



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



VOLET 2

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

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

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



Octobre 2016

SOMMAIRE

Introduction	1
I. MATERIEL ET METHODE	2
I.1. Echantillonnage des populations	2
I.2. Extraction, amplification et génotypage	3
I.3. Caractéristiques et qualité des échantillons	3
I.4. Diversité génétique des échantillons	4
I.5. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	4
II. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE L'ALLIER	6
II.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	6
II.2. Diversité génétique des échantillons	7
II.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	7
III. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DU PUY-DE-DOME	11
III.1. Analyse préliminaire de la structure génétique à l'échelle du département	11
III.2. Le bassin de la Dordogne	14
III.2.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	14
III.2.2. Diversité génétique des échantillons	16
III.2.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	16
III.3. Le bassin de l'Allier	21
III.3.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	21
III.3.2. Diversité génétique des échantillons	25
III.3.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	26
III.4. Le bassin du Cher	33
III.4.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	33
III.4.2. Diversité génétique des échantillons	34
III.4.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	34
IV. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE LA HAUTE-LOIRE	36
IV.1. Le bassin de l'Allier	36
IV.1.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	36
IV.1.2. Diversité génétique des échantillons	38
IV.1.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	39
IV.2. Le bassin de la Loire	45
IV.2.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	45
IV.2.2. Diversité génétique des échantillons	48
IV.2.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	48
V. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE LA LOIRE	52
V.1. Caractéristiques et qualité des échantillons	52
V.2. Diversité génétique des échantillons	56
V.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons	56
Références	64

Introduction

Au cours de ces 20 dernières années, la conservation de la diversité inter et intra-spécifique des espèces de salmonidés est devenue un challenge mondial pour les scientifiques et les gestionnaires en raison de la valeur patrimoniale qu'elles représentent, de leurs importances halieutiques et des enjeux économiques associés.

Les populations naturelles de truites communes (*Salmo trutta* L.) sont largement soumises à l'exploitation par la pêche récréative d'où leurs importants enjeux halieutique et socio-économique. Au sein de son aire de répartition naturelle en Europe, cette espèce présente une importante diversité génétique et phénotypique. Cette diversité intraspécifique nécessite d'être prise en compte par les gestionnaires des populations naturelles en accroissant les efforts de conservation à l'échelle des populations. Ces préconisations impliquent la nécessité d'un rapprochement entre les scientifiques (généticien, biologiste de la conservation) et les gestionnaires directs des populations et des milieux que sont les AAPPMA et les Fédérations d'AAPPMA, afin de mieux intégrer les différents niveaux de diversité biologique dans la gestion des populations naturelles de truites.

Sur le territoire français, 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 homogènes. 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 deux bassins versants.

Depuis une dizaine d'années, la biologie moléculaire s'est de plus en plus démocratisée et est devenue progressivement un élément de diagnostic essentiel des populations. Ainsi, des travaux précis ont été menés sur plusieurs départements (Haute-Alpes, Haute-Savoie, Savoie, Rhône, Ardèche, Corse, Isère) souvent à la demande des collectivités piscicoles. Les gestionnaires souhaitent de plus en plus utiliser les données génétiques de manière complémentaire aux données démographiques et sur la qualité des habitats pour établir les plans de gestion.

Pour répondre à ce besoin, un programme de recherche collaborative a été mis en place à la demande de plusieurs fédérations départementales de pêche et de protection du milieu aquatique. L'objectif était de décrire à une échelle microgéographique la diversité et la structure génétique des populations naturelles de truite afin d'apporter des éléments précis et opérationnels aux gestionnaires. Ce programme a impliqué 7 fédérations départementales pour la pêche et la protection du milieu aquatiques (Allier, Isère, Loire, Haute-Loire, Puy-de-Dôme, Rhône, Savoie) répartis sur les versants atlantique et méditerranéen, et deux laboratoires de l'INRA (le laboratoire de génétique des poissons de Jouy-en-Josas et le centre alpin de recherche sur les réseaux trophiques et écosystèmes limniques de Thonon-les-Bains).

Le présent rapport présente les résultats obtenus sur le versant atlantique sur les départements de l'Allier, du Puy-de-Dôme, de la Haute-Loire et de la Loire.

I. MATERIEL ET METHODE

I.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 adipose) a été prélevé et stocké dans l'éthanol 96°. Sur certain poisson, des prélèvements d'écailles ont été réalisés en vue d'une analyse scalimétrique pour estimer l'âge.

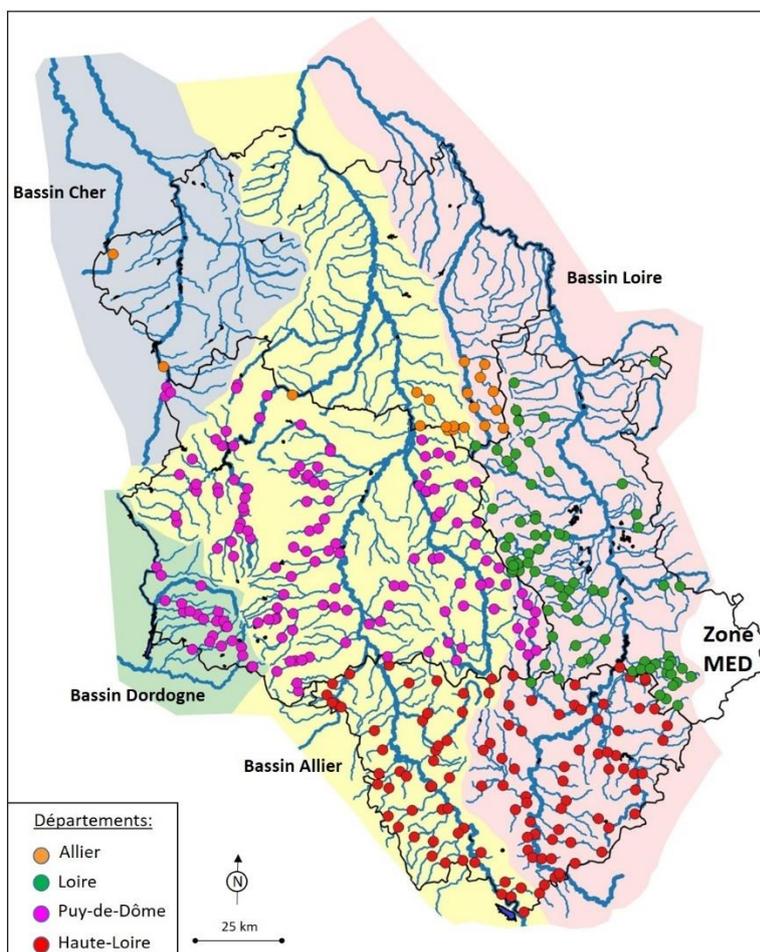


Figure 1 : carte de localisation des secteurs échantillonnés dans les départements de l'Allier, du Puy-de-Dôme, de Haute-Loire et de la Loire (versant atlantique).

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 en annexe 1.

I.2. Extraction, amplification et géotypage

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 Géotypage de Pierroton de l'INRA de Bordeaux pour amplification par PCR et géotypage 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 1.

Marqueurs	Séquence des amorces (5' - 3')	
BS131	F : CACATCATGTTACTGCTCC	R : CAGCCTAATTCTGAATGAG
CA060177	F : CGCTTCTGGACAAAAATTA	R : GAGCACACCCATTCTCA
Oneµ9	F : CTCTCTTTGGCTCGGGGAATGTT	R : GCATGTTCTGACAGCCTACAGCT
Ssa159NVH	F : TGTTTGACGCCTCGTCTG	R : CGCTGATCTTTGTGTAAGG
Ssa171DU	F : TTATTATCCAAAGGGGTCAAAA	R : GAGGTCGCTGGGGTTTACTAT
Ssa197DU	F : GGGTTGAGTAGGGAGGCTTG	R : TGGCAGGGATTGACATAAC
Ssa408UOS	F : AATGGATTACGGGTACGTTAGACA	R : CTCTGTGCAGGTTCTTCATCTGT
Ssa85DU	F : AGGTGGGTCCTCCAAGCTAC	R : ACCCGCTCCTCACTTAATC
SsaD71	F : AACGTGAAACATAAATCGATGG	R : TTAAGAATGGGTTGCCTATGAG
SsoSL438	F : TGACAACACACAACCAAGG	R : GTAAAATGGAAGCATCTGTG
Str543INRA	F : CTTTCTTTGCGATAGTACGG	R : GTTCTACAGTCAGCACAAAGTC
Str58CNRS	F : GCTCACCTCGTAATAAGGAGG	R : AAGGACTTGAAGGACGAC
Str60INRA	F : CGGTGTGCTTGTGAGGTTTC	R : GTCAAGTCAGCAAGCCTCAC
Str73INRA	F : CCTGGAGATCCTCCAGCAGGA	R : CTATTCTGCTTGTAACTAGACCTA
T3-13	F : CCAGTTAGGGTTCATTGTCC	R : CGTTACACCTCTCAACAGATG

Tableau 1 : Marqueurs microsatellites utilisés pour le géotypage 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 géotypage des marqueurs microsatellites ont été vérifiés et lus individuellement avec le logiciel PeakScanner v2.0 (ThermoFisher Scientific).

Les données de géotypage utilisées pour la présente étude porte 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.

