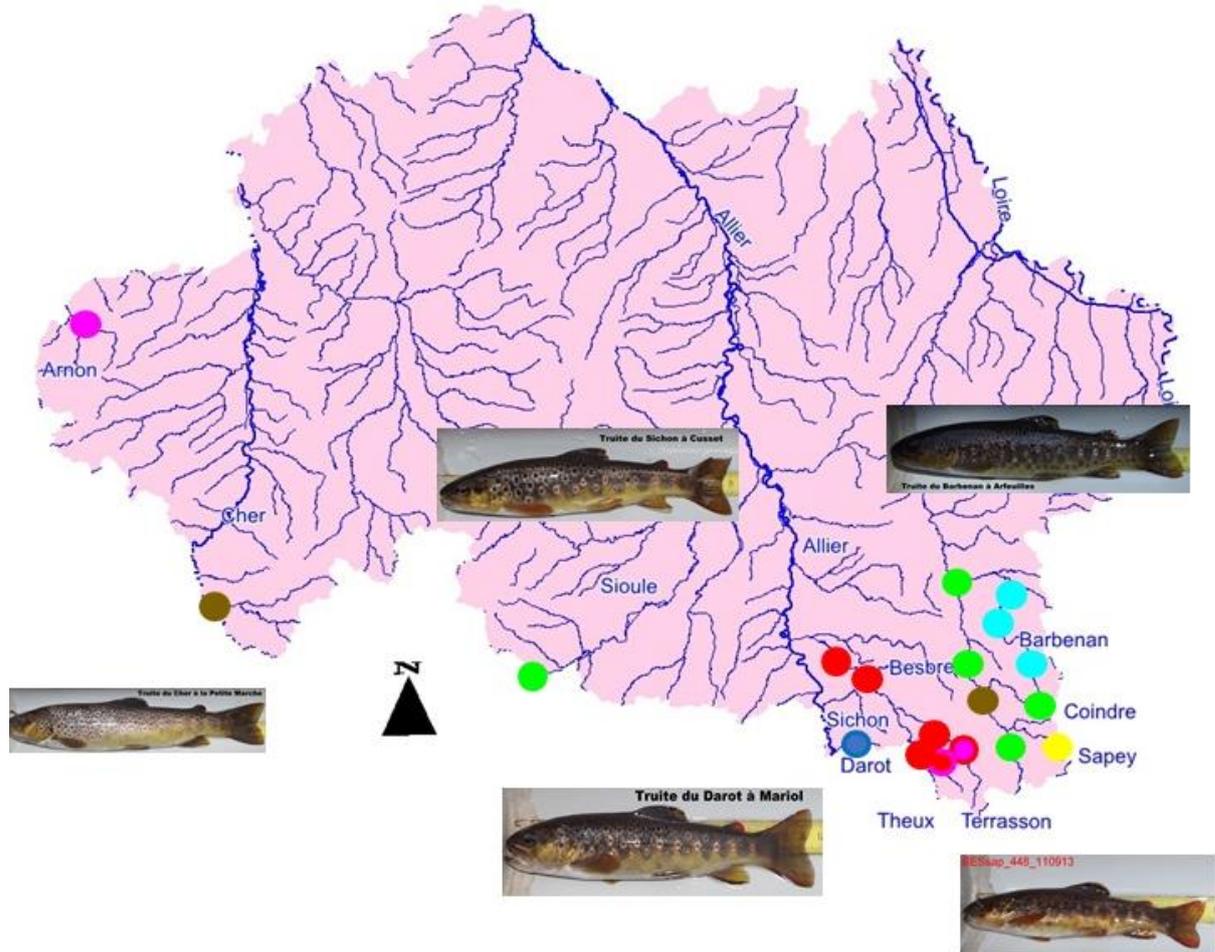
Figure 6 : Présentation des 7 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. Les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters.

