

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

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

Mobiles : 06 63 71 34 93  
06 41 68 68 64

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

**Etude génétique de la population de truite commune (*Salmo trutta*) du bassin versant du Méchet (71)  
Année 2019 et comparaison avec 2016**

Fédération de Saône-et-Loire pour la Pêche et la Protection du milieu Aquatique



Rédaction : Arnaud CAUDRON (SCIMABIO Interface)  
Rémy CHASSGNOL (FDPMA 71)  
Keoni Saint-Pé (SCIMABIO Interface)

Aout 2020



# SOMMAIRE

Liste des photographies .....	1
Liste des tableaux.....	1
Liste des figures.....	1
INTRODUCTION .....	3
1 Présentation du Méchet.....	4
2 MATERIEL ET METHODES .....	7
2.1 Echantillonnage de la population.....	7
2.2 Analyse génétique .....	12
2.3 Caractéristiques et qualité des échantillons .....	12
2.4 Diversité génétique des échantillons .....	13
2.5 Différentiation et structure génétique entre les échantillons .....	13
2.6 Impacts des rempoissonnements sur les populations du Méchet.....	14
3 RESULTATS.....	15
3.1 Caractéristiques principales des populations échantillonnées .....	15
3.2 Caractéristiques et qualité des échantillons .....	1
3.3 Evolution des populations entre 2016 et 2019 .....	1
3.3.1 Diversité génétique des échantillons .....	1
3.3.2 Différentiation et structure génétique entre les échantillons .....	2
3.4 Diversité et structure génétique de l'ensemble du bassin versant en 2019.....	4
3.4.1 Diversité génétique des échantillons .....	4
3.4.2 Différentiation et structure génétique entre les échantillons .....	5
3.4.3 Impacts des rempoissonnements sur les populations du Méchet.....	10
4 INTERPRETATION.....	11
Références.....	12

## Liste des photographies

Photographie 1 : Le Méchet à la Grande Verrière .....	4
Photographie 2 : Seuil de la prise d'eau de l'Étang Bouton .....	10
Photographie 3 : Cascade naturelle « aménagée » du Moulin de Marconnet en amont de la station Méchet 6 .....	10

## Liste des tableaux

Tableau 1 : Synthèse des déversements d'alevins de truite fario sur le Méchet et ses affluents. ....	6
Tableau 2 : informations générales sur les échantillonnages réalisés sur les secteurs étudiés en 2016 et 2019 au sein du bassin versant du Méchet.....	8
Tableau 3 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base de 120 SNPs. HWE = p-value pour le déséquilibre Hardy-Weinberg, Ho = hétérozygotie observée, He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%. ....	1
Tableau 4 : Présentation des indices de différenciation, Fst, par paire d'échantillons. Bleu clair <0 .05 ; Bleu entre 0.05 et 0.10 ; Jaune entre 0.10 et 0.15.....	2
Tableau 5 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 120 SNPs pour les sites 2019. HWE = p-value pour le déséquilibre Hardy- Weinberg, Ho = hétérozygotie observée, He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%. ....	5
Tableau 6 : Présentation des indices de différenciation, Fst, par paire d'échantillons. Bleu clair <0 .05 ; Bleu entre 0.05 et 0.10 ; Jaune entre 0.10 et 0.15 ; Orange entre 0.15 et 0.20. ....	7

## Liste des figures

Figure 1 : Situation géographique du Méchet au sein du département de Saône-et-Loire .....	5
Figure 2 : Carte du réseau hydrographique du bassin du Méchet.....	6
Figure 3 : Carte de localisation des secteurs échantillonnés (triangle bleu) et des ouvrages transversaux pouvant faire obstacle à la circulation piscicole sur le linéaire étudié du Méchet et de ses affluents.....	9
Figure 4 : Etude thermique du Méchet – Moyenne des températures moyennes sur les 30 jours consécutifs les plus chauds de l'été 2016 (Tm30jmax). ....	11
Figure 5 : Suivi des écoulements en période estivale (étés 2019 et 2020). ....	12
Figure 6 : Caractéristiques principales de la population de truite fario sur le bassin versant du Méchet. ....	16
Figure 7 : Nombre de géniteurs estimés à l'aide du logiciel Colony sur chaque secteur et sur les deux années d'étude.....	2

Figure 8 : DAPC obtenue à partir des fréquences alléliques des secteurs étudiés en 2016 (gauche) et en 2019 (droite).....	3
Figure 9 : Répartition sur chaque secteur des génotypes obtenus par le logiciel STRUCTURE pour K =2 clusters, pour les années 2016 (gauche) et 2019 (droite). 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.....	3
Figure 10 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés (si>70%).....	4
Figure 11 : DAPC sur les axes principaux de partition de la variance (axes 1 et 2). A : toutes populations ; B : sans Méchet 6, Méchet 6bis et Méchet 7.....	6
Figure 12 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés (si>70%).....	8
Figure 13 : Répartition sur chaque secteurs des 2 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. ....	9
Figure 14 : Sous structure du cluster excluant les populations Méchet 6, 6bis et 7. A : Structuration en 2 clusters (K=2) ; B : Structuration en 5 clusters (K=5).....	10
Figure 15 : Répartition sur chaque secteurs des 2 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE, et incluant la souche référence pisciculture. 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.....	10

## INTRODUCTION

La Fédération de Saône-et-Loire pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique participe activement avec le Parc Naturel Régional du Morvan et le Syndicat Intercommunal d'Etude et d'Aménagement de l'Arroux et de son bassin Versant (SINETA) à l'étude et la restauration des ruisseaux et des rivières de 1<sup>ère</sup> catégorie piscicole.

Parmi toutes les altérations qui affectent la qualité écologique des rivières du Morvan, l'altération de la continuité écologique des cours d'eau, le piétinement des lits de rivière par les bovins et l'altération de la ripisylve sont des problématiques importantes au bon déroulement du cycle écologique de certaines espèces de poissons à fortes valeurs bio-indicatrices, telles que la truite commune, la lamproie de Planer, le chabot, la lote et même des espèces amphihalines telles que l'anguille, le saumon atlantique et la lamproie marine.

C'est dans ce contexte que des travaux de restauration de la ripisylve et de mise en défens de berge ont été entrepris sur le Méchet et le ruisseau des Vernottes (un de ses affluents principaux). De même, des travaux de restauration de la continuité écologique ont été réalisés sur le Méchet, rivière classée en liste 1 et liste 2 par l'article L214-17 du code de l'Environnement. Le seuil de l'étang Bouton (ROE15950) a ainsi été effacé en 2016. Une étude de restauration de la continuité écologique sur le barrage de la microcentrale du Piejus (ROE 15952) est toujours en cours. Enfin plusieurs obstacles liés à des franchissements routiers ont été effacés ; deux obstacles sur l'aval du ruisseau des Vernottes et un sur le Méchet au niveau du lieu-dit la « Boutière » à Saint-Léger-sous-Beuvray.

Afin d'accompagner et orienter ces travaux, différentes études ont été menées. C'est ainsi qu'en 2016, un suivi thermique du Méchet et de ses principaux affluents, et un premier diagnostic génétique des populations de truite fario du cours principal du Méchet avaient été conduits. Pour compléter ces premiers résultats, un inventaire des obstacles à la libre circulation piscicole et une seconde étude génétique ont été conduites en 2019 sur l'ensemble du bassin versant, incluant le cours principal, 8 affluents et sous-affluents. En outre, certains échantillons de 2016 ont été réanalysés pour apporter des éléments de comparaisons.

Les données (génétique) récoltées ont été traitées et analysées par SCIMABIO Interface. Elles font l'objet de ce présent rapport.

## 1 PRESENTATION DU MECHET

Le Méchet (Photographie 1) prend sa source sur la commune de Saint Prix à 665 m d'altitude sous le refuge forestier de la Croisette. C'est un affluent de l'Arroux qu'il rejoint à la limite des communes de Monthelon et de Laizy.

Il s'écoule sur 24 km en traversant successivement les villages de Saint-Prix, Saint-Léger-sous-Beuvray et La Grande Verrière (Figures 1 et 2). Le bassin versant de 94 km<sup>2</sup> est partagé entre forêts sur les hauteurs et prairies dans les fonds de vallée.



Photographie 1 : Le Méchet à la Grande Verrière

Rivière du domaine privé, classée en première catégorie piscicole, le Méchet est un cours d'eau de fort intérêt patrimonial dont la gestion piscicole est confiée en aval de Saint-Léger-sous-Beuvray (71190) à l'Association Agréée pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (AAPPMA) d'Autun et en amont à la société de pêche communale de Saint-Prix (71190).

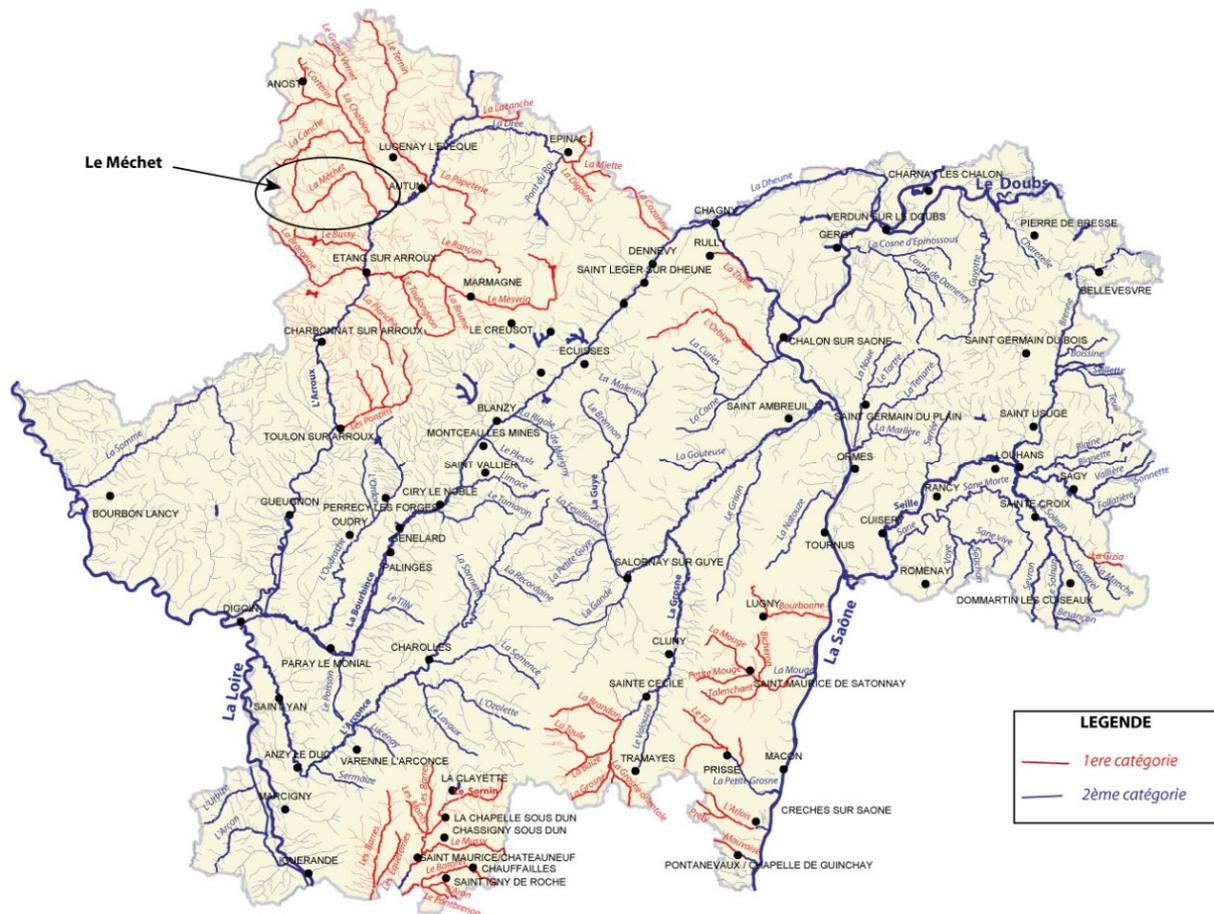


Figure 1 : Situation géographique du Méchet au sein du département de Saône-et-Loire

Le Méchet est caractérisé par un peuplement piscicole de type salmonicole avec la présence sur ses portions les plus aval de quelques cyprinidés d'eaux vives. Parmi les espèces de poissons qui colonisent le Méchet, on peut citer le barbeau fluviatile, le chabot, le chevesne, le goujon, le hotu, la loche franche, la lote, la lamproie de Planer, le spirilin, la truite commune, le vairon et la vandoise.