I.3. 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 et 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 (Wang 2004, Jones & Wang 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 de X échantillons ($P=0,05/X$), 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.

I.4. 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 attendue (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 (N_e) 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. N_e 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.

I.5. 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 (Dc)** de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) calculées pour chaque pair d'échantillons ont été utilisées pour construire un dendrogramme (arbre phylogénique). Pour ce faire, les fréquences alléliques ont été calculées avec FSTAT et le package Phylip (Felsenstein, 1993) a été utilisé pour générer les Dc et les dendrogrammes. La robustesse des branches a été testée par bootstrap en réalisant 1000 répliqués. Le dendrogramme final a été visualisé avec TreeView (Page 1996).

II. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE L'ALLIER

II.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 (figure 2). 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+.

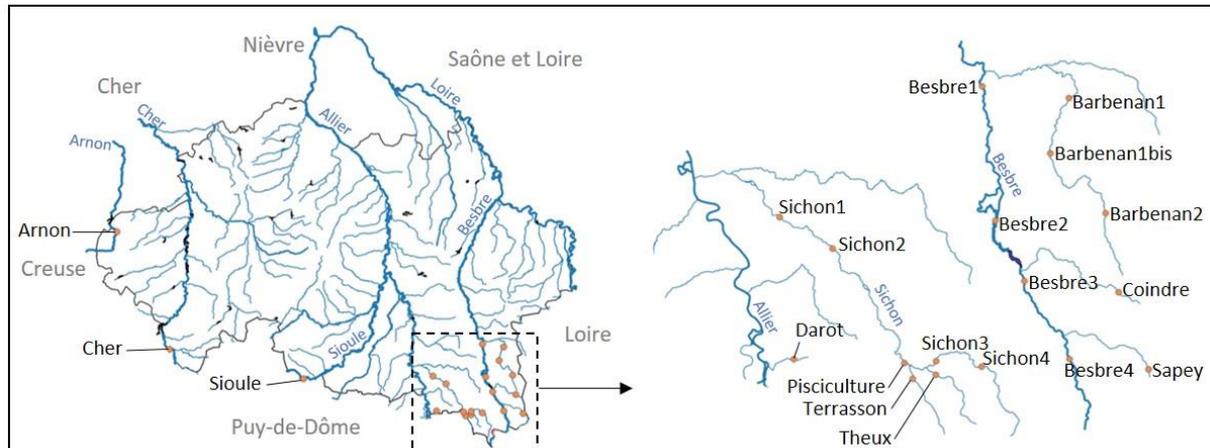


Figure 2 : carte de localisation des échantillons dans le département de l'Allier

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 significatives 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.

Sur les 1820 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 99 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est légèrement supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (91 rejets attendus). Cependant, 31 d'entre eux sont peu significatifs ($p > 0,03$) et pas plus de 6 populations sur les 20 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, seulement 3 combinaisons de loci sur 91 tests montrent un déséquilibre de liaison significatif. Il s'agit de SsaD71-Ssa197DU, Str543INRA-T3-13, et Oneμ9-CA060177, dans respectivement 1, 2 et 4 populations. Ces résultats indiquent qu'il n'y a pas de liaison physique entre les loci.

Cinq échantillons montrent un déficit significatif d'hétérozygotes : Barbenan1 ($Fis=0,176$), Besbre3 (0,171), Sichon4 (0,121), Sioule (0,092) et Pisciculture (0,153) (tableau 2). Le faible effectif de barbenan1 ne permet pas de se prononcer sur l'origine de ce déficit. Pour les 4 autres échantillons, ce déséquilibre peut indiquer que ces échantillons sont constitués d'individus appartenant à plus d'une population (effet Wahlund).

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 2).

Bv	Cours d'Eau	Code Station FD	Nom Station FD	Code présente étude	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	Ar	F _{is}	Ne (IC95%)
Cher	Arnon	CHEArn1	Moulin des Ores	Arnon	6	6	0	0,705	4,00	3,39	0,100	∞ (29-∞)
Besbre	Barbenan	BESbar1	Moulin Beaulieu	Barbenan-1	13	13	0	0,600	3,93	2,73	0,176	163 (16-∞)
Besbre	Barbenan	BESbar1bis	Pont Morel	Barbenan-1bis	17	17	0	0,648	5,21	2,99	0,008	120 (31-∞)
Besbre	Barbenan	BESbar2	Précontent	Barbenan-2	31	21	0	0,578	5,64	2,71	0,039	460 (52-∞)
Besbre	Besbre	BESbes1	Magnant	Besbre-1	29	25	0	0,669	7,14	3,24	-0,102	165 (51-∞)
Besbre	Besbre	BESbes2	Pont de la Chassagne	Besbre-2	26	21	2 (9)	0,700	7,00	3,44	-0,119	42 (23-136)
Besbre	Besbre	BESbes3	Terrain de sport	Besbre-3	31	30	4 (13)	0,755	8,43	3,70	0,171	22 (18-28)
Besbre	Besbre	BESbes4	Pt de Chaudagne	Besbre-4	30	30	0	0,618	5,43	2,99	0,026	∞ (103-∞)
Cher	Cher	CHEche1	Valette	Cher	15	15	0	0,677	5,93	3,26	-0,013	110 (30-∞)
Besbre	Coindre	BEScoi	Pont D477	Coindre	31	27	0	0,556	4,43	2,65	-0,085	76 (26-∞)
Allier	Darot	ALLdar1	Le Bourg	Darot	25	25	2 (8)	0,744	7,43	3,57	-0,006	54 (31-152)
Besbre	Sapey	BESsap	La Grande Ecluse	Sapey	37	32	0	0,483	3,50	2,37	0,033	47 (24-189)
Sichon	Sichon	SICsic0	moulin ribière	Sichon-1	25	25	0	0,670	6,64	3,19	-0,023	105 (42-∞)
Sichon	Sichon	SICsic1	Gué chervais	Sichon-2	18	18	0	0,661	5,71	3,11	-0,090	252 (46-∞)
Sichon	Sichon	SICsic2	Mortes	Sichon-3	11	11	2 (18)	0,695	6,07	3,40	0,010	39 (16-∞)
Sichon	Sichon	SICsic3	Pierre encize	Sichon-4	25	25	0	0,745	8,79	3,62	0,121	26 (19-37)
Sioule	Sioule	SIOsio1	Péraclos	Sioule	30	30	0	0,646	8,43	3,31	0,092	27 (21-38)
Sichon	Terrasson	SICter1	Pont de Becouze	Terrasson	15	15	0	0,742	7,57	3,68	0,028	24 (15-53)
Sichon	Theux	SICthe1	Moulin Bigay	Theux	21	15	0	0,662	5,57	3,18	-0,025	62 (23-∞)
	Pisciculture	PISpia1	Moulin Piat	Pisciculture	18	18	0	0,676	6,00	3,25	0,153	17 (12-28)

Tableau2 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

II.2. Diversité génétique des échantillons

Dans l'ensemble les échantillons montrent des populations relativement bien diversifiées. Le nombre moyen d'allèle 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, tous les trois situés en tête de bassin. L'échantillon Besbre4 montre une diversité beaucoup plus faible que les 3 autres échantillons de la Besbre.

II.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les Fst entre les échantillons varient de 0,0036 à 0,2423 (tableau 3). 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	Pisciculture	
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	0.0234	0.1542	-												
Coindre	0.1450	0.1028	0.0827	0.1142	0.0556	0.0714	0.1156	0.0639	0.1939	-											
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	0.2023	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 3 : 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.

L'analyse de la structuration génétique montre que les 4 échantillons, Besbre3, Sichon4, Sioule et Pisciculture qui montraient un déficit significatif d'hétérozygotes sont composés de plusieurs clusters génétiques (figure 3). Les individus constituant ces échantillons proviennent donc de plusieurs populations.

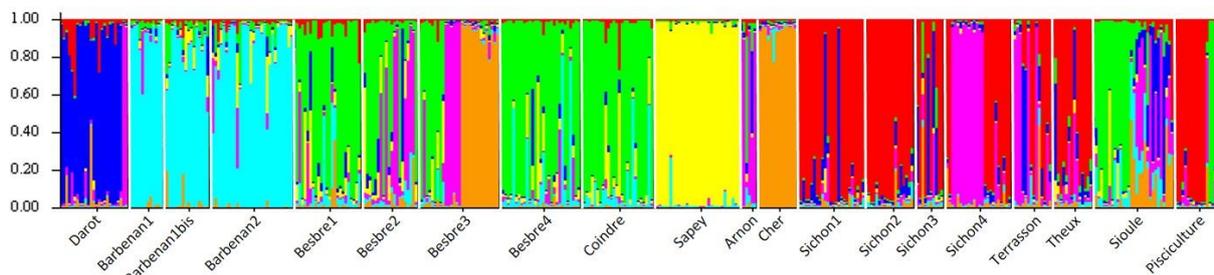


Figure 3 : Présentation des 7 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. les barres verticales colorées représentent les probabilités 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 4 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 7 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 3.

L'analyse par STRUCTURE a identifié les 7 clusters génétiques suivants (figure 3 et tableau 4) :

- 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 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.