Echantillon	Effectif	Clusters						
		1	2	3	4	5	6	7
Darot	25	76%	1%	1%	1%	10%	8%	4%
Barbenan-1	13	1%	90%	1%	3%	3%	1%	1%
Barbenan-1bis	17	2%	77%	5%	10%	1%	2%	3%
Barbenan-2	31	2%	83%	5%	4%	3%	2%	1%
Sapey	32	0%	2%	95%	1%	1%	1%	0%
Besbre-1	25	5%	11%	8%	65%	5%	4%	3%
Besbre-4	30	3%	11%	7%	72%	4%	1%	1%
Coindre	27	1%	9%	8%	78%	1%	3%	1%
Sioule	30	14%	10%	5%	41%	17%	4%	10%
Besbre-2	21	8%	4%	10%	45%	29%	1%	3%
Arnon	6	10%	3%	2%	15%	66%	3%	1%
Sichon-4	25	3%	1%	1%	1%	48%	45%	3%
Terrasson	15	13%	2%	1%	2%	35%	37%	11%
Sichon-1	25	11%	1%	1%	1%	2%	82%	1%
Sichon-2	18	4%	2%	1%	1%	2%	87%	3%
Sichon-3	11	20%	2%	2%	6%	7%	59%	5%
Theux	15	10%	1%	3%	4%	9%	72%	2%
Pisciculture	18	2%	1%	1%	26%	6%	63%	2%
Besbre-3	30	1%	2%	4%	25%	22%	2%	44%
Cher	15	1%	2%	1%	1%	1%	1%	94%

Tableau 5 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon, assignés aux 7 clusters identifiées par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 6.

L'analyse par STRUCTURE a identifié les 7 clusters génétiques suivants (figure 6 et tableau 5) :

- Un groupe correspondant à l'échantillon Sapey car 95% des individus échantillonnés sont assignés correctement dans ce groupe.
- Un groupe Darot comprenant 76% des individus de l'échantillon Darot.
- Un groupe Barbenan est clairement identifié. Il regroupe ensemble la majorité des individus des 3 échantillons de cette rivière.
- Un groupe est constitué de la majorité des individus des échantillons Besbre1, Besbre4 et Coindre et de 45 et 41% des individus de Besbre2 et de la Sioule. A noter également que 26% des individus de la pisciculture sont assignés à ce groupe.
- Un groupe constitué en majorité par les individus de l'Arnon et mais regroupant également 48% des individus de Sichon4 et 35% des individus de Terrasson.
- Un groupe constitué majoritairement des échantillons Sichon1, 2 et 3, Theux et pisciculture.
- Un groupe Cher se distingue clairement. 94% des individus de l'échantillon Cher sont assignés à ce groupe. Cependant, il est surprenant de voir que 44% des individus de l'échantillon Besbre3 qui est géographiquement très éloigné du Cher font partis de ce cluster.



Secteur dont plus de 50% des individus appartiennent à un cluster :

Secteur dont les individus se partagent entre 2 clusters :

- Cluster 1
- Cluster 2
- Cluster 3
- Cluster 4
- Cluster 5
- Cluster 6
- Cluster 7