Mais le Méchet présente aussi d'excellentes potentialités pour les poissons migrateurs amphihalins (saumon atlantique, lamproie marine et anguille). Ce pourquoi, il a d'ailleurs fait l'objet de campagnes d'alevinage en tacons (jeunes saumons atlantiques) par le Conservatoire National du Saumon Sauvage.

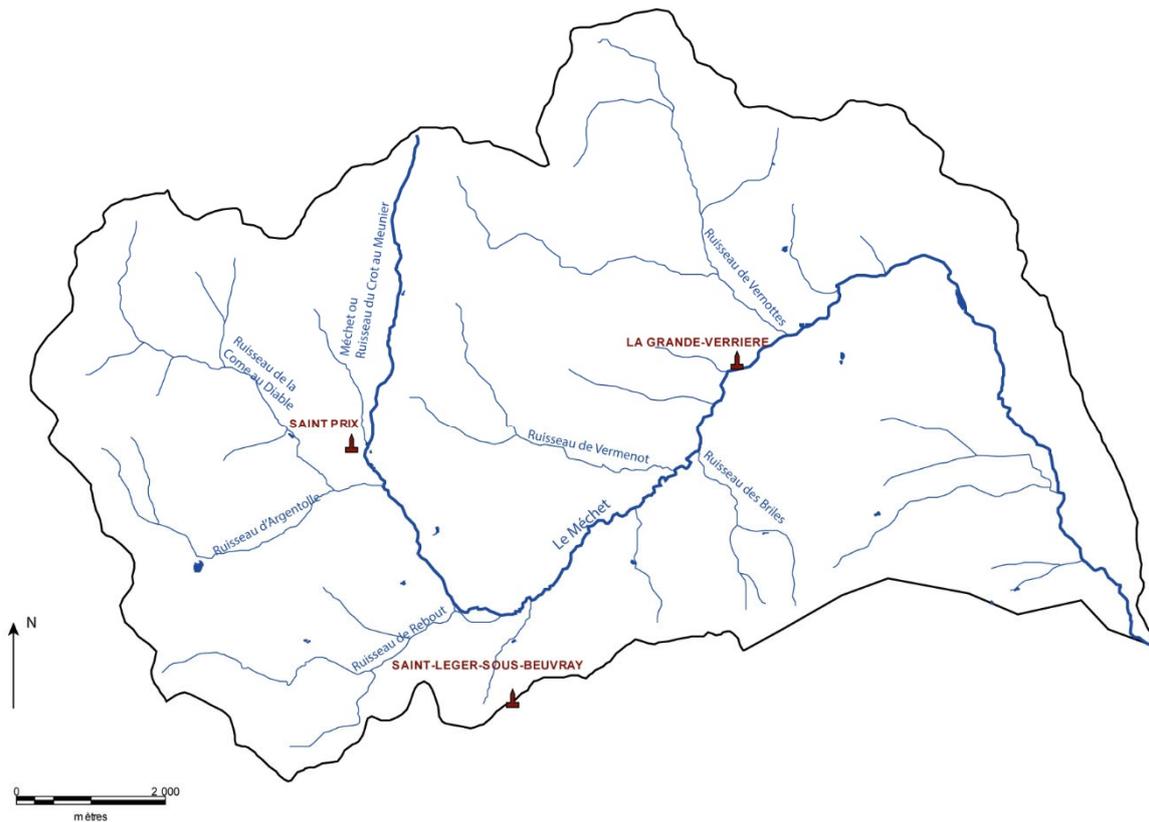


Figure 2 : Carte du réseau hydrographique du bassin du Méchet

Le Méchet fait aussi l'objet de campagnes d'alevinages annuelles en truites fario adultes, issues de pisciculture. Chaque année l'AAPPMA d'Autun en déverse entre 120 kg et 150 kg. Ces alevinages, complétés par des déversements de truites arc-en-ciel, ont une vocation halieutique. Ils sont réalisés peu avant et peu après l'ouverture de la pêche en 1<sup>ère</sup> catégorie piscicole. Ils permettent aux pêcheurs de capturer plus facilement des poissons atteignant la taille légale de capture. Peu adaptés et vite capturés, ces poissons ne subsistent quasiment pas dans le milieu naturel. Les empoissonnements réalisés par la société de pêche communale de Saint-Prix ne sont pas connus.

Par le passé, le Méchet et ses affluents ont aussi fait l'objet de déversements d'alevins de truites fario. Ces pratiques ont cessé en 1990. Lors de 5 campagnes d'alevinage, 95 000 truitelles avaient été introduites.

Déversement d'alevins dans le Méchet et ses affluents										
Année	Méchet à la Grande Verrière	Ru du Reuil	Ru des Vernottes	Ru du Croc au Meunier	Ru des Briles	Ru de Vermentot	Ru de Boisseau	Ru Piejus	Ru de Reuil Château	Total
1990	15000				5000					20000
1987		5000	2500	2500	5000	2500	2500			20000
1985		2000	2000	2000	2000			2000		10000
1984		3000	5000	5000		4000		3000		20000
1983		4000	2000	2000	4000	4000		4000	5000	25000
<b>Total</b>	<b>15000</b>	<b>14000</b>	<b>11500</b>	<b>11500</b>	<b>16000</b>	<b>10500</b>	<b>2500</b>	<b>9000</b>	<b>5000</b>	<b>95000</b>

Tableau 1 : Synthèse des déversements d'alevins de truite fario sur le Méchet et ses affluents.

## **2 MATERIEL ET METHODES**

### **2.1 Echantillonnage de la population**

L'échantillonnage de la population de truites du Méchet a été réalisé en 2019 par pêches électriques par le service technique de la Fédération de Saône-et-Loire pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique. 20 secteurs ont été échantillonnés de manière homogène sur la totalité du bassin versant du Méchet, et sont représentatifs de tronçons de cours d'eau situés entre des ouvrages plus ou moins franchissables pour la circulation piscicole (Figure 3).

Afin de pouvoir réaliser un petit comparatif entre 2006 et 2019, cinq échantillons prélevés pour l'étude de 2016 ont été réutilisés, quatre sur le Méchet (Méchet 2, 4, 6 et 7) et un sur la partie aval de son affluent l'Argentolle qui est en communication avec le cours principal (Argentolle1).

L'échantillonnage de 2019 s'est déroulé de juin à octobre (voir tableau 1). Pour rappel celui de 2016 avait eu lieu entre juin et août. Sur chaque secteur, un minimum de 20 individus a été recherché, même si cela n'a pas toujours été possible. Le nombre final d'individus échantillonnés par secteur varie de 4 à 32 (tableau 2) selon la quantité de poissons présents.

Pour une étude de génétique des populations, il est recommandé d'éviter d'échantillonner des individus faisant partie de la même fratrie (Hansen et al. 1997). Dans la présente étude, ce risque a été limité : 1/ en évitant d'échantillonner les juvéniles de l'année (0+) ; 2/ en échantillonnant plusieurs classes d'âge et 3/ en répartissant les prélèvements sur un linéaire relativement important, sur des sites assez distants. Seuls les individus d'âge supérieur ou égal à 1+ ont été recherchés (voir classes de tailles, Tableau 1). Chaque individu échantillonné a été anesthésié dans un bain d'eugénol, mesuré (longueur totale) puis un morceau de nageoire pelvienne a été prélevé et stocké dans l'éthanol 96° pour les analyses génétiques.

CodeStation	CoursDeau	Commune	Lieu Dit	X	Y	Date	N	TailleMoy(SD)
Argentolle1_2016	Ruisseau d'Argentolle	Saint Prix	Pont D 179	781734.71	6650578.35	22/09/2016	26	194(33)
Argentolle1_2019	Ruisseau d'Argentolle	Saint Prix	Pont D 179	781734.71	6650578.35	01/07/2019	32	172(57)
Argentolle2_2019	Ruisseau d'Argentolle	Saint Prix	Bois du Sureau	779460.15	6649817.13	28/06/2019	16	145(43)
Briles1_2019	Ruisseau des Briles	La Grande Verrière	Moulin Blanc Rnes	786277.13	6650887.98	02/07/2019	9	99(46)
Briles3_2019	Ruisseau des Briles	La Grande Verrière	La Come Pacotte	786708.17	6649958.17	27/06/2019	8	114(50)
ComeduDiable1_2019	Ruisseau de la Come du Diable	Saint Prix	La Planche	780607.02	6651485.7	02/07/2019	29	141(55)
ComeduDiable2_2019	Ruisseau de la Come du Diable	Saint Prix	La Reinge	779918.65	6652593.19	01/07/2019	17	122(44)
ComeduDiable3_2019	Ruisseau de la Come du Diable	Saint Prix	Le Ponts de la Mine	779762.98	6652152.4	01/07/2019	25	123(42)
Mechet2_2016	Le Méchet	La Grande Verrière	Le Grand Reuil	788651.31	6653399.9	08/07/2016	26	199(46)
Mechet2_2019	Le Méchet	La Grande Verrière	Le Grand Reuil	788651.31	6653399.9	03/07/2019	20	184(53)
Mechet4_2016	Le Méchet	Saint-Leger-sous-Beuvray	Le Breuil	784530.4	6649490.82	11/07/2016	26	214(55)
Mechet4_2019	Le Méchet	Saint-Leger-sous-Beuvray	Le Breuil	784530.4	6649490.82	03/07/2019	27	201(41)
Mechet6_2016	Le Méchet	Saint Prix	Genetouse	782166.77	6652128.11	02/08/2016	26	161(43)
Mechet6_2019	Le Méchet	Saint Prix	Genetouse	782166.77	6652128.11	04/07/2019	15	165(49)
Mechet6bis_2019	Le Méchet	Saint Prix	les Rues Carlin	782133.98	6652568	02/10/2019	14	121(51)
Mechet7_2016	Le Méchet	Saint Prix	les Seintes	782143.74	6654095.08	02/08/2016	25	121(28)
Mechet7_2019	Le Méchet	Saint Prix	les Seintes	782143.74	6654095.08	04/07/2019	27	130(30)
Rebout1_2019	Ruisseau du Rebout	Saint-Leger-sous-Beuvray	La Boutière	782933.43	6648781.01	02/07/2019	29	175(75)
Rebout2_2019	Ruisseau du Rebout	Saint-Leger-sous-Beuvray	Bois Renard	780219.32	6648134.96	28/06/2019	5	154(44)
Vermenot1_2019	Ruisseau de Vermenot	La Grande Verrière	Les Butteaux	785459.53	6650794.72	26/06/2019	20	160(66)
Vermenot2_2019	Ruisseau de Vermenot	La Grande Verrière	Vermenot	783788.7	6651372.8	26/06/2019	20	114(52)
Vernottes1_2019	Ruisseau des Vernottes	La Grande Verrière	Montaugey	786875.76	6653011.75	04/07/2019	17	185(80)
Vernottes2_2019	Ruisseau des Vernottes	La Grande Verrière	La Place	786414.08	6653546.61	04/07/2019	4	108(62)
Vernottes3_2019	Ruisseau des Vernottes	La Grande Verrière	Bois de Chassagne	785705.52	6656030.16	27/06/2019	6	136(44)
Vernottes4_2019	Ruisseau des Vernottes	La Grande Verrière	Come au Bâtard	784923.65	6655704.42	27/06/2019	17	109(36)

**Tableau 2 : Informations générales sur les échantillonnages réalisés sur les secteurs étudiés en 2016 et 2019 au sein du bassin versant du Méchet.**

Pour mieux appréhender le fonctionnement écologique du bassin, en complément des échantillonnages piscicoles, des inventaires des obstacles à la libre circulation piscicole (2007, 2018 et 2019), un suivi thermique (2016) et un suivi des débits en période de sécheresse importante (2019 et 2020) ont été entrepris.