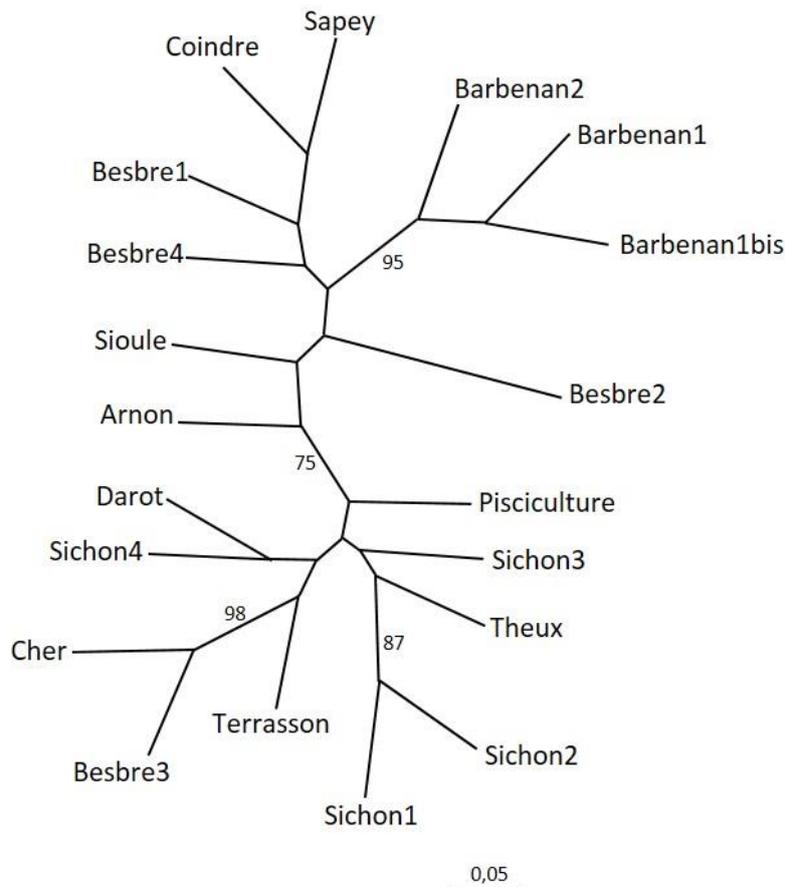


Figure 4 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.

Le dendrogramme des distances génétiques révèle les informations suivantes (figure 4) :

- 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 montrent peu de différences entre eux et constituent 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 ».

III. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DU PUY-DE-DOME

Au total 3000 individus ont été échantillonnés sur 153 secteurs de rivières différents et 4 stocks de pisciculture. La majorité (88%) des 3000 individus a pu être génotypé aux 14 loci. Les individus présentant moins de 6 locus génotypés avec succès ont été écartés du traitement de données. Les secteurs présentant moins de 5 individus génotypés n'ont pas été pris en compte pour les analyses.

Au final, le traitement de données a été réalisé sur un total de 2981 individus répartis en 145 échantillons (141 populations naturelles et 4 stocks de pisciculture).

III.1. Analyse préliminaire de la structure génétique à l'échelle du département

Une première analyse globale de la structuration génétique a été réalisée à l'aide d'un arbre phylogénique en prenant en compte la totalité des 141 échantillons prélevés sur des populations naturelles et les 4 stocks de pisciculture.

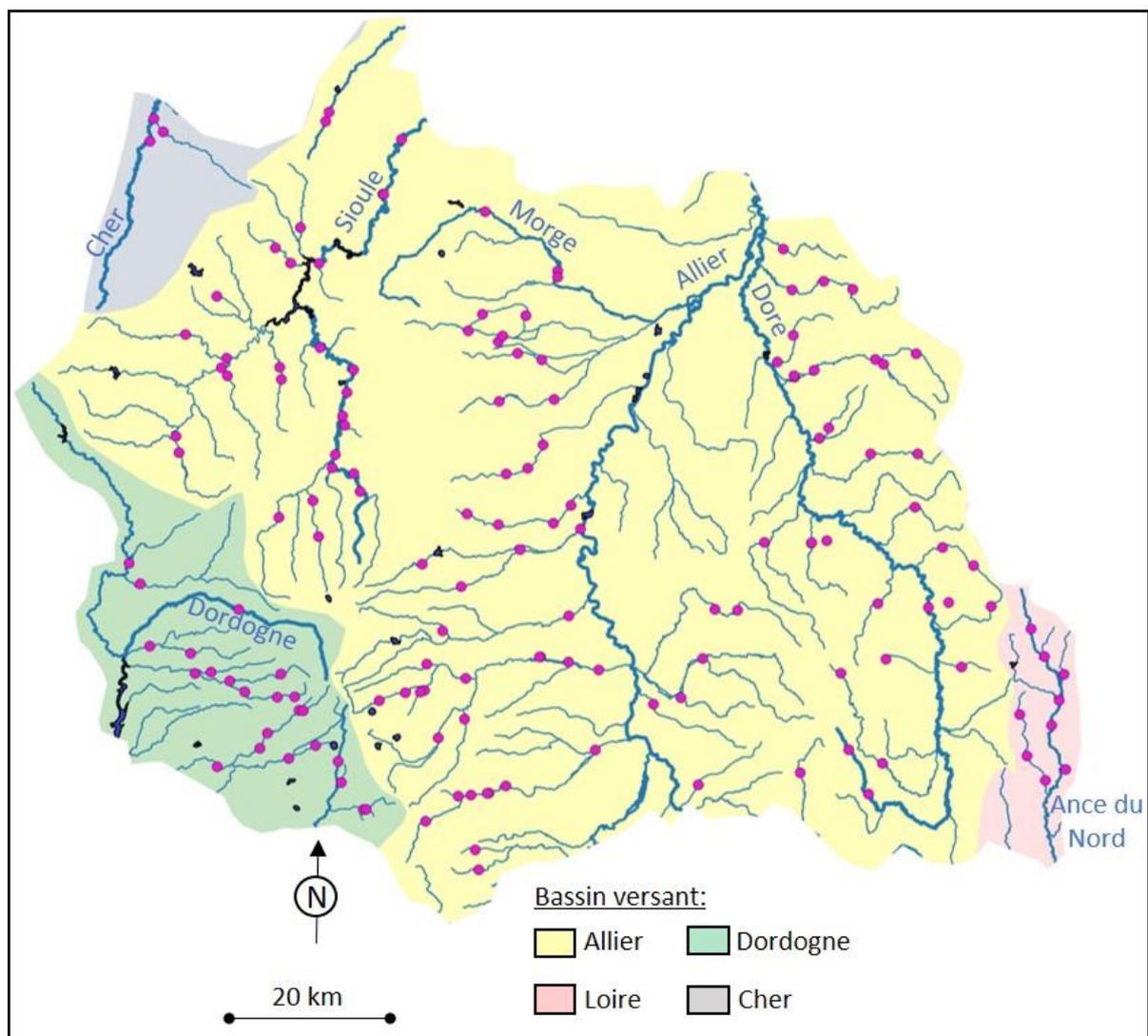


Figure 5 : localisation des 141 échantillons prélevés sur les populations naturelles du département du Puy-de-Dôme et répartition par bassin versant.