- Centre = cluster majoritaire
- Bordure = cluster secondaire

Figure 7 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 7 clusters

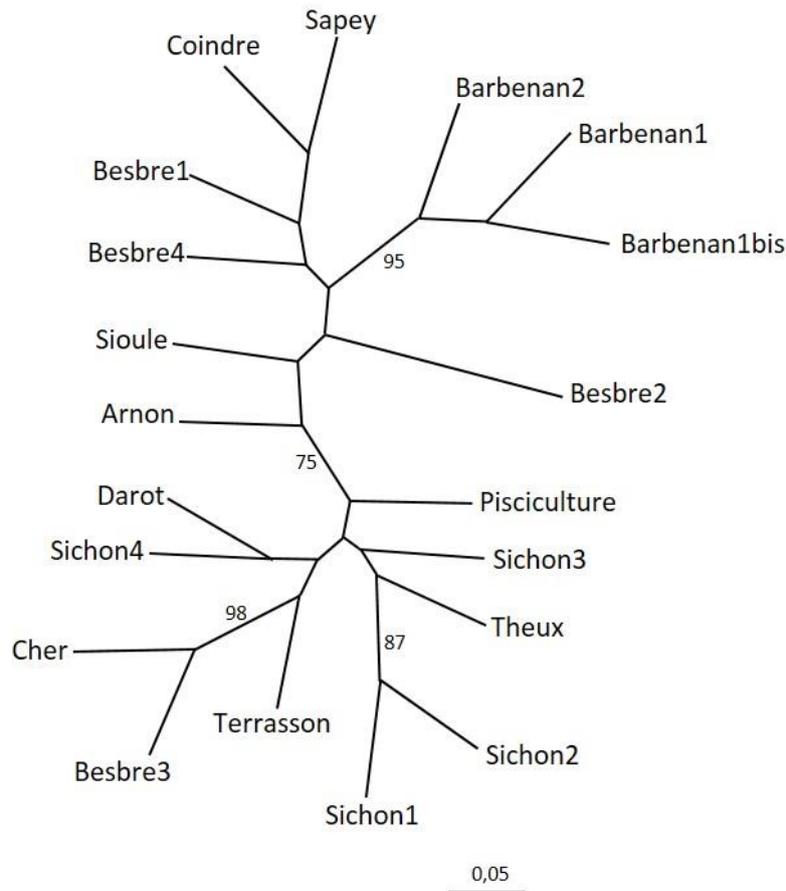


Figure 8 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_G). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seules les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.

Le dendrogramme des distances génétiques révèle les informations suivantes (figure 7) :

- Un groupe clairement identifié est constitué des 3 échantillons du Barbenan. Il est génétiquement distinct des autres échantillons (robustesse de 95%).
- Les échantillons Cher et Besbre3 se retrouvent dans un même groupe soutenu par une robustesse de 98%. Ce regroupement n'a pas de cohérence géographique.
- Les échantillons Sichon1 et Sichon2 montre peu de différence entre eux et constitue un groupe distinct avec une robustesse de 87%.
- Une distinction moins importante (robustesse de 75%) entre deux groupes constitués par d'une part les échantillons « Pisciculture, Sichon3, Theux, Sichon4 et Darot » et d'autre part par les échantillons « Arnon, Sioule, Besbre2, Besbre4, Besbre1, Coindre et Sapey ».

6 Discussion

Les analyses génétiques réalisées ont permis de montrer que, dans l'ensemble, les populations de truites farios du département présentent une diversité génétique relativement bonne. Les populations présentant les diversités génétiques les plus faibles sont celles du Sapey, du Coindre et du Barbenan. Ce déficit de diversité génétique peut s'expliquer par un certain isolement de ces cours d'eau par rapport aux cours d'eau principaux notamment sur les secteurs échantillonnés et l'absence de déversements à partir de truites de pisciculture.

De plus, les analyses génétiques ont également permis de mettre en évidence l'existence de populations encore bien différenciées sur le Barbenan et le Sapey. Ces 2 cours d'eau, sur les secteurs échantillonnés, font l'objet d'une gestion patrimoniale sans déversements de truites de pisciculture depuis plusieurs décennies. Ce constat renforce l'intérêt patrimonial de ces populations et l'intérêt de maintenir cette gestion qui vise à bannir tout apport de poissons de pisciculture.

On note également l'identification assez marquée d'un groupe sur le Darot. Ce cours d'eau, affluent de la rivière Allier, présente, en effet, une population fonctionnelle avec des densités importantes de truites farios. De par sa localisation géographique, ce cours d'eau est relativement éloigné des autres contextes salmonicoles ce qui peut justifier l'existence d'une population différenciée. Cependant, des déversements de truites de pisciculture étaient encore récemment réalisés ce qui peut expliquer la proximité de ce groupe avec le groupe composé des échantillons « Pisciculture, Sichon3, Theux, Sichon4 »

Il est également possible d'identifier un groupe spécifique composé des échantillons prélevés sur le Cher amont en lien avec l'éloignement géographique de ce bassin avec les autres contextes salmonicoles du département. Cependant, rien ne permet de justifier la proximité de ce groupe avec les échantillons de la Besbre à Saint Clément.

La différenciation des autres groupes apparaît ensuite moins nette même si on note l'existence d'un groupe composé des échantillons des stations du Sichon aval (Sichon1 et Sichon2), médian (Sichon3), de la pisciculture. Le rapprochement des échantillons de la pisciculture à ce groupe apparaît logique compte tenu que les géniteurs utilisés avaient été capturés historiquement sur le Sichon. Au sein de ce groupe, les échantillons de Sichon1 (Moulin Ribière) et Sichon2 (Gué Chervais) montre peu de différence entre eux et constitue un groupe bien différencié ce qui peut s'expliquer par l'isolement de cette population avec les populations situées plus à l'amont du Sichon en raison de la présence d'un infranchissable naturelle au niveau de l'ardoisière.