Les premiers obstacles à la libre circulation ont été identifiés lors de l'élaboration des Schémas Départementaux de Vocation Piscicole du département de Saône-et-Loire (1993 et 2007). Différents ouvrages avaient alors été recensés sur le Méchet. L'ensemble de ces ouvrages a été intégré aux Référentiel des Obstacles à l'Écoulement. Le critère de franchissabilité avait été estimé par jugement d'expert.

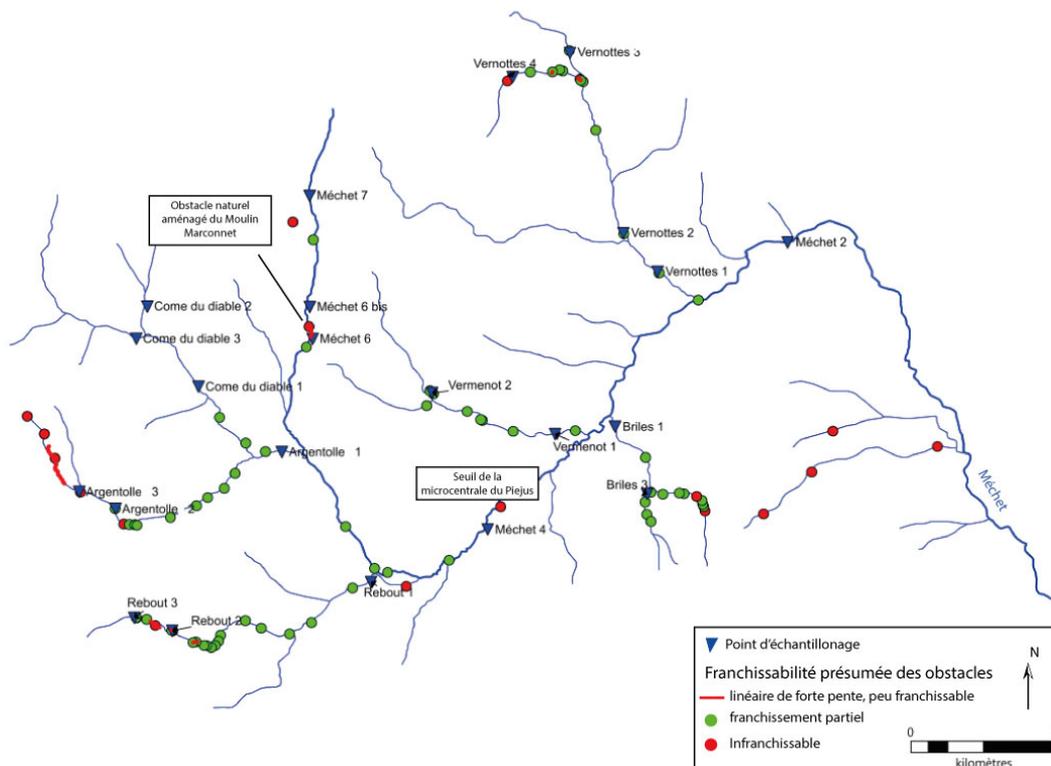
A l'époque, parmi l'ensemble des obstacles décrits, deux ouvrages à usage majeur avaient été identifiés :

- le seuil de la prise d'eau de l'étang Bouton considéré comme temporairement franchissable (franchissement partiel) pour la truite commune (Photographie 2).
- le seuil de la microcentrale du Piéjus considéré comme infranchissable pour la truite commune (Figure 3).

Ces deux seuils, classés en ouvrage prioritaire Grenelles ont fait l'objet d'études pour la restauration de la continuité écologique. Le seuil de l'étang Bouton a été effacé en été 2016. Le seuil de la microcentrale du Piéjus devrait être aménagé pour permettre la libre circulation piscicole. Le projet est actuellement en stand-by.

Lors de la campagne d'échantillonnage de la première étude génétique (2016), quelques obstacles encore non recensés avaient pu être identifiés. L'obstacle aménagé du Moulin Marconnet (Cf. Figure 3 et Photographie 2) a ainsi été décrit lors de la pêche d'échantillonnage Méchet 6.

Afin d'avoir plus de certitudes sur les possibilités de déplacement des truites et de disposer d'un inventaire actualisé et le plus exhaustif possible sur l'ensemble du bassin du Méchet, un nouvel inventaire des obstacles à libre circulation piscicole a donc été entrepris en 2018 sur les principaux affluents.



**Figure 3 : Carte de localisation des secteurs échantillonnés (triangle bleu) et des ouvrages transversaux pouvant faire obstacle à la circulation piscicole sur le linéaire étudié du Méchet et de ses affluents.**

Plus de 90 obstacles ont ainsi pu être recensés et décrits suivant le protocole de terrain ICE (Informations sur la Continuité Ecologique ; Baudoin et al. 2014). Les obstacles de types naturels (cascade, embacles,...) étaient très majoritaires. Au total, 9 d'ouvrages infranchissables ont été décrits : 4 passages busés, un seuil et 4 obstacles naturels. Pour la plupart, ils étaient situés sur les zones les plus apicales (Cf. Figure 3).



Photographie 2 : Seuil de la prise d'eau de l'Etang Bouton



Photographie 3 : Cascade naturelle « aménagée » du Moulin de Marconnet en amont de la station Méchet 6

En complément de la première étude génétique des sondes thermiques avaient été disposées sur le bassin du Méchet lors de l'été 2016, considéré comme sec et légèrement plus chaud que la normal. Il avait ainsi pu être déterminé les secteurs préférentiels pour la truite fario, espèce sténotherme d'eau froide.

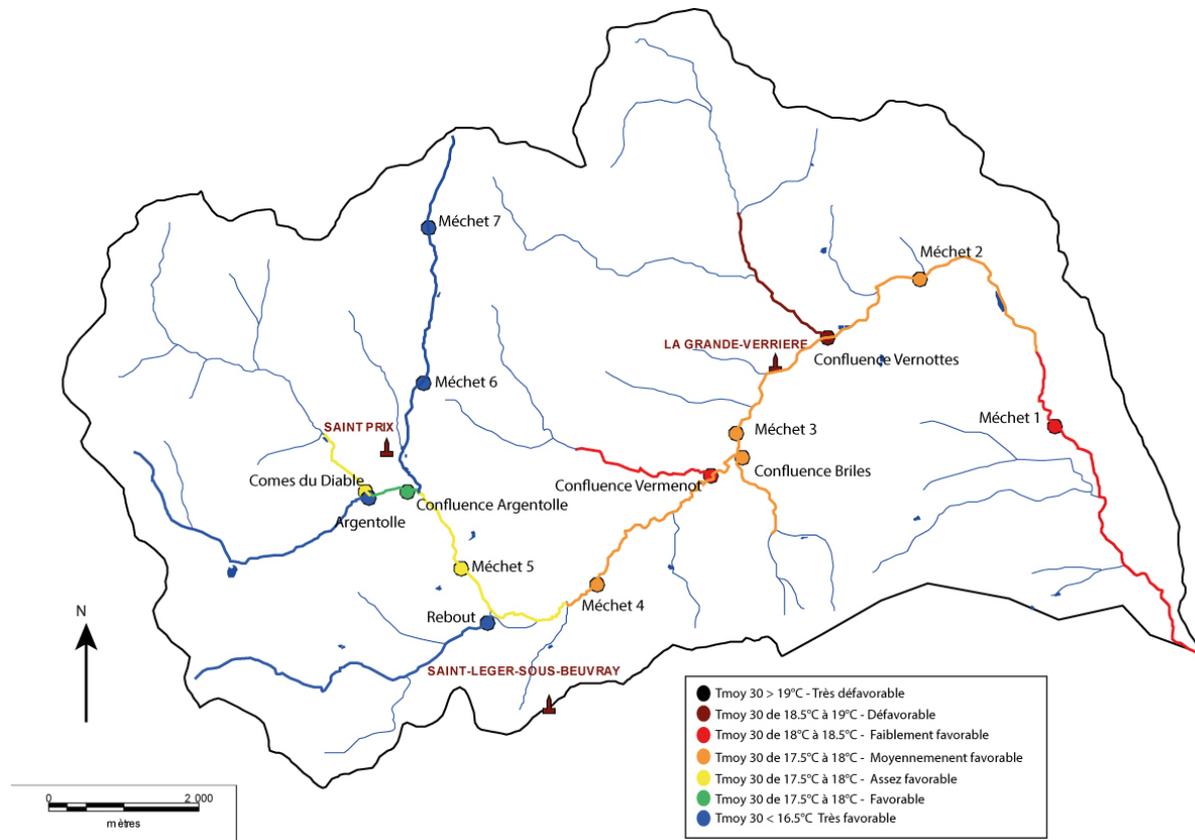


Figure 4 : Etude thermique du Méchet – Moyenne des températures moyennes sur les 30 jours consécutifs les plus chauds de l'été 2016 (Tm30jmax).

En amont de Saint-Léger-sous-Beuvray, le Méchet et ses affluents présentent un métabolisme thermique estival assez favorable à la truite commune. Plus en aval, la situation se dégrade. En période de forte chaleur, étés 2018 et 2019, les conditions peuvent encore devenir plus limitante pour la truite commune.

Depuis quelques années, les sécheresses sont récurrentes. Aussi il a semblé opportun de vérifier l'état des écoulements en période estivale sur le Méchet et ses affluents. Lors des mois d'août 2019 et 2020, des prospections rapides ont été réalisées afin de qualifier l'état des écoulements. Il est apparu que des nombreux affluents sont sujets à des ruptures d'écoulements et à des assèchements sur des linéaires plus ou moins longs. Certains ruisseaux sont complètement secs. Seul le Méchet, le ruisseau d'Argentolle et une partie du ruisseau de la Come du Diable présentent des écoulements certes faibles, mais continus.