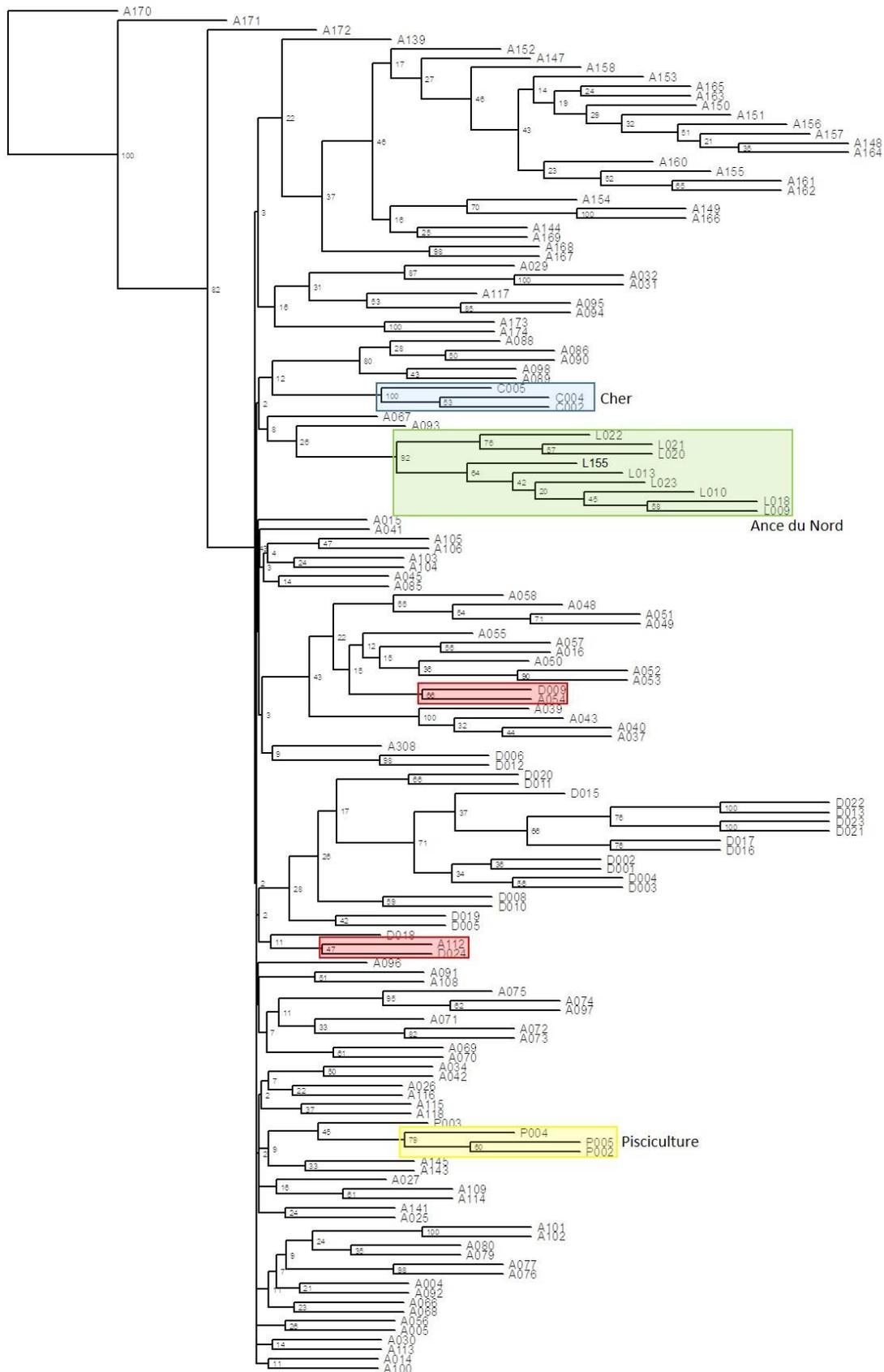


Figure 6 : Arbre (neighbor-joining) présentant la totalité des 145 échantillons du département du Puy-de-Dôme obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés.

Contrairement à ce qu'on pourrait s'attendre, l'arbre phylogénique réalisé avec l'ensemble des échantillons ne montre pas une structuration claire par grand bassin versant hydrographique. Seuls les 3 échantillons du bassin du Cher et les 9 échantillons de l'Ance du Nord (Bassin Loire) forment 2 groupes cohérents et qui se distinguent des autres échantillons avec une forte robustesse (figure 6).

Même si les échantillons du bassin de l'Allier et de la Dordogne se rassemblent globalement entre eux, ils ne forment pas de groupes génétiques robustes (les valeurs de bootstrap séparant les échantillons du bassin de l'Allier de ceux de la Dordogne sont faibles). On observe notamment deux regroupements génétiques relativement forts entre certains échantillons de l'Allier et de la Dordogne (en rouge sur les figures 6 et 7). Les échantillons amont de la Clamouze et de la Couze Pavin se regroupent avec une robustesse de 66%. Ces deux échantillons, situés en tête de bassin, sont proches géographiquement mais très éloignés hydrologiquement. Leur proximité génétique pourrait être soit naturelle, due à une capture récente de bassin versant, soit d'origine anthropique, due à un transfert de poissons entre les deux stations. Cette dernière hypothèse est privilégiée. Plus surprenant, un échantillon situé sur l'Ambène (Allier) se regroupe avec un de la rivière Trentaine (Dordogne) (figure 6 et 7).

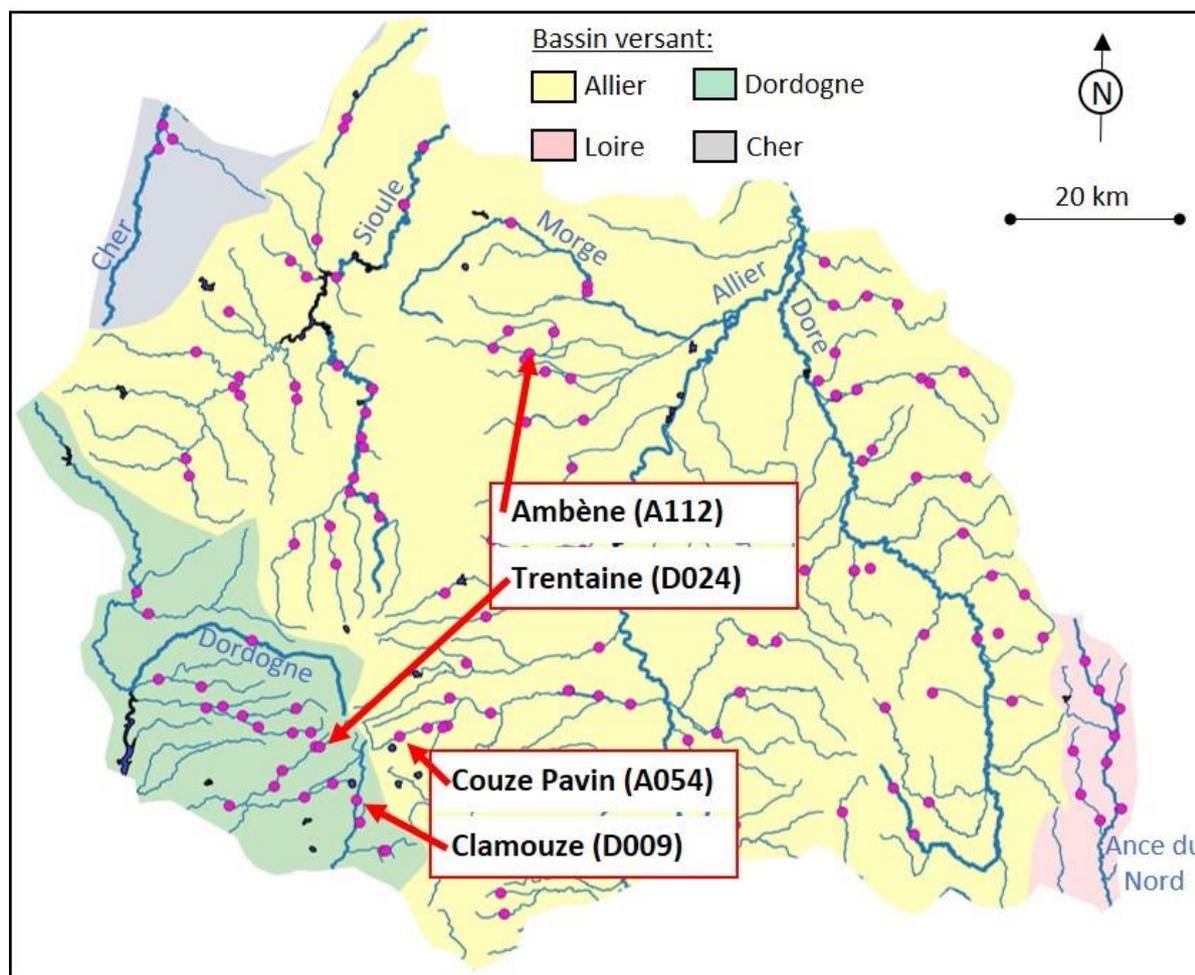


Figure 7 : localisation des échantillons qui se regroupent génétiquement alors qu'ils sont situés sur des bassins hydrographiques différents.

Enfin, il est intéressant de noter que les 4 échantillons des piscicultures se regroupent avec une robustesse de 45%. On peut considérer que trois d'entre elles (stocks Dore, Sioule et Allier) forment

même un seul groupe génétique bien distinct du reste des échantillons avec une valeur de bootstrap de 79%. Ces résultats suggère qu'en pratique la gestion des quatre stocks n'est pas indépendante et que des mélanges entre géniteurs de stocks différents sont réalisés.

Dans la suite de l'étude, des analyses ont été réalisées indépendamment sur les 3 bassins versants de la Dordogne, de l'Allier et du Cher. Les échantillons de l'Ance du Nord sur le bassin de la Loire ont été analysés dans une approche de bassin avec ceux du département de de la Haute-Loire.

III.2. Le bassin de la Dordogne

III.2.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

Sur le bassin de la Dordogne, 24 secteurs ont été échantillonnés pour un total de 578 individus. Deux échantillons situés sur le Chauvet et la Fontaine Salée ont été écartés des analyses en raison d'un nombre d'individus trop faibles. Au total les analyses ont porté sur 565 individus répartis sur 22 secteurs pour les populations naturelles et sur 4 stocks de pisciculture.