Concernant les autres secteurs échantillonnés et notamment ceux sur la Besbre, la Sioule, l'Arnon et le Sichon amont à Ferrières, les distinctions sont nettement moins importantes avec également le regroupement d'échantillons appartenant à des cours d'eau qui sont géographiquement éloignés. La pratique de déversements massifs de truites de pisciculture à différents stades durant des décennies sur ces cours d'eau ont certainement influencé la génétique des populations et modifié les souches locales.

En conclusion, les résultats de cette étude génétique sur les populations de truites farios du département de l'Allier doivent orienter les préconisations du Plan Départemental pour la Protection du Milieu Aquatique et la Gestion des Ressources Piscicoles en cours d'actualisation. Ainsi, une gestion patrimoniale sans déversement doit être une priorité sur les secteurs et les

cours d'eau qui présentent encore des populations différenciées et/ou fonctionnelles de truites farios.

7 Bibliographie

Baran, P. (1995). Analyse de la variabilité des abondances de truites communes (*Salmo trutta* L.) dans les Pyrénées centrales françaises. Influence des échelles d'hétérogénéité de l'habitat. Thèse de l'INP Toulouse, Doc. Sciences Agronomiques, n° 1010, 25 Avril 1995, 147 pages.

Bernatchez L., 2001. - The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta*, L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution*, 55 : 351-379.

Caudron, A. (2008). Etude pluridisciplinaire des populations de truite commune des torrents hautsavoyards soumises à repeuplements : diversité intraspécifique, évaluation de pratiques de gestion et ingénierie de la conservation de populations natives, Thèse de doctorat de l'université de Savoie, Chambéry, 180p.

Cucherousset, J., Roussel, J. M., Keeler, R., Cunjak, R. A. & Stump, R. (2005). The use of two new portable 12-mm PIT tag detectors to track small fish in shallow streams. *North America Journal of Fisheries Management* 25, 270 – 274.

Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator v2: reimplementing of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 14(1), 209-214.

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.

Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.

Felsenstein, J. (1993). {PHYLIP}: phylogenetic inference package, version 3.5 c. 883-902

Goudet, J. (1995). FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of heredity*, 86(6), 485-486.

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.

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.

LAIKRE L., 1999 (Ed). - Conservation genetic management of Brown trout (*Salmo trutta*) in Europe. Report by the Concerted Action on identification, management and exploitation of genetic resources in the Brown trout (*Salmo trutta*), 91 p. ("Troutconcert", EU FAIR CT97-3882).

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

Rousset, F. (2008). genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources*, 8(1), 103-106.

Wang, J. (2004). Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166(4), 1963-1979.

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

Waples, Robin and Hendry, Andrew P., "Special Issue: Evolutionary perspectives on salmonid conservation and management" (2008). Publications, Agencies and Staff of the U.S. Department of Commerce. Paper 447.

8 Annexes

Annexe 1 : Correspondance code station département Allier

Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Cher	Arnon	CHEArn1	Moulin des Ores	C001
Besbre	Besbre	BESbes4	Pt de Chaudagne	L041
Besbre	Barbenan	BESbar2	Précontent	L037
Besbre	Barbenan	BESbar1	Moulin Beaulieu	L035
Besbre	Barbenan	BESbar1bis	Pont Morel	L036
Besbre	Besbre	BESbes1	Magnant	L039
Allier	Darot	ALLdar1	Le Bourg	A013
Besbre	Besbre	BESbes2	Pont de la Chassagne	L040
Besbre	Besbre	BESbes3	Terrain de sport	L042
Cher	Cher	CHEche1	Valette	C003
Sichon	Terrasson	SICter1	Pont de Becouze	A137
Sichon	Theux	SICthe1	Moulin Bigay	A138
Sichon	Sichon	SICsic2	Mortes	A134
PIS	Pisciculture	PISpia1	Moulin Piat	P001
Sioule	Sioule	SIOsio1	Péraclos	A159
Sichon	Sichon	SICsic1	Gué chervais	A133
Sichon	Sichon	SICsic0	moulin ribière	A135
Sichon	Sichon	SICsic3	Pierre encize	A136
Besbre	Coindre	BEScoi	Pont D477	L043
Besbre	Sapey	BESsap	La Grande Ecluse	L044