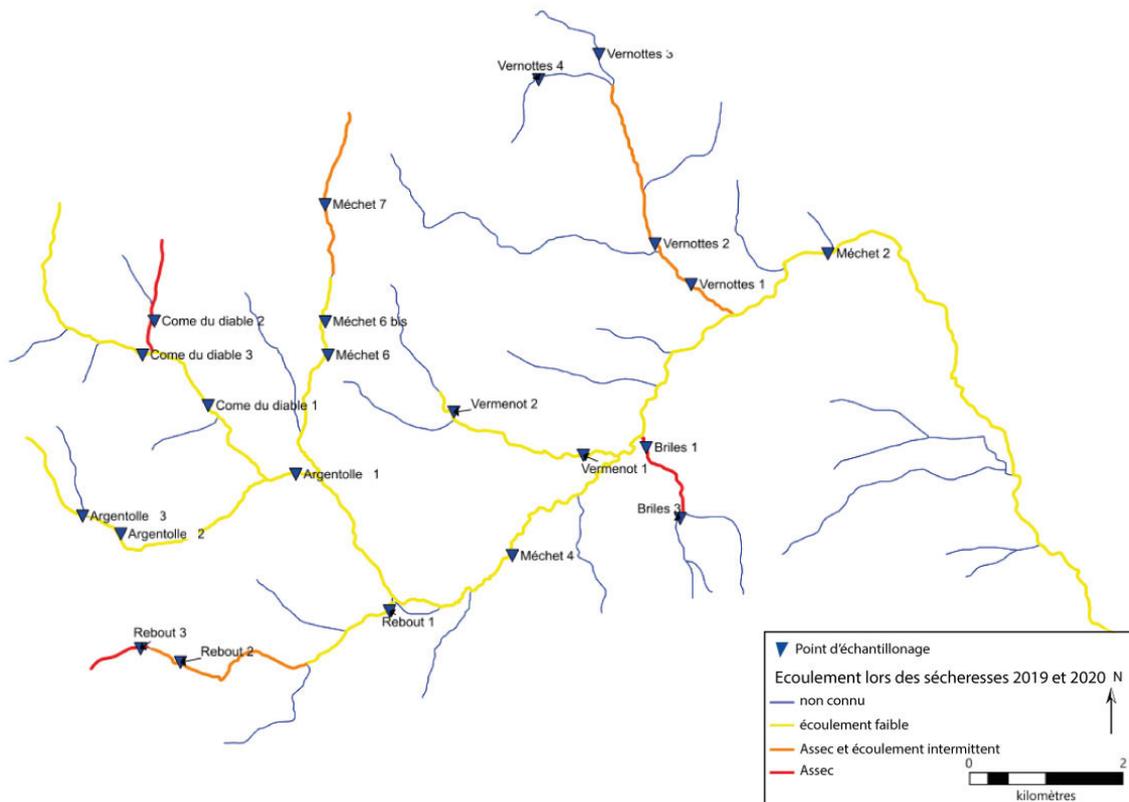


Figure 5 : Suivi des écoulements en période estivale (étés 2019 et 2020).

## 2.2 Analyse génétique

Les échantillons de nageoire de chaque individu ont été génotypés au niveau de 192 marqueurs Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs ; développés par Saint-Pé et al. 2019).

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

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

## 2.3 Caractéristiques et qualité des échantillons

Les déviations par rapport à l'équilibre d'Hardy-Weinberg (HW) et l'existence de déséquilibre de liaison (DL) ont été testées à l'aide de GENEPOP v4.2 (Rousset, 2008).

## **2.4 Diversité génétique des échantillons**

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

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

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

## **2.5 Différenciation et structure génétique entre les échantillons**

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

- Une analyse discriminante sur composantes principales (DAPC, Jombart et al. 2010) qui permet de visualiser comment les populations peuvent être séparées selon les génotypes : elle représente les populations sur des axes le long desquels la variance interpopulation est la plus grande et la variance intrapopulation est la plus faible.
- Les indices de différenciations ( $F_{ST}$ ) ont été calculés pour chaque paire d'échantillons à l'aide du package R « adegenet ». Cet indice compare les taux d'hétérozygotes de chaque population entre elles, et renseigne sur la différence génétique entre populations. Il varie de 0 à 1, plus il est élevé plus la différenciation génétique entre les deux échantillons est importante.
- Les distances génétiques ( $D_c$ ) de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) calculées pour chaque paire d'échantillons ont été utilisées pour construire un dendrogramme (arbre phylogénétique). Pour ce faire, nous avons utilisé le package R « poppr » pour calculer les fréquences alléliques puis générer les  $D_c$  et les dendrogrammes. La robustesse des branches a été testée par bootstrap en réalisant 1000 répliqués, et le dendrogramme final a aussi été généré par le package « poppr ».

- La structure génétique a été étudiée par une méthode dite de « clustering » avec le logiciel STRUCTURE v2.3.4 (Prichard et al. 2000). Cette méthode regroupe les individus en différents groupes génétiques homogènes (appelés clusters) sur la base de leur génotype sans connaître leur appartenance à l'échantillon d'origine. Dans un premier temps, la méthode permet d'évaluer le nombre le plus probable de clusters, selon la procédure décrite par Evanno et al. (2005) avec l'utilitaire STRUCTURE HARVESTER (Earl et vonHoldt, 2012). Ensuite, elle donne une probabilité individuelle d'appartenance à chacun de ces clusters.

Les analyses de diversité et de différenciation ont été faites en deux étapes :

D'abord sur les cinq stations en commun échantillonnées en 2016 et 2019 (Méchet 2, 4, 6, ,7 et Argentolle 1), puis sur l'ensemble des 20 échantillons de 2019. Cela nous a permis dans un premier temps de comparer l'évolution des populations entre 2016 et 2019, et dans un second temps de donner une image plus large en termes d'échelle et de résolution spatiale de l'état des populations sur l'ensemble du bassin versant.

## **2.6 Impacts des rempoissonnements sur les populations du Méchet**

En supplément, nous avons cherché à évaluer si les caractéristiques génétiques des truites du Méchet étaient comparables à celles rencontrées dans les stocks domestiques élevés en pisciculture et utilisés pour les rempoissonnements. Cette analyse est rendue possible par le fait que les différents stocks domestiques utilisés en pisciculture sont génétiquement très similaires et se distinguent fortement des populations naturelles. (Krieg et Guyomard 1985, Bohling et al. 2006, Caudron 2008). Ainsi, même si les individus utilisés pour le repeuplement sur le Méchet peuvent provenir de différentes piscicultures françaises, la souche dite domestique reste la même ce qui permet de facilement identifier les individus issus des repeuplements. Nous n'avons utilisé une souche domestique référente historique (Stock Chazey-Bons domestique 1999) datant de 1999. Ce stock domestique issu de diverses origines de truites Atlantiques est très représentative des poissons utilisés pour les rempoissonnements en truite fario à travers l'Europe. Cet échantillon, nommé « Référence pisciculture » dans la suite du rapport, a donc été ajouté à l'analyse pour étudier le degré de naturalité de la population de truites du Méchet.

En utilisant le logiciel STRUCTURE, la démarche statistique a consisté à calculer pour chaque truite « sauvage » échantillonnée sa probabilité d'assignement à la référence pisciculture (voir démarche dans Saint-Pé et al. 2018). La valeur obtenue représente en quelque sorte le degré d'appartenance à la souche de pisciculture.

### 3 RESULTATS

#### 3.1 Caractéristiques principales des populations échantillonnées

Dans l'ensemble, les abondances de truites fario sont faibles sur le bassin du Méchet. En densité brut, elles varient entre 2 ind./100m<sup>2</sup> et 37 ind./100m<sup>2</sup> (Cf Figure 6). L'espèce est même absente de certaines stations les plus apicales (Rebout 3 et Argentolle 3). Le ruisseau des Vernottes, sujet au réchauffement et aux réductions fortes de débit est caractérisé par de très faibles abondances de truite, tout comme les parties aval du Méchet (Méchet 2).

Les densités sont aussi faibles sur l'ensemble du linéaire du Méchet excepté sa station la plus apicale (Méchet 7). Certaines stations amont présentent des densités un peu plus importantes (Briles 3, Vermenot 2 et Come du Diable 2 et 3).

Les stations Briles 1, Briles 3, Vermenot 2 et dans une moindre mesure Vernottes 4 et Méchet 6 bis ont des peuplements caractérisés par une part importante de juvéniles de l'année. Ce sont des secteurs privilégiés pour la reproduction des truites.

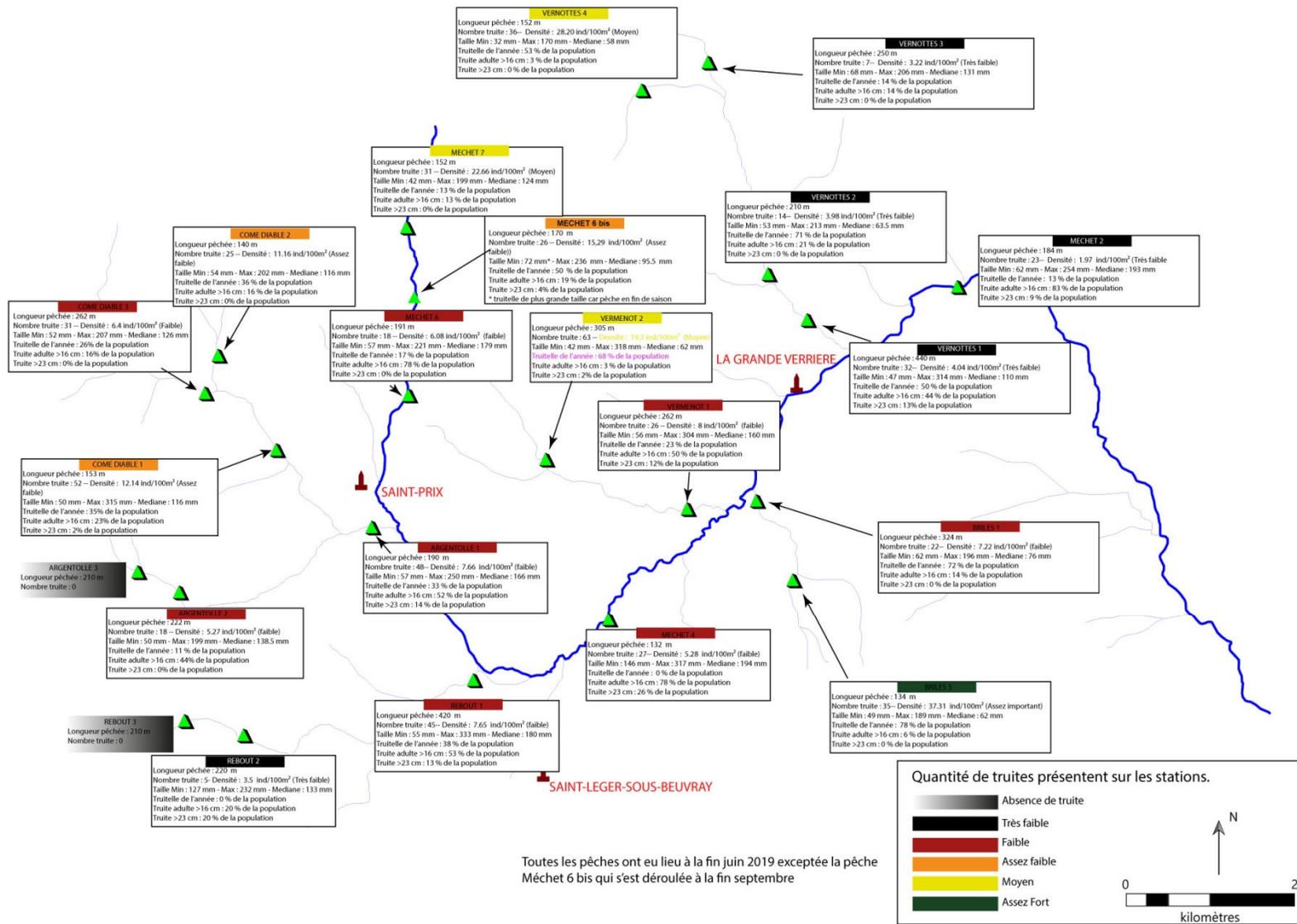


Figure 6 : Caractéristiques principales de la population de truite fario sur le bassin versant du Méchet.

### 3.2 Caractéristiques et qualité des échantillons

Sur les 192 marqueurs analysés, 173 ont pu être correctement génotypés. Parmi ces 173, 120 sont polymorphes dans le bassin versant du Méchet, et ont donc été conservés pour les analyses génétiques sur ce bassin.

Le traitement des résultats génétiques concerne au final un total de 486 individus dont 357 échantillonnés en 2019 et 129 issus de l'échantillonnage de 2016.