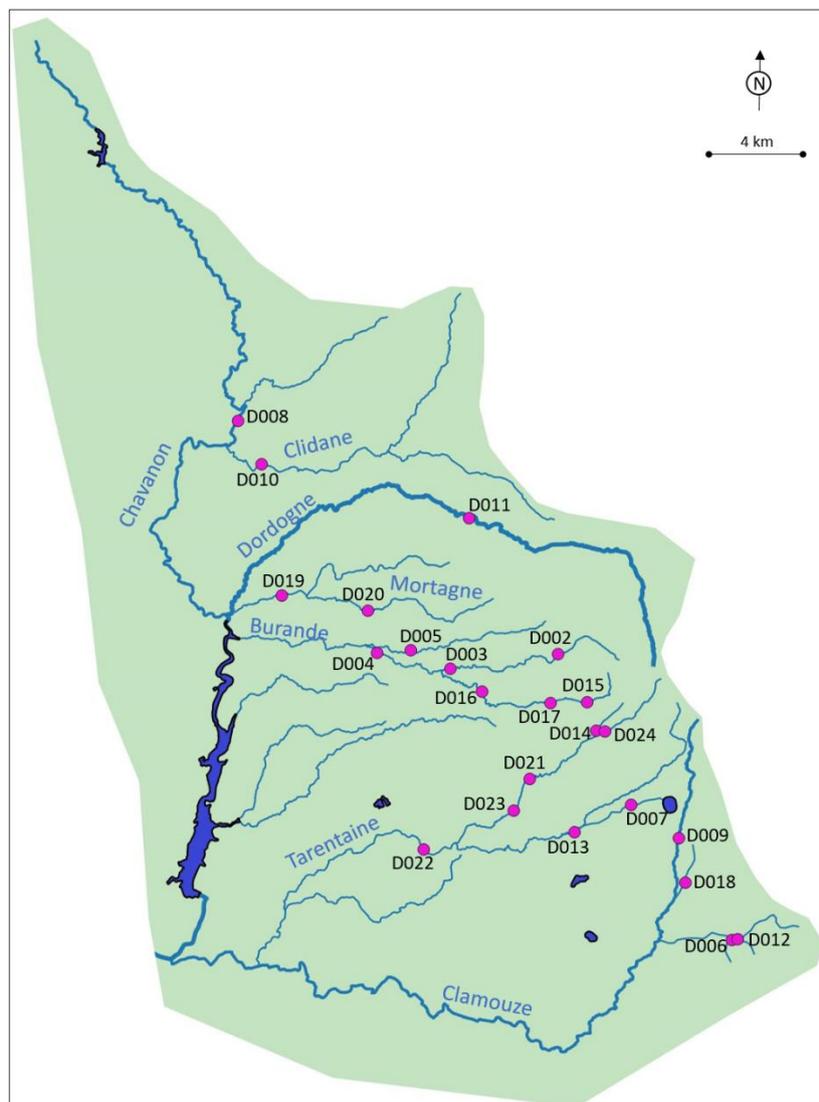


Figure 8 : Localisation des 24 échantillons prélevés sur les populations naturelles du bassin de la Dordogne.

Pour l'ensemble des loci, des déviations significatives à l'équilibre HW ont été observées dans 5 populations : la Burande amont au pont RD88 (D004), la Sandalouze à Espinchal (D012), l'Eau Verte à la taillade (D013), la Mortagne au moulin de Perret (D019) et la Tarentaine au pont vert (D021).

Sur les 364 tests de combinaison échantillon-locus, 30 montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW. Ce résultat est plus élevé que le nombre de déviation attendue (erreur de type 1) pour un risque de 5% (18 rejets attendus). Ce nombre important de déviation peut s'expliquer par le fait que de nombreux échantillons présentent des effectifs faibles.

Sur les 2366 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 180 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (118 rejets attendus). Cependant, 60 d'entre eux sont peu significatifs ($p > 0,03$) et pas plus de 5 populations sur les 26 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, 9 combinaisons de loci sur 91 tests montrent un déséquilibre de liaison significatif. Ces résultats suggèrent qu'il n'y a pas de liaison physique entre les loci.

Trois échantillons montrent un déficit significatif d'hétérozygotes : la Burande à Pont vieux (D004, $F_{is}=0,101$), la Clidane (D010, $F_{is}=0,06$), et le Gagne au mont (D=015, $F_{is}=0,139$) (tableau 5). Ces déséquilibres peuvent être induit par le faible nombre d'individus qui compose certains échantillons, ou indiquer que les échantillons sont constitués d'individus appartenant à plus d'une population (effet Wahlund).

Des individus faisant partie d'une fratrie sont détectés sur 6 échantillons de populations naturelles et 3 stocks de pisciculture (tableau 5). Les 4 échantillons de pisciculture montrent des N_e relativement faibles (41-56) qui indiquent que les individus sont issus d'un nombre de géniteurs restreint.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	H_e	A	A_r	F_{is}	N_e (IC95%)
Burande	BURJAR	amont pont RD88	D001	9	9	0	0,647	4,57	3,47	-0,139	-
Burande	BURCLOU	Le Cloux	D002	12	12	0	0,737	6,43	4,09	-0,129	25 (13-102)
Burande	BURFUST	Pont de la Fuste	D003	15	15	4 (27)	0,733	5,71	3,84	-0,064	8 (5-12)
Burande	BURVIEUX	Pont Vieux	D004	15	15	2 (13)	0,773	7,50	4,41	0,101	17 (11-28)
Burandou	BUROUX	Aulhiat	D005	18	18	0	0,759	8,21	4,36	0,026	281 (53-∞)
Chambe (Jambe)	CHAM	Menuiserie	D006	11	11	0	0,656	5,14	3,57	0,018	16 (8-44)
Chauvet	Chau	Grouffaut	D007	2	2						
Chavanon	Chav	Pont de la Cellette	D008	30	30	0	0,782	10,07	4,59	-0,009	489 (112-∞)
Clamouze	Cla	Pont de Cisternes	D009	10	10	0	0,679	5,57	3,88	0,004	736 (30-∞)
Clidane	Cli	Moulin Lavergne	D010	30	30	0	0,754	9,64	4,32	0,060	105 (58-407)
Dordogne	Dor	STEP Saint Sauves	D011	19	19	0	0,788	8,93	4,64	-0,056	169 (60-∞)
Sandalouze	SAND	Espinchal	D012	7	7	0	0,663	4,43	3,62	0,029	-
Eau Verte	EauVer	La Taillade	D013	23	23	2 (9)	0,701	7,14	3,91	-0,047	38 (23-81)
Fontaine Salée	Fonsa	La Morangie	D014	3	3						
Gagne (le mont)	GAGNMONT	Le Mont (réserve)	D015	19	19	4 (21)	0,745	6,79	4,08	0,139	12 (9-16)
Gagne (Ance)	GAGNANC	Montagne d'Ance	D016	13	13	4 (31)	0,700	4,93	3,65	-0,087	6 (3-11)
Gagne	GAGNSCI	Scierie	D017	5	5	0	0,729	4,36	3,96	0,011	-
Graffaudet	Graff	Pont de Grosleix	D018	17	17	0	0,753	7,00	4,16	-0,008	8 (6-11)
Mortagne	Mort	Moulin de Perret	D019	17	17	0	0,771	8,50	4,49	0,007	30 (20-52)
Mortagne	Mort	STEP Tauves	D020	15	15	0	0,747	6,79	4,14	-0,067	16 (11-26)
Tarentaine	Tar	Aval Pont Vert	D021	25	25	2 (8)	0,669	6,71	3,68	0,026	51 (29-157)
Tarentaine	TARCOV	Moulin de Covy	D022	30	30	0	0,724	7,43	3,95	-0,005	65 (40-141)
Tarentaine	TARGIN	Pont de Gines	D023	30	30	0	0,628	6,93	3,37	0,032	100 (46-7584)
Trentaine	Tre	Bout du Chemin	D024	5	5	0	0,716	4,21	3,81	-0,187	-
Pisciculture	Pisciculture	Stock Allier	P002	50	48	8 (17)	0,770	9,07	4,35	-0,028	41 (33-54)
Pisciculture	Pisciculture	Stock Dordogne	P003	50	48	4 (8)	0,764	9,21	4,32	-0,023	41 (33-52)
Pisciculture	Pisciculture	Stock Dore	P004	48	46	0	0,752	9,21	4,25	-0,015	56 (42-80)
Pisciculture	Pisciculture	Stock Sioule	P005	50	48	2 (4)	0,752	8,29	4,20	-0,035	56 (43-77)

Tableau 5 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. H_e = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, A_r = richesse allélique, F_{is} = indice de fixation, N_e = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

III.2.2. Diversité génétique des échantillons

Le nombre moyen d'allèle par locus (A) sur les populations naturelles varie de 4,21 sur la Trentaine à 9,64 sur la Clidane (tableau 5). La richesse allélique (A_r) varie de 3,47 pour Burande1 à 4,64 pour l'échantillon de la Dordogne. L'hétérozygotie attendue varie de 0,628 (Tarentaine) à 0,788 (Dordogne) (tableau 5).

Les diversités génétiques les moins élevées se situent sur les échantillons de Gagne, Sandalouze et Burande.

III.2.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les F_{st} entre les échantillons varient de 0,001 à 0,2773 (tableau 6). Les principaux résultats sont :

- Une différenciation génétique importante est constatée entre l'échantillon de la Clamouze et tous les autres échantillons. Ce résultat n'est pas surprenant puisque dans l'arbre global (figure 6) cet échantillon était regroupé avec la Couze Pavin situé sur le bassin de l'Allier.
- L'échantillon Gagne (Ance) montre des F_{st} élevées avec tous les échantillons sauf avec Gagne.
- L'échantillon de la Sandalouze se différencie peu de Chambe et Mortagne 1
- Les 3 échantillons de la Tarentaire montrent une différenciation relativement entre eux et une forte différenciation avec tous les autres échantillons exceptés avec l'Eau Verte.
- Les 4 échantillons de la Burande et celui du Burandou montrent des F_{st} relativement faible entre eux.
- Les 4 stocks de piscicultures montrent une faible différenciation entre eux. Notamment, le stock Dordogne est moins éloigné des 3 autres stocks que des populations naturelles du bassin de la Dordogne. De même, certaines populations naturelles de la Dordogne (Burandou, Chavanon, Mortagne 1) sont peu différenciées des stocks Allier, Dore, Sioule. Ces résultats peuvent s'expliquer par un mélange entre les individus des différents stocks au sein de la pisciculture ou la réalisation de fécondation croisée entre géniteurs prélevés sur les différents bassins.

	Burande 1	Burande 2	Burande 3	Burande 4	Burandou	Chambe	Chavanon	Clamouze	Clidane	Dordogne	Santalouze	Eau Verte	Gagne (le mont)	Gagne (Ance)	Gagne	Graffaudet	Mortagne 1	Mortagne 2	Tarentaine 1	Tarentaine 2	Tarentaine 3	Trentaine	Stock Allier	Stock Dordogne	Stock Dore	
Burande 2	0,0805	-																								
Burande 3	0,1097	0,055	-																							
Burande 4	0,1145	0,0566	0,0356	-																						
Burandou	0,1227	0,0611	0,0709	0,0432	-																					
Chambe	0,1997	0,158	0,1519	0,081	0,0879	-																				
Chavanon	0,1343	0,095	0,078	0,037	0,0504	0,0907	-																			
Clamouze	0,247	0,204	0,2009	0,164	0,1622	0,2012	0,1306	-																		
Clidane	0,1454	0,1054	0,0941	0,0533	0,064	0,1115	0,0274	0,1408	-																	
Dordogne	0,1131	0,0763	0,0562	0,0328	0,0455	0,1048	0,0212	0,1344	0,0359	-																
Santalouze	0,2063	0,1619	0,1677	0,111	0,1006	0,0629	0,1066	0,1967	0,127	0,1075	-															
Eau Verte	0,2319	0,1847	0,1862	0,1395	0,1458	0,1732	0,1232	0,1914	0,1333	0,1254	0,1594	-														
Gagne (le mont)	0,1027	0,0738	0,0632	0,0497	0,0696	0,1239	0,0707	0,1804	0,0812	0,0713	0,1073	0,1345	-													
Gagne (Ance)	0,2414	0,1734	0,1461	0,1112	0,1296	0,1907	0,1452	0,2468	0,159	0,1261	0,2296	0,1715	0,1143	-												
Gagne	0,1788	0,0916	0,0942	0,0812	0,0842	0,1656	0,1183	0,2059	0,1135	0,0899	0,1825	0,1392	0,047	0,038	-											
Graffaudet	0,1848	0,1401	0,1355	0,079	0,0809	0,1168	0,0648	0,1594	0,0966	0,0795	0,1238	0,1435	0,1142	0,1577	0,1457	-										
Mortagne 1	0,1527	0,0965	0,0936	0,0494	0,0201	0,0896	0,0282	0,1404	0,047	0,0264	0,0799	0,126	0,0773	0,1348	0,1089	0,0703	-									
Mortagne 2	0,1509	0,1059	0,1005	0,043	0,0562	0,0779	0,0371	0,1471	0,0675	0,0406	0,1018	0,1439	0,0835	0,1525	0,1263	0,0881	0,044	-								
Tarentaine 1	0,2477	0,1809	0,1933	0,1602	0,1428	0,1909	0,15	0,2276	0,1511	0,1423	0,211	0,0978	0,1391	0,1178	0,0724	0,1532	0,1406	0,1618	-							
Tarentaine 2	0,2102	0,164	0,1635	0,12	0,1216	0,149	0,1098	0,1678	0,1233	0,1078	0,1492	0,0251	0,1313	0,1509	0,1221	0,1206	0,1012	0,1235	0,0802	-						
Tarentaine 3	0,2773	0,2161	0,2178	0,1874	0,1779	0,2309	0,175	0,2498	0,1865	0,1676	0,2453	0,1169	0,1621	0,1377	0,107	0,1695	0,1632	0,1929	0,0207	0,088	-					
Trentaine	0,2099	0,1353	0,1553	0,0722	0,0596	0,1099	0,0841	0,1908	0,0939	0,0909	0,1533	0,1889	0,1273	0,1839	0,1745	0,0973	0,0642	0,069	0,1931	0,1585	0,2248	-				
Stock Allier	0,1508	0,0895	0,1087	0,0665	0,0213	0,0913	0,0446	0,1365	0,0616	0,052	0,1075	0,1438	0,0863	0,1344	0,1127	0,0731	0,0179	0,0571	0,1393	0,1241	0,1655	0,044	-			
Stock Dordogne	0,1496	0,0837	0,0989	0,0526	0,0259	0,0596	0,0392	0,1437	0,0542	0,0445	0,0784	0,1377	0,078	0,1373	0,1142	0,0689	0,0172	0,0476	0,1355	0,1206	0,164	0,0422	0,0054	-		
Stock Dore	0,1659	0,1033	0,1163	0,0624	0,0258	0,0855	0,0478	0,1478	0,0652	0,0551	0,0963	0,1423	0,083	0,1439	0,125	0,075	0,0223	0,0551	0,1494	0,1265	0,1728	0,04	0,0002	0,0087	-	
Stock Sioule	0,1579	0,0963	0,1106	0,0677	0,0228	0,0917	0,056	0,1491	0,0681	0,0612	0,1075	0,1537	0,0851	0,1423	0,1218	0,0826	0,0202	0,0689	0,1515	0,1342	0,1774	0,0457	-0,001	0,0084	0,002	

Tableau 6 : 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.

L'analyse par STRUCTURE indique que la structuration la plus importante est constituée par 2 grands clusters regroupant les 4 stocks de pisciculture entre eux dans un même cluster génétique et toutes les populations naturelles dans un autre cluster. Ce résultat indique de nouveau que les 4 stocks de pisciculture ne constituent qu'un seul stock sur le plan génétique. Ensuite, les deux autres structurations les plus probables suggérées par STRUCTURE sont constituées de 3 et 8 groupes génétiques. Seuls ces deux structurations sont illustrées (figure 9 et tableau 7).

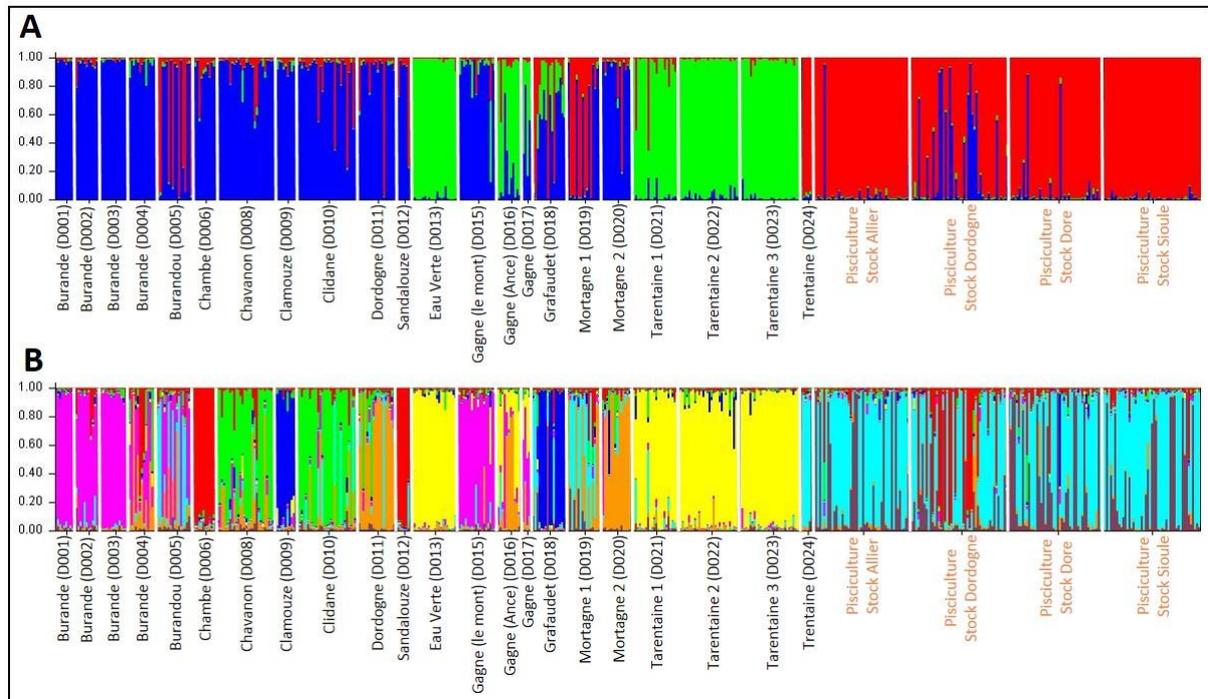


Figure 9 : Présentation des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. A = 3 clusters et B = 8 clusters. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters.

Dans le cas de 3 clusters :

- Un cluster génétique distinct regroupe les 3 échantillons de la Tarentaine et celui de l'Eau Verte. Entre 90% et 97% des individus de ces échantillons sont assignés à ce cluster. L'échantillon Gagne Ance est également intégré avec 79% de ses individus assignés.
- Les 4 stocks de pisciculture ainsi que l'échantillon de la Trentaine forment un cluster bien distinct. Le rapprochement entre l'échantillon Trentaine et les piscicultures non originaire du bassin de la Dordogne est cohérent avec le résultat de l'analyse globale qui avait montré une proximité génétique entre cet échantillon et une population naturelle du bassin de l'Allier, sur l'Ambène. Notons aussi que 56% des individus de l'échantillon Mortagne 1 sont assignés à ce cluster.
- Le troisième cluster est majoritairement constitué par les individus des autres échantillons (en bleu dans la figure 9 et le tableau 7).
- Les individus des échantillons Gagne, Burandou et Grafaudet sont majoritairement assignés à ce 3^{ème} cluster mais ils se répartissent également dans les autres clusters.