Il semble qu'un nombre assez important apparaisse comme étant en déséquilibre de Hardy Weinberg, cependant les valeurs de  $F_{st}$  ne traduisent ni de déficit ni d'excès en hétérozygotes. De plus, une étude précédente portant sur certains de nos sites d'étude n'a pas révélé ce déséquilibre (mis à part pour certaines populations, en particulier Méchet 6 et 7), il peut donc être lié aux marqueurs utilisés autant qu'à des processus populationnels, mais aussi aux tailles de certains échantillons qui sont très faibles pour des analyses classiques en génétique des populations.

### 3.3 Evolution des populations entre 2016 et 2019

#### 3.3.1 Diversité génétique des échantillons

La richesse allélique varie de 1.38 à 1.61 en 2016 et de 1.43 à 1.56 en 2019 (Tableau 3). En 2019 comme en 2016, la diversité allélique la plus faible est observée sur le secteur Méchet 7, et la plus importante sur le secteur Méchet 6. Génétiquement, les populations ne semblent pas avoir changé significativement entre les deux années, à l'exception de Méchet 6, qui semble avoir perdu en diversité ( $F_{is}$  passé de 0.006 en 2016 à 0.03 en 2019).

	2016						2019					
Site	He	Ho	Fis	Ar	HWE	Ne (CI)	He	Ho	Fis	Ar	HWE	Ne (CI)
Argentolle1	0.177	0.163	0.07	1.542	0.001	41 (25;73)	0.171	0.161	0.077	1.501	0.002	47 (31;76)
Mechet2	0.174	0.166	0.018	1.549	0.018	46 (26;81)	0.174	0.174	0.024	1.536	0.329	48 (26;100)
Mechet4	0.171	0.168	0.015	1.491	0.162	48 (29;92)	0.177	0.182	-0.018	1.521	0.642	50 (30;99)
Mechet6	0.205	0.191	0.006	1.614	0.000	27 (15;52)	0.177	0.171	0.033	1.562	0.072	32 (17;100)
Mechet7	0.129	0.135	-0.037	1.383	0.870	23 (13;44)	0.128	0.128	-0.027	1.431	0.745	23 (13;44)

Tableau 3 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base de 120 SNPs. HWE = p-value pour le déséquilibre Hardy-Weinberg, Ho = hétérozygotie observée, He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

Les nombres de géniteurs estimés pour les deux secteurs les plus apicaux, Méchet 6 et 7 sont beaucoup plus faibles que pour le reste du bassin versant (Figure 7).

Les tailles efficaces n'ont pas significativement changé entre 2016 et 2019.

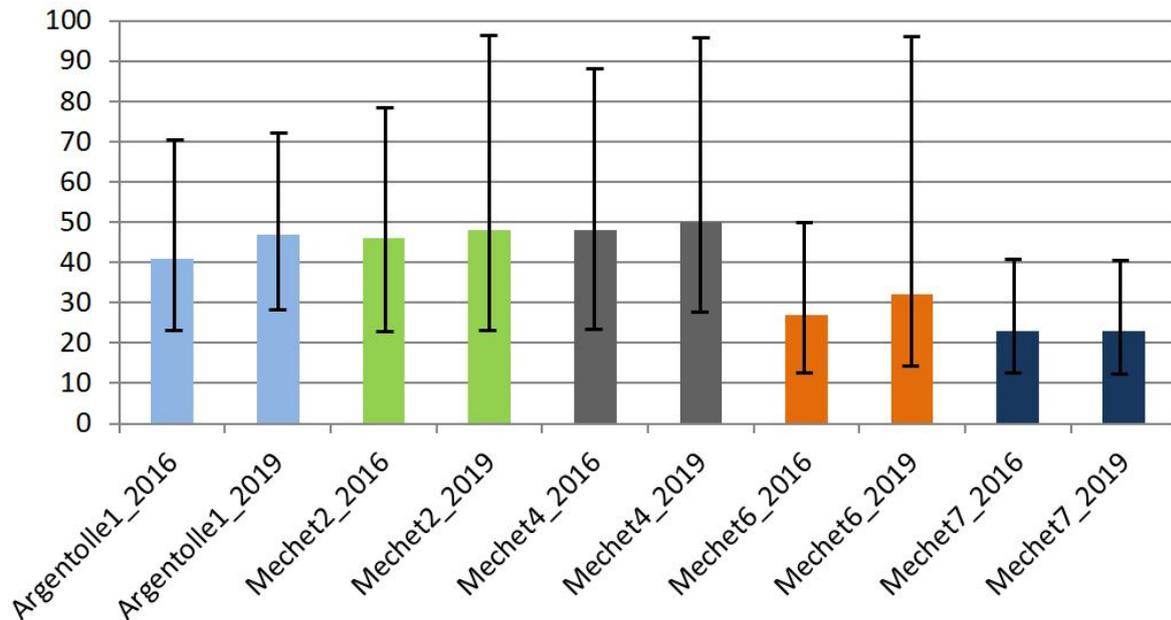


Figure 7 : Nombre de géniteurs estimés à l'aide du logiciel Colony sur chaque secteur et sur les deux années d'étude.

### 3.3.2 Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les valeurs de  $F_{st}$  montrent très clairement que la station Méchet 7 est la plus différenciée par rapport aux autres. Il est aussi intéressant de constater que la station Méchet 6, qui était assez différenciée de Méchet 7 en 2016, et moins différenciée des autres, semble s'être rapprochée génétiquement de Méchet 7 en 2019 : elle est moins différenciée par rapport à celle-ci (0.058 en 2016 contre 0.043 en 2019 ; Tableau 4), et plus différenciée des autres qu'en 2016 (notamment de Méchet 2).

	2016				2019			
	Argentolle1	Mechet2	Mechet4	Mechet6	Argentolle1	Mechet2	Mechet4	Mechet6
Mechet2	0.0118				0.0129			
Mechet4	0.0112	0.0095			0.0108	0.0126		
Mechet6	0.0289	0.0277	0.0234		0.0363	0.0518	0.0438	
Mechet7	0.0976	0.1043	0.0987	0.0578	0.0939	0.1080	0.1015	0.0413

Tableau 4 : Présentation des indices de différenciation,  $F_{st}$ , par paire d'échantillons. Bleu clair <0.05 ; Bleu entre 0.05 et 0.10 ; Jaune entre 0.10 et 0.15.

Cette évolution de Méchet 6 est aussi visible dans la DAPC réalisée à partir des fréquences alléliques (Figure 8) qui illustre comment les populations se distinguent génétiquement les unes des autres : Méchet 6 s'est éloigné des autres stations pour se rapprocher de Méchet 7 en 2019. Par ailleurs, on remarque aussi que Méchet 4 s'est légèrement différencié de Méchet 2 et Argentolle 1, même si cela est assez faible.

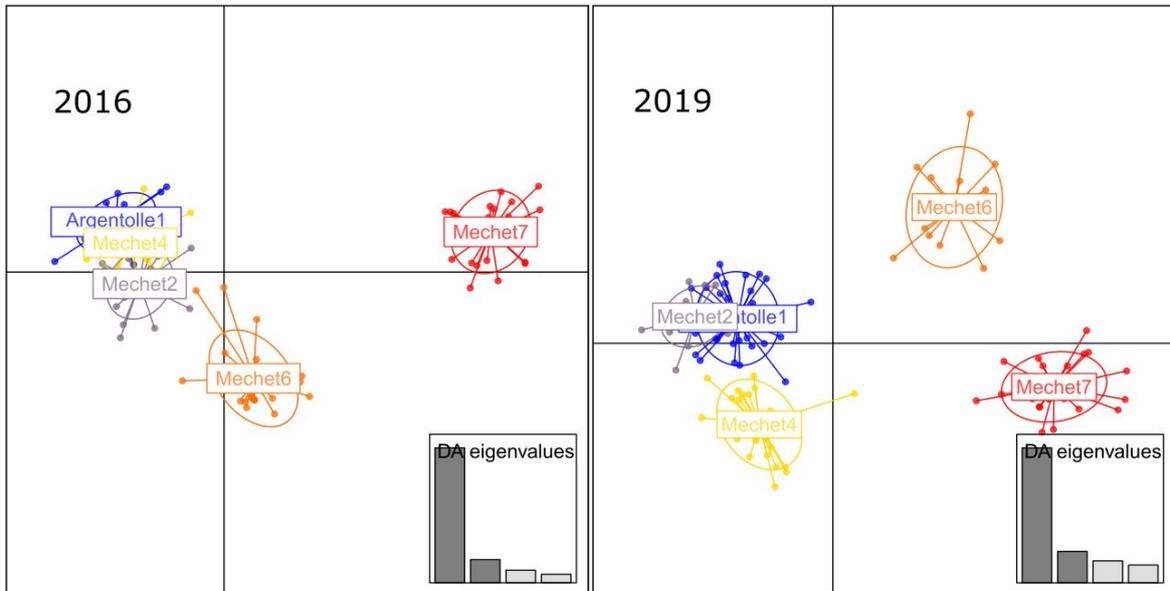
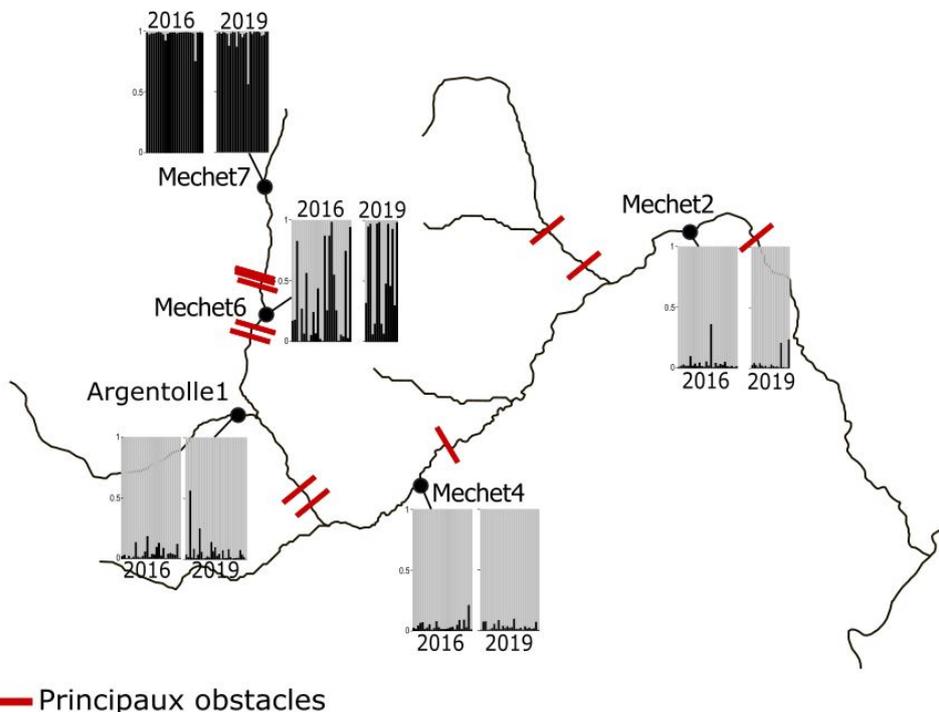


Figure 8 : DAPC obtenue à partir des fréquences alléliques des secteurs étudiés en 2016 (gauche) et en 2019 (droite).

Pour les deux années, 2016 et 2019, la structuration génétique la plus probable proposée par le logiciel STRUCTURE est composée de deux clusters. Cette structuration montre une cohérence géographique (Figure 9). La majorité des individus des 3 secteurs aval sont assignés au sein d'un même cluster (gris clair, Figure 9). La totalité des individus du secteur Méchet 7, qui est isolé en amont, se regroupent dans un autre cluster (Cluster noir). En position intermédiaire, le secteur Méchet 6 est composé d'individus assignés aux deux clusters en 2016, mais à plus d'individus assignés au cluster noir (donc proche de Méchet 7) en 2019. Ce résultat est tout à fait cohérent avec l'évolution décrite par les autres analyses.