A				B											
Echantillon	Effectif	Clusters			Echantillon	Effectif	Clusters								
		1	2	3			1	2	3	4	5	6	7	8	
Burande1	9	98%	1%	2%	Burande1	9	93%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
Burande2	12	95%	1%	4%	Burande2	12	81%	7%	1%	2%	1%	1%	5%	3%	
Burande3	14	98%	1%	1%	Burande3	14	93%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	
Burande4	14	94%	4%	2%	Burande4	14	39%	15%	9%	28%	4%	2%	2%	1%	
Clamouze	10	94%	3%	3%	Gagne (le mont)	19	83%	2%	2%	3%	4%	1%	3%	2%	
Chavanon	29	92%	2%	6%	Gagne	5	59%	1%	3%	9%	25%	1%	2%	1%	
Chambe (Jambe)	11	89%	2%	9%	Burandou	18	37%	5%	3%	13%	1%	1%	36%	4%	
Clidane	30	87%	1%	12%	Chambe (Jambe)	11	1%	92%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
Dordogne	19	88%	2%	11%	Santalouze	7	1%	88%	1%	1%	1%	1%	7%	1%	
Gagne (le mont)	19	88%	8%	4%	Chavanon	29	4%	6%	67%	12%	2%	2%	3%	3%	
Mortagne2	15	88%	2%	10%	Clidane	30	3%	3%	71%	9%	1%	1%	11%	2%	
Santalouze	7	77%	1%	22%	Dordogne	19	5%	2%	12%	69%	1%	1%	8%	2%	
Gagne	5	54%	44%	2%	Mortagne2	15	6%	3%	5%	76%	1%	4%	4%	1%	
Burandou	18	52%	1%	47%	Gagne (Ance)	12	13%	1%	3%	35%	43%	1%	4%	1%	
Graffaudet	17	51%	20%	29%	Eau Verte	23	1%	1%	2%	1%	92%	1%	1%	1%	
Eau Verte	23	2%	97%	1%	Tarentaine1	23	1%	1%	2%	1%	86%	2%	5%	2%	
Gagne (Ance)	12	15%	79%	7%	Tarentaine2	30	1%	1%	2%	3%	88%	4%	1%	1%	
Tarentaine1	23	2%	90%	8%	Tarentaine3	30	1%	1%	1%	1%	93%	1%	1%	1%	
Tarentaine2	30	3%	97%	1%	Clamouze	10	3%	2%	3%	1%	4%	85%	2%	1%	
Tarentaine3	30	1%	97%	2%	Graffaudet	17	1%	3%	4%	3%	1%	65%	16%	8%	
Mortagne1	17	42%	2%	56%	Mortagne1	17	2%	7%	3%	33%	1%	2%	45%	7%	
Trentaine	5	2%	2%	96%	Trentaine	5	1%	2%	1%	2%	1%	1%	90%	2%	
Stock Allier	48	4%	1%	95%	Stock Dordogne	48	1%	31%	2%	3%	1%	1%	47%	15%	
Stock Dordogne	48	23%	1%	76%	Stock Allier	48	1%	3%	2%	2%	1%	1%	64%	27%	
Stock Dore	46	6%	1%	93%	Stock Dore	46	1%	5%	2%	3%	1%	2%	53%	33%	
Stock Sioule	48	1%	1%	98%	Stock Sioule	48	1%	3%	1%	2%	1%	1%	64%	28%	

Tableau 7 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. A = 3 clusters et B = 8 clusters. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 9.

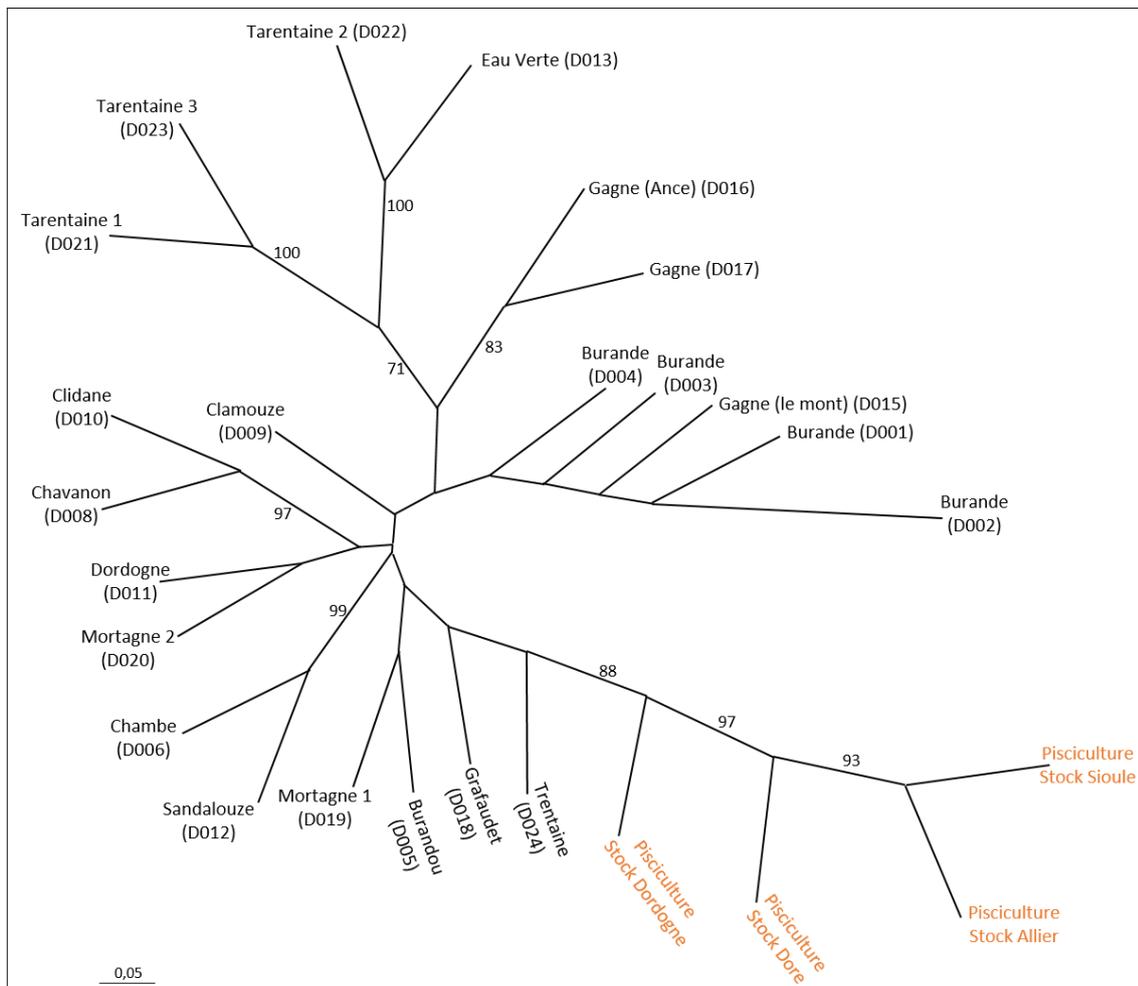
La partition en 8 clusters permet de faire apparaître une sous structuration :

- Un premier cluster est formé majoritairement avec les échantillons Burande 1, 2 et 3 et Gagne le mont. Dans des proportions moindres des individus des échantillons Burande 4, Gagne et Burandou sont également assignés à ce cluster.
- Les deux échantillons Chambe et Santalouze forment un cluster distinct.
- Chavanon et Clidane forment également à eux deux un autre cluster.
- Un cluster se forme avec la majorité des individus des échantillons Dordogne et Mortagne2. 35% des individus de l'échantillon Gagne Ance est également assigné à ce cluster.
- Un cluster bien distinct regroupe les 3 échantillons de la Tarentaine et celui de l'Eau Verte, ainsi que 43% des individus de l'échantillon Gagne Ance.
- Les échantillons Clamouze et Graffaudet se regroupent avec respectivement 85% et 65% des individus assignés à ce cluster.
- Un cluster plus hétérogène est constitué par des individus des 4 stocks de pisciculture et de deux populations naturelles à savoir Trentaine et Mortagne1. L'échantillon de la Trentaine semble majoritairement constitué de génotypes issus du bassin de l'Allier.
- Enfin, des individus des 3 stocks de pisciculture non originaire du bassin de la Dordogne forment un cluster auquel 15% des individus du stock Dordogne est également assigné. Ceci

pourrait s'expliquer par la présence dans le stock Dordogne de génotypes normalement présent dans le bassin de l'Allier.