— Principaux obstacles

Figure 9 : Répartition sur chaque secteur des génotypes obtenus par le logiciel STRUCTURE pour K=2 clusters, pour les années 2016 (gauche) et 2019 (droite). 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.

Enfin, l'arbre phylogénétique semble une nouvelle fois confirmer que les secteurs amont Méchet 6 et 7 sont distincts des autres, et plus proches entre eux en 2019. Cependant ce regroupement est beaucoup moins marqué en 2016, où les deux sites sont séparés des autres mais pas groupés entre eux (Figure 10).

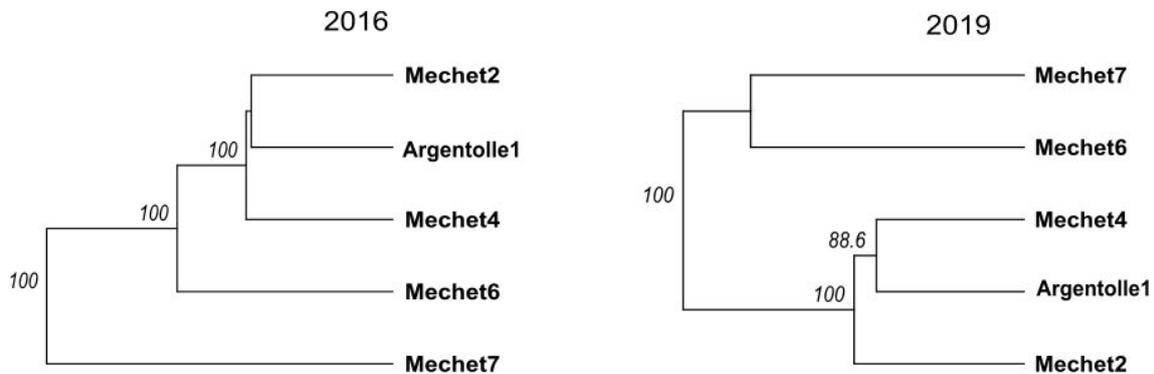


Figure 10 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés ( $\geq 70\%$ ).

### 3.4 Diversité et structure génétique de l'ensemble du bassin versant en 2019

#### 3.4.1 Diversité génétique des échantillons

La richesse allélique varie de 1.22 pour Rebut 1 à 1.35 pour la station Come du Diable 3 (Tableau 5). Les valeurs de Fis restent très proche de 0, traduisant ni déficit, ni d'excès d'hétérozygotes. Les tailles efficaces varient entre échantillons, entre 15 (Mechet 6 Bis) et 144 (Briles 3). En comparaison avec d'autres bassins versants de taille similaire, ces valeurs sont relativement faibles. Elles semblent suivre le patron classique, dans lequel les populations plus en aval ont des tailles efficaces plus élevées que les populations des têtes de bassin, notamment des petits affluents comme le haut du Méchet ou la Come du Diable. Il faut toutefois prendre en considération le fait que certains échantillons soient très petits, et n'ont pas permis de calculer par exemple de taille efficace (par exemple Vernottes 2).

	N	He	Ho	Fis	Ar	HWE	Ne
<b>Argentolle1</b>	32	0.171	0.161	0.032	1.308	0.002	47 (31;76)
<b>Argentolle2</b>	16	0.169	0.172	-0.083	1.304	0.537	37 (19;99)
<b>Briles1</b>	9	0.173	0.164	0.105	1.312	0.163	144 (31;inf)
<b>Briles3</b>	8	0.160	0.163	-0.006	1.289	0.577	112 (24;inf)
<b>ComeDuDiable1</b>	29	0.186	0.178	-0.059	1.337	0.000	24 (14;44)
<b>ComeDuDiable2</b>	17	0.156	0.154	-0.032	1.279	0.562	16 (8;38)
<b>ComeDuDiable3</b>	25	0.194	0.186	0.094	1.350	0.065	34 (19;63)
<b>Mechet2</b>	20	0.174	0.174	-0.044	1.316	0.329	48 (26;100)
<b>Mechet4</b>	27	0.177	0.182	-0.088	1.319	0.642	50 (30;99)
<b>Mechet6</b>	15	0.177	0.171	0.037	1.321	0.072	32 (17;100)
<b>Mechet6bis</b>	14	0.184	0.188	-0.018	1.334	0.800	15 (7;38)
<b>Mechet7</b>	27	0.128	0.128	-0.041	1.234	0.745	23 (13;44)
<b>Rebout1</b>	29	0.173	0.168	-0.002	1.313	0.058	39 (24;70)
<b>Rebout2</b>	5	0.122	0.133	-0.253	1.217	0.970	N.C
<b>Vermentot1</b>	20	0.177	0.161	0.082	1.319	0.001	76 (40;279)
<b>Vermentot2</b>	20	0.159	0.157	-0.057	1.288	0.462	17 (10;36)
<b>Vernottes1</b>	17	0.183	0.171	-0.033	1.331	0.000	45 (24;103)
<b>Vernottes2</b>	4	0.170	0.139	0.055	1.302	0.005	N.C
<b>Vernottes3</b>	6	0.137	0.163	-0.204	1.252	0.998	20 (7;inf)
<b>Vernottes4</b>	17	0.133	0.136	-0.072	1.240	0.473	19 (10;43)

Tableau 5 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 120 SNPs pour les sites 2019. HWE = p-value pour le déséquilibre Hardy-Weinberg, Ho = hétérozygotie observée, He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

### 3.4.2 Différentiation et structure génétique entre les échantillons

La DAPC, montre que les stations Méchet 6 et Méchet 7 (ainsi que Méchet 6bis) se différencient très fortement par rapport aux autres sites (Figure 11A). Les autres populations du bassin versant, semblent très proches génétiquement les unes des autres, même lorsque l'on refait l'analyse en retirant les sites Méchet 6, 6bis et Méchet 7 (Figure 11B). Cependant, on constate que Vernottes 4 semble se différencier un peu plus des autres, et que globalement, les sites Vernottes sont les plus différenciés de la Come du Diable, ce qui a une cohérence géographique car ces affluents sont les plus éloignés entre eux.

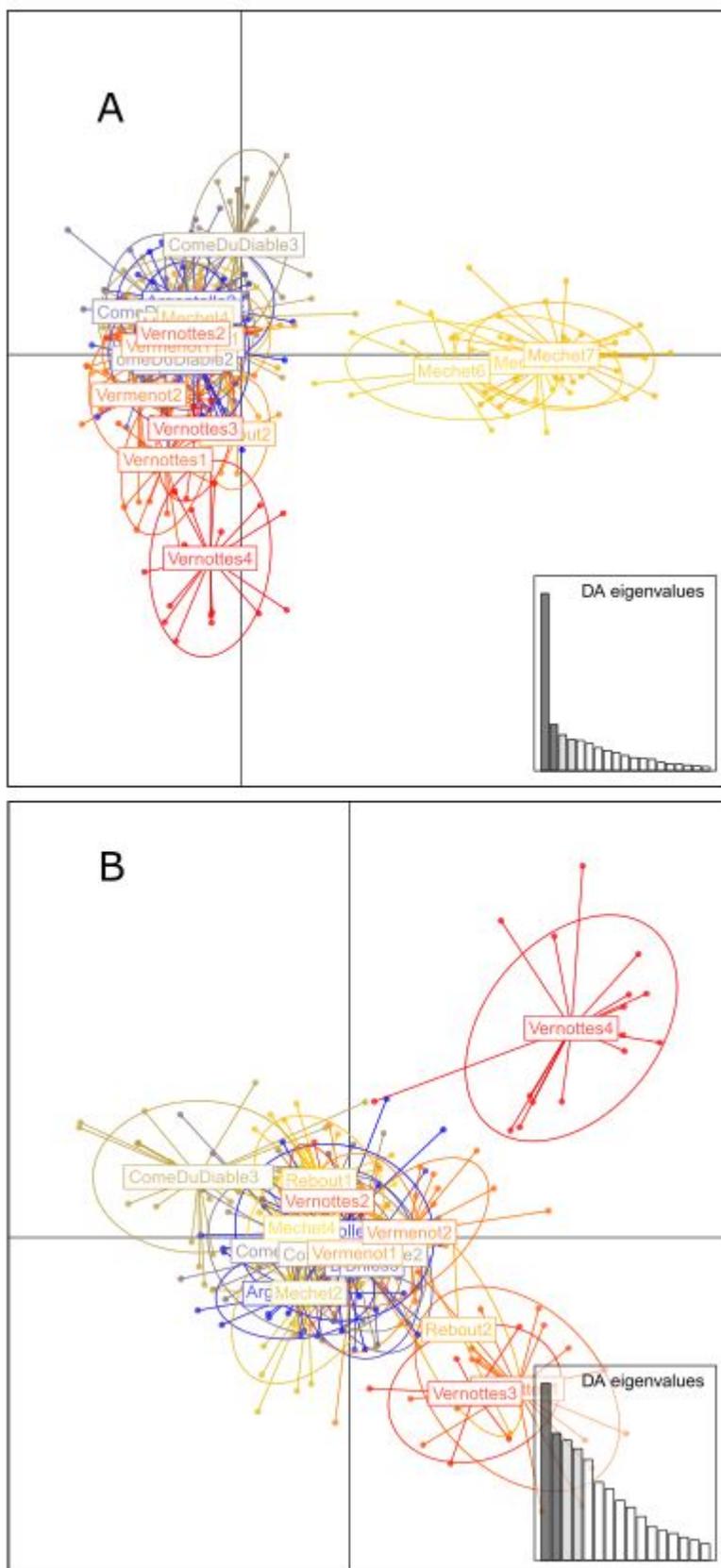


Figure 11 : DAPC sur les axes principaux de partition de la variance (axes 1 et 2). A : toutes populations ; B : sans Méchet 6, Méchet 6bis et Méchet 7.

Ces distinctions entre populations sont bien confirmées par le calcul des Fst (Tableau 6). On retrouve que les populations Méchet 6, 6bis et Méchet 7 sont plus différenciées de toutes les autres. Par ailleurs, comme on le voit dans la DAPC qui ne prend pas en compte ces sites, la station Vernottes 4 semble aussi se différencier du reste du bassin. Cependant, même si la tendance est la même, on remarque que les valeurs de Fst sont globalement faibles entre les sites, ce qui suggère que dans ce bassin versant, les populations sont assez grandes, et/ou assez bien connectées entre elles pour contrer l'effet de la dérive génétique.

	Argentolle1	Argentolle2	Briles1	Briles3	ComeDuDiable1	ComeDuDiable2	ComeDuDiable3	Mechet2	Mechet4	Mechet6	Mechet6bis	Mechet7	Rebout1	Rebout2	Vermenot1	Vermenot2	Vernottes1	Vernottes2	Vernottes3	
Argentolle2	0.013																			
Briles1	0.015	0.030																		
Briles3	0.021	0.037	0.032																	
ComeDuDiable1	0.011	0.018	0.016	0.022																
ComeDuDiable2	0.012	0.033	0.033	0.054	0.023															
ComeDuDiable3	0.014	0.022	0.019	0.022	0.014	0.027														
Mechet2	0.013	0.022	0.016	0.020	0.019	0.031	0.016													
Mechet4	0.011	0.016	0.013	0.022	0.014	0.022	0.015	0.013												
Mechet6	0.036	0.049	0.057	0.056	0.045	0.052	0.041	0.052	0.044											
Mechet6bis	0.073	0.094	0.100	0.101	0.083	0.089	0.076	0.097	0.079	0.029										
Mechet7	0.094	0.103	0.099	0.086	0.105	0.108	0.096	0.108	0.102	0.041	0.049									
Rebout1	0.018	0.023	0.018	0.025	0.026	0.025	0.026	0.024	0.018	0.041	0.071	0.093								
Rebout2	0.034	0.058	0.073	0.082	0.043	0.064	0.043	0.045	0.038	0.083	0.117	0.097	0.034							
Vermenot1	0.014	0.018	0.020	0.023	0.020	0.028	0.020	0.015	0.014	0.048	0.082	0.103	0.016	0.041						
Vermenot2	0.028	0.045	0.030	0.037	0.040	0.042	0.039	0.027	0.030	0.071	0.112	0.138	0.032	0.057	0.022					
Vernottes1	0.020	0.027	0.026	0.030	0.029	0.036	0.027	0.020	0.022	0.056	0.097	0.111	0.031	0.046	0.024	0.029				
Vernottes2	0.017	0.034	0.041	0.066	0.023	0.027	0.023	0.024	0.021	0.056	0.086	0.068	0.017	0.096	0.022	0.029	0.031			
Vernottes3	0.044	0.068	0.091	0.113	0.049	0.073	0.054	0.063	0.055	0.079	0.112	0.114	0.051	0.135	0.057	0.076	0.053	0.101		
Vernottes4	0.047	0.081	0.065	0.068	0.061	0.069	0.062	0.069	0.055	0.087	0.127	0.141	0.056	0.102	0.064	0.066	0.063	0.060	0.120	

Tableau 6 : Présentation des indices de différenciation, Fst, par paire d'échantillons. Bleu clair <0.05 ; Bleu entre 0.05 et 0.10 ; Jaune entre 0.10 et 0.15 ; Orange entre 0.15 et 0.20.

L'arbre phylogénétique (Figure 12) est cohérent avec l'ensemble des résultats déjà obtenus. Il sépare clairement les populations Méchet 6, 6bis et Méchet 7, en les regroupant entre elles, des autres secteurs avec une très forte robustesse. Pour les autres stations, l'arbre semble aussi confirmer la faible différenciation.

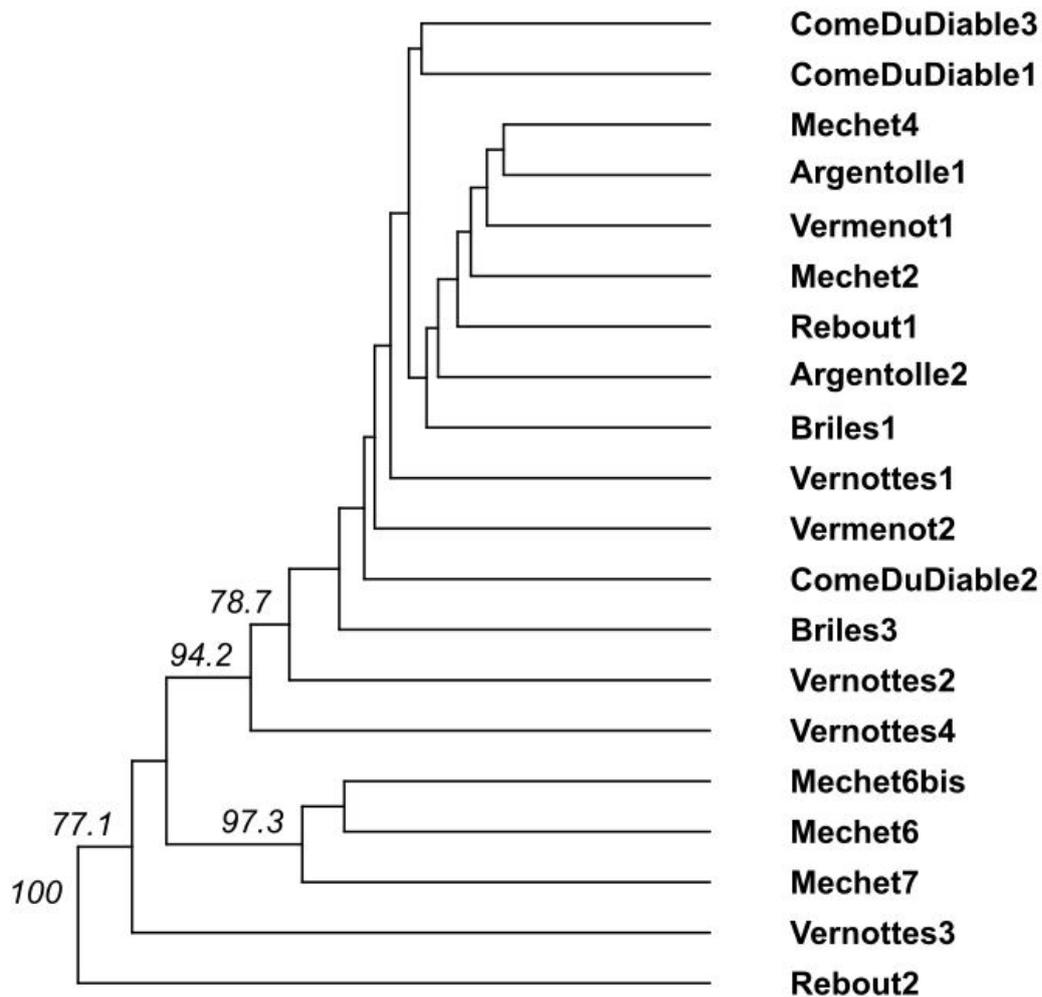


Figure 12 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques de Cavalli-Sforza et Edwards (1967). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés (si >70%).

Enfin, la structuration génétique la plus probable proposée par le logiciel STRUCTURE est composée de seulement deux clusters. Dans cette configuration (Figure 13), on remarque que dans la plupart des cas, les individus sont en général fortement assignés à l'un ou l'autre cluster (assignement >0.7). Cependant, dans la station Méchet 6, les individus semblent comporter des génotypes mixtes entre les deux clusters car ils sont assignés à environ 0.5 à chacun des clusters.

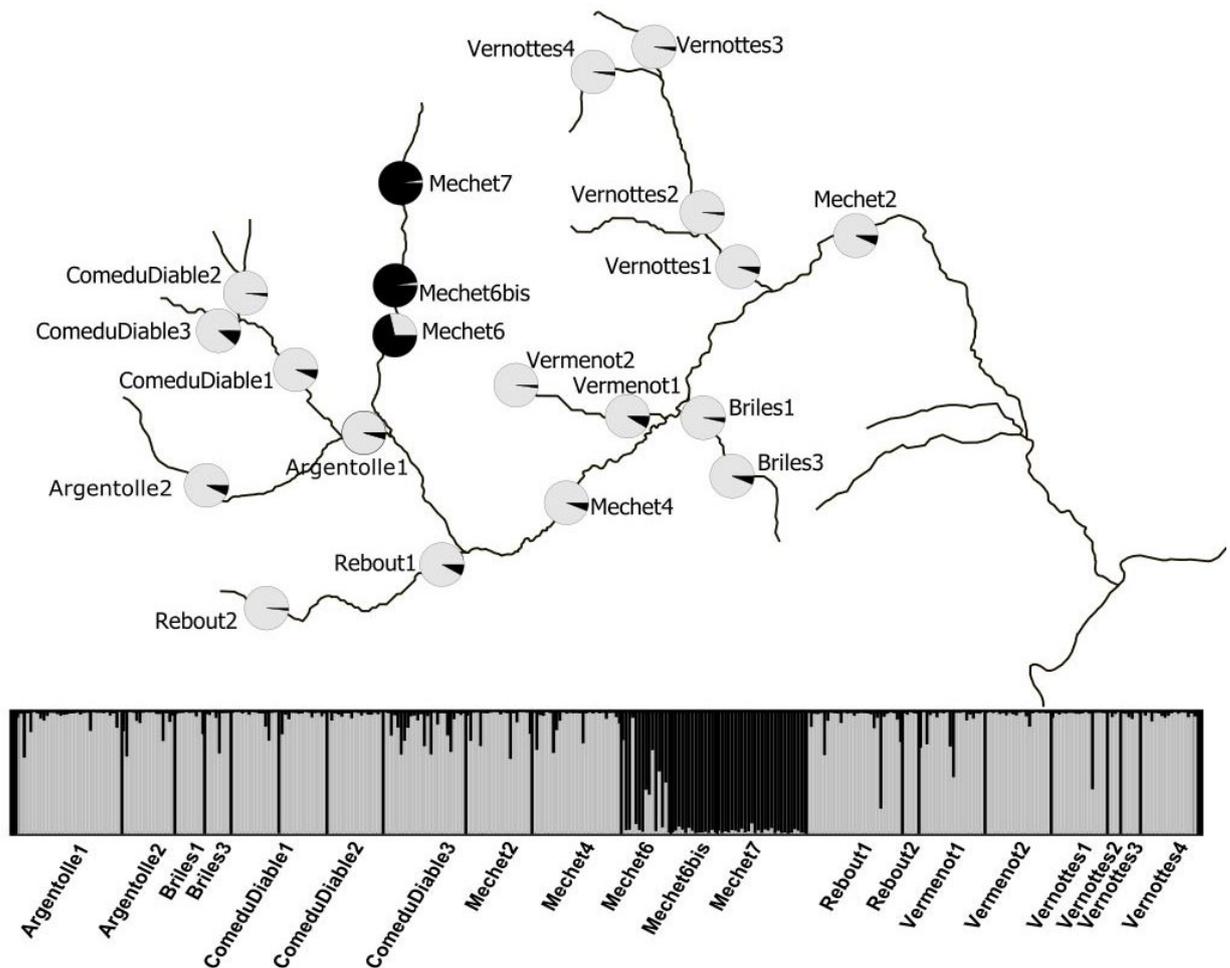


Figure 13 : Répartition sur chaque secteurs des 2 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d’être membre des clusters.

Ce résultat est cohérent dans la mesure où cette station est située à cheval entre les stations contenant des individus du cluster en noir (Méchet 6 bis et Méchet 7), et le reste du bassin (Cluster gris clair). Ceci semble aussi être cohérent avec le fait que ces sites sont plus isolés par des obstacles dont un infranchissable (cascade naturelle en amont de Méchet 6). Ces obstacles semblent donc être à l’origine de la séparation entre les deux clusters génétiques dans le bassin, alors que les autres obstacles présents ne semblent pas avoir d’effet significatif sur la structuration génétique de la population du Méchet.

En enlevant les stations Méchet 6, 6bis et 7, nous avons ensuite pu déterminer s’il existe une sous structuration au sein du cluster gris clair. Ici, le nombre de clusters le plus probable est de 2, cependant,  $K=5$  est aussi une valeur pour laquelle la vraisemblance est élevée. Pour  $K=2$ , il semble que la structure génétique ne soit pas très nette (Figure 14A), et que l’on observe des patrons très cohérents avec ceux mis en évidence par la DAPC. La station Come du Diable 3 semble néanmoins se démarquer du reste du bassin (plus d’appartenance au cluster gris), mais les valeurs d’assignation restent relativement faibles. En considérant  $K=5$  (Figure 14B), on retrouve la démarcation de Come du Diable 3 (cluster gris clair). De plus, on remarque que Vernottes 4 est aussi démarqué du reste du bassin, représenté par le cluster noir. Les autres localisations quant à elles sont bien moins distinctes génétiquement.

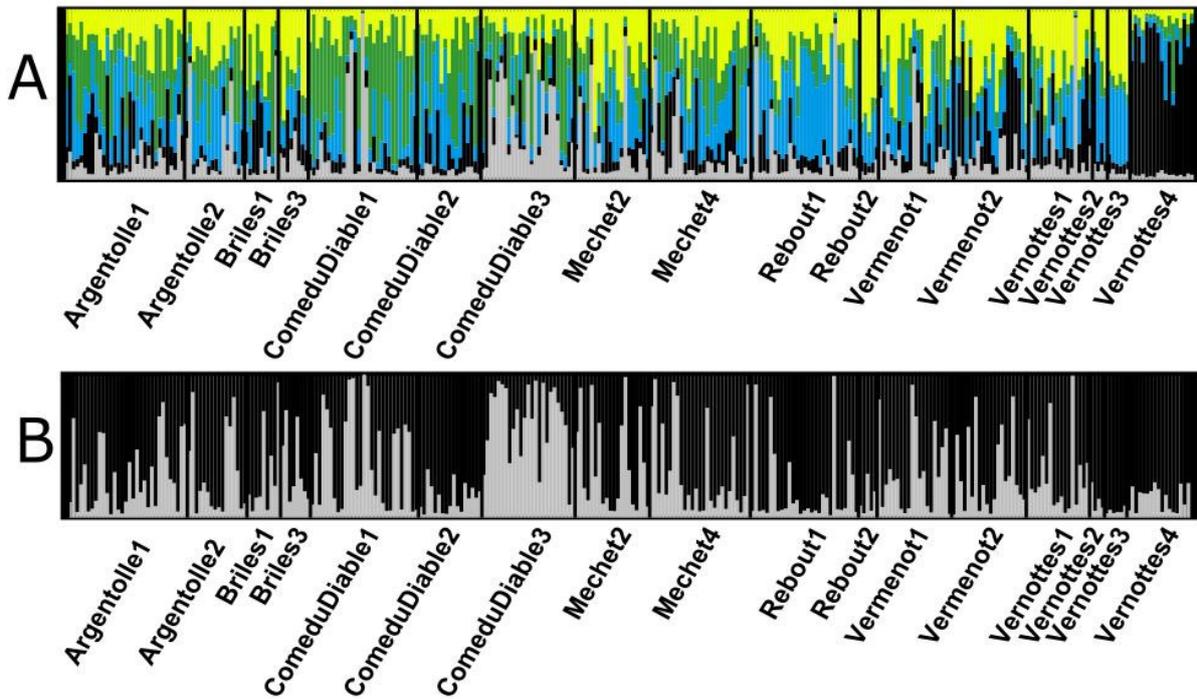


Figure 14 : Sous structure du cluster excluant les populations Méchet 6, 6bis et 7. A : Structuration en 2 clusters (K=2) ; B : Structuration en 5 clusters (K=5)

### 3.4.3 Impacts des rempoissonnements sur les populations du Méchet

L'analyse STRUCTURE incluant la souche référence pisciculture montre que les stations échantillonnées semblent quasi exclusivement peuplées de truites non domestiques (Figure 15). En effet, l'ensemble des individus issus des populations naturelles échantillonnées dans le bassin versant forment clairement un autre cluster que celui qui regroupe tous les individus de pisciculture. A part deux exceptions : un individu de génotype domestique dans la station « Come du Diable 1 », un autre dans « Vernottes 1 », et un fortement assigné à ce cluster dans la station « Rebout1 », il semble que les individus déversés pour la pêche, ou les descendants éventuels de lâchers faits dans le passé soient absents dans le bassin versant.

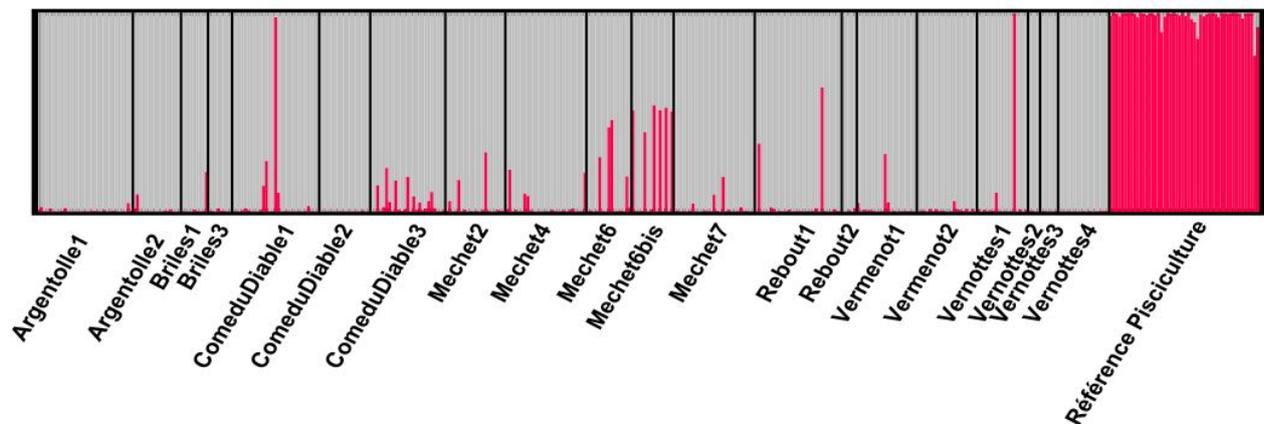


Figure 15 : Répartition sur chaque secteurs des 2 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE, et incluant la souche référence pisciculture. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters.

## 4 INTERPRETATION

### **Une population génétique faiblement différenciée et bien diversifiée, à l'exception d'une population apicale isolée sur le cours principal.**

Globalement, la population de truites du Méchet montre peu de structuration génétique à l'échelle du BV tant au sein du cours principal, entre le cours principal et les affluents ou inter-affluents. Seuls 3 secteurs montrent une différenciation plus marquée liée à leur isolement : la zone apicale du Méchet (Méchet 7), l'amont du ruisseau de Vernottes (Vernottes 4) et l'Amont du ruisseau de Come du Diable (Come du Diable 3). Ceci est un indicateur positif pour la fonctionnalité de la population car il traduit un flux de gènes et donc d'individus suffisants sur la majorité du BV pour maintenir une population génétique cohérente et diversifiée.

La structuration génétique observée sur les zones apicales du Méchet et du ruisseau de Vernottes est certainement induite par la présence des obstacles infranchissables situés en aval de ces populations. Ces obstacles infranchissables isolent ces populations de tout flux de gènes depuis l'aval.

Sur le reste du bassin, la population n'est pas génétiquement structurée par la présence des différents obstacles. L'absence de structuration génétique ne signifie pas que les obstacles présents ne constituent pas des facteurs limitants pour la viabilité de la population. En effet, il suffit que quelques individus arrivent à franchir certains obstacles tous les deux ou 3 ans pour qu'aucune structuration génétique ne soit visible. Ainsi, l'outil génétique permet de révéler les obstacles les plus structurants pour la population et qui l'impacte sur le long terme.

En complément, pour assurer la viabilité de la population, il est également important de considérer les effets directs et à plus court terme des obstacles à la circulation piscicole : difficulté d'accès à des habitats vitaux sur des périodes clés (reproduction, alimentation), et à des refuges hydrauliques en cas de faibles débits ou de crue et thermiques lors des périodes estivales critiques.

La zone apicale du cours principal (station Méchet7 et Méchet 6bis) est isolée de l'aval par la présence d'une cascade naturelle infranchissable, et est significativement différenciée génétiquement du reste du bassin versant. On remarque l'existence d'un flux de gènes vers l'aval depuis Méchet 7 en raison de la dévalaison de certains individus mais qui reste marginal, très variable selon les années (entre 2016 et 2019) et avec une influence très limitée sur le linéaire aval. En termes de gestion, on peut donc supposer que ces stations (en particulier Méchet 7) présentent un certain risque de dérive et de perte importante de leur diversité en raison de l'absence de flux de gènes vers l'amont, et même si cela n'a pas semblé se renforcer entre 2016 et 2019, il est important de suivre leur évolution à plus long terme.

### **Une population naturelle peu influencée par les rempoissonnements.**

Le Méchet est un bassin versant très intéressant, car malgré des rempoissonnements (en adultes uniquement pour la saison de pêche), la présence de génotypes domestiques est quasi nulle. Concernant les 2 individus de génotype domestique observés dans les stations Come du Diable 1 et Vernottes 1, il s'agit probablement d'individus lâchés récemment et qui n'auraient

pas été prélevés. Ce bassin est donc unique dans la mesure où contrairement à un très grand nombre de rivières en Europe, l'intégrité génétique des populations de truites semble préservée des rempoissonnements, ce qui d'un point de vue de gestion représente un fort intérêt en termes de conservation.

### **Importance des ruisseaux Briles et Vermenot dans le recrutement naturel.**

Les résultats des tailles efficaces obtenus sur les différents secteurs du bassin versant mettent en avant l'importance des ruisseaux de Briles et de Vermenot pour la reproduction naturelle. Ces deux affluents situés en partie aval du Méchet semblent accueillir au moment de la reproduction un nombre important de géniteurs migrants du cours principal. Leurs habitats offrent un succès reproducteurs intéressant qui assurent un taux de recrutement en 0+ élevé qui profitent au Méchet. Ces deux affluents jouent donc un rôle important dans la dynamique de la population de truite du Méchet et méritent une attention particulière pour maintenir leur qualité.

### **Références**

- Baudoin, J. M., Burgun, V., Chanseau, M., Larinier, M., Ovidio, M., Sremski, W., ... & Voegtle, B. (2014). Informations sur la Continuité Ecologique-ICE-Evaluer le franchissement des obstacles par les poissons. Principes et méthodes.
- Bohling, J., Haffray, P., & Berrebi, P. (2016). Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France. *Aquaculture*, 462, 1-9.
- Caudron, A., (2008). Etude pluridisciplinaire des populations de truite commune des torrents haut-savoyards soumises à repeuplements : diversité intra-spécifique, évaluation de pratiques de gestion et ingénierie de la conservation de populations natives, Thèse de doctorat de l'université de Savoie, Chambéry, 180p.
- Cavalli-Sforza, L. L., & Edwards, A. W. (1967). Phylogenetic analysis. Models and estimation procedures. *American journal of human genetics*, 19(3.1), 233.
- Chambert, C. (1993). Schéma Départemental de Vocation Piscicole et Halieutique de Saône-et-Loire.
- 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.
- Chassignol, R. (2017) Etude des populations de truite commune et du métabolisme thermique du cours principal du Méchet et de ses principaux affluents (71). Rapport de synthèse – Ete 2016.
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620.
- Hansen, M. M., Nielsen, E. E., & Mensberg, K. L. (1997). The problem of sampling families rather than populations: relatedness among individuals in samples of juvenile brown trout *Salmo trutta* L. *Molecular Ecology*, 6(5), 469-474.

- Jombart T. (2008). adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24, 1403-1405.
- Jombart, T., Devillard, S. & Balloux, F. (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11, 94
- Jones, O. R., & Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular ecology resources*, 10(3), 551-555.
- Krieg, F., & Guyomard, R. (1985). Population genetics of French brown trout (*Salmo trutta* L): large geographical differentiation of wild populations and high similarity of domesticated stocks. *Génétique, sélection, évolution*, 17(2), 1-18.
- Maupoux, J. (2009) Schéma Départemental de Vocation Piscicole du Département de Saône-et-Loire.
- 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.
- Saint-Pé, K., Blanchet, S., Tissot, L., Poulet, N., Plasseraud, O., Loot, G., Veyssière, C., and Prunier, J.G. (2018). Genetic admixture between captive-bred and wild individuals affects patterns of dispersal in a brown trout (*Salmo trutta*) population. *Conservation Genetics*, 19 (5), 1269-1279.
- Saint-Pé, K., Leitwein, M., Tissot, L., Poulet, N., Guinand, B., Berrebi, P., Marselli, G., Lascaux, JM., Gagnaire, PA., & Blanchet, S. (2019) Development of a large SNPs resource and a low-density SNP array for brown trout (*Salmo trutta*) population genetics. *BMC Genomics*, 20, 582.
- 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