L'arbre des distances génétiques permet d'obtenir les informations suivantes (figure 10) :

- Un groupe distinct formé par les 3 échantillons de la Tarentaine et l'Eau Verte avec une valeur de robustesse de 71%. Ce groupe est géographiquement cohérent puisque les 4 échantillons sont situés sur le bassin de la Tarentaine.
- Trois groupes différents se forment par regroupement de paires d'échantillons géographiquement proches : Gagne et Gagne Ance, Clidane et Chavanon, Chambe et Sandalouze.
- Les 4 stocks de pisciculture se regroupent avec une valeur de bootstrap de 88%.
- Les 4 échantillons de la Burande et celui de Gagne le mont sont proches. Ce regroupement correspond à un cluster identifié par STRUCTURE. A noter que le regroupement de l'échantillon Gagne le mont, situé à l'amont de la Gagne, avec la Burande n'est pas géographiquement cohérent. Ce résultat peut être dû à un transfert d'individus entre les deux têtes de bassins (Burande et Gagne).



III.3. Le bassin de l'Allier

III.3.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

Sur le bassin de l'Allier, 117 secteurs différents ont été échantillonnés pour un total de 2135 individus. Dix échantillons ont été écartés des analyses en raison d'un nombre d'individus trop faibles (tableau 8). Au total les analyses ont porté sur 2129 individus répartis sur 107 secteurs pour les populations naturelles et sur 190 poissons provenant des 4 stocks de pisciculture.

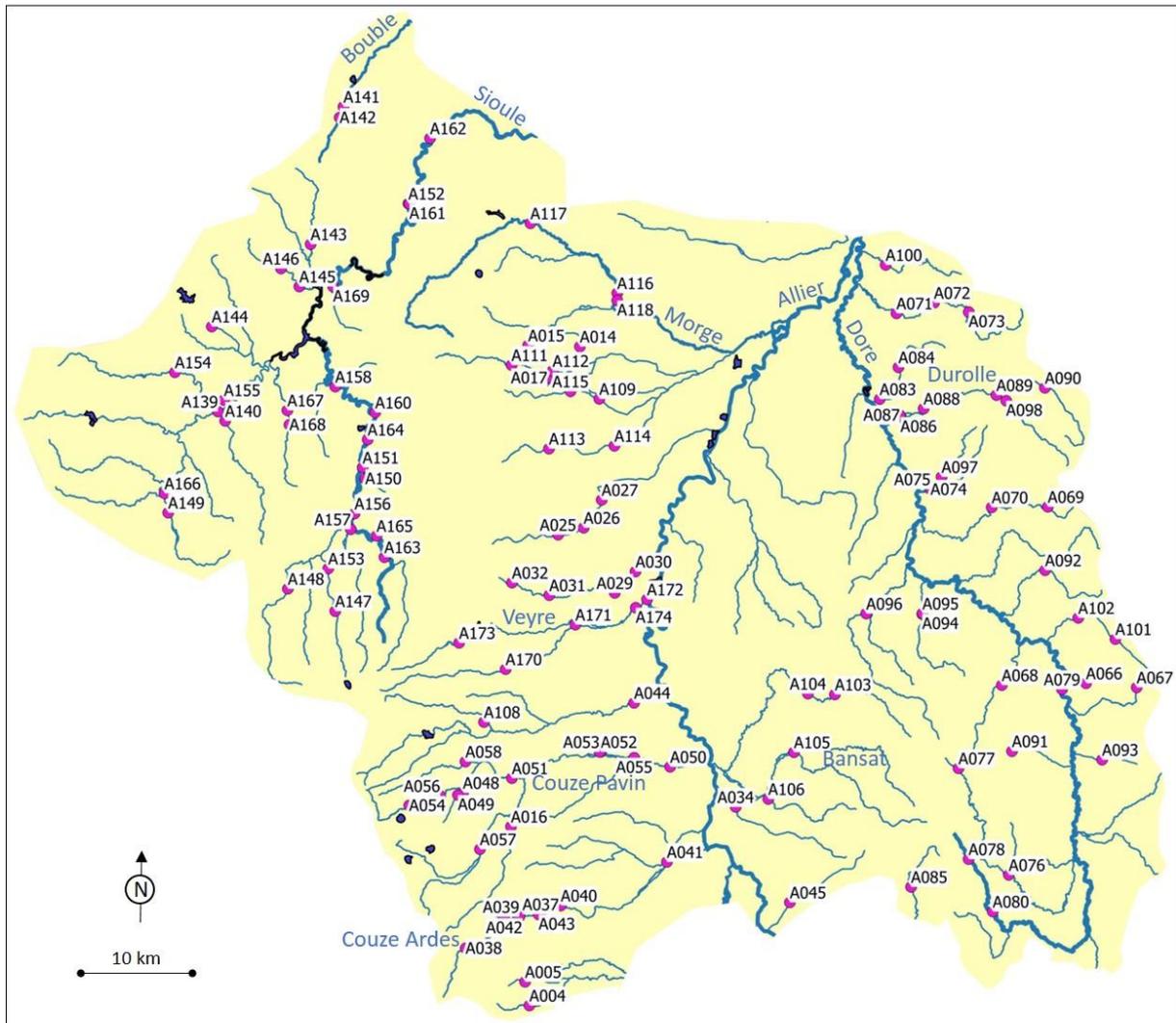


Figure 11 : Localisation et code station des 117 secteurs échantillonnés sur le bassin de l'Allier.

Pour l'ensemble des loci, des déviations significatives à l'équilibre HW ont été observées dans 7 populations sur : la Favatelles au moulin Clamont (A091), la Valette à pont de Bio (A106), le Bédât à Gerzat (A114), la Morge à pont de la Moutade (A116), le Besanton à la confluence Sioulet (A139), la Sioule à Montfermy (A158) et la Monne à St Amand Tallende (A171).

Sur les 1554 tests de combinaison échantillon-locus, 113 montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW. Ce résultat est plus élevé que le nombre de déviation attendue (erreur de type 1) pour un risque de 5% (78 rejets attendus). Cependant 32 tests sont peu significatifs ($p > 0,03$). Ce

nombre important de déviation peut s'expliquer par le fait que de nombreux échantillons présentent des effectifs faibles.

Sur les 10100 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 730 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est légèrement supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (505 rejets attendus). Le seuil de significativité est faible ($p > 0,03$) pour 232 tests. Pas plus de 16 populations sur les 111 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, 38 combinaisons de loci sur 91 montrent un déséquilibre de liaison significatif. Ces résultats suggèrent qu'il n'y a pas de liaison physique entre les loci.

Un déficit significatif de génotype hétérozygote est observé sur 4 échantillons (valeur de Fis significative, tableau 8) : sur l'Ambène (A112, secteur Mozac), les Favatelles (A091, secteur moulin Clamont), la carcasse (A068, secteur les Cros) et la Combavière (A005, secteur pont D23). Pour l'échantillon A112, son faible effectif ($n=5$) pourrait expliquer cette déviation. Le déficit observé sur l'échantillon A091 est cohérent avec le fait qu'il montre également un déséquilibre HW. Enfin pour les deux derniers, ce déficit peut indiquer que les échantillons sont constitués d'individus appartenant à plus d'une population (effet Wahlund).

L'analyse réalisée avec le logiciel COLONY montre que de nombreux poissons font partie d'une fratrie dans plusieurs échantillons (tableau 8). Ce taux élevé peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible.

A noter que plusieurs individus montrent un génotype strictement identique :

- 3 individus échantillonnés en 2012 sur le secteur No Kill de la Couze Pavin ont un génotype identique à 3 individus échantillonnés sur le même secteur en 2013. Il s'agit probablement des mêmes individus qui ont été prélevés deux fois à un an d'intervalle.
- Deux individus de la Veyre sur le secteur Bourasset-les-Martres montre le même génotype.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
Bave	Bave	Moulin de la Rochette	A004	15	15	5 (33)	0,585	4,4	3,0	-0,052	7 (4-13)
Combavière	Comb	Amont Pont D23	A005	37	36	0	0,720	8,2	4,0	0,057	10 (8-12)
Sardon	Sar	Les Bonnes Filles	A014	7	7	0	0,753	5,2	4,1	0,011	-
Sardon	Sar	Sans Soucis	A015	5	5	0	0,765	4,6	4,2	0,095	-
Sault	Sault	TCC	A016	18	18	0	0,738	7,1	4,1	-0,031	40 (24-94)
Affluent Ambène	Amb	Moulin Blanc	A017	2	2						
Artière	Art	Botanic	A025	18	18	0	0,772	7,9	4,4	-0,070	53 (28-222)
Artière	Art	Collège Aubière	A026	18	18	2 (11)	0,766	7,9	4,4	-0,016	12 (9-16)
Artière	Art	Crouël	A027	20	20	0	0,748	8,4	4,3	0,036	44 (27-91)
Auzon	Auz	La Roche Blanche	A029	18	18	0	0,768	7,6	4,3	-0,022	60 (31-264)
Auzon	Auz	Le Cendre	A030	5	5	0	0,703	4,1	3,8	-0,087	-
Auzon	Auz	Stade ChanoOt	A031	15	15	2 (13)	0,623	5,9	3,4	-0,096	28 (14-110)
Auzon	Auz	Step Theix	A032	22	22	0	0,715	7,1	3,9	-0,009	31 (21-53)
Bansat	Ban	Entre Pradeau et Saint Martin	A034	30	30	6 (20)	0,754	8,0	4,2	-0,071	17 (14-22)
C Ardes	ARDPEZ	Chapelle Sainte Pezade	A037	17	17	0	0,724	6,6	4,0	-0,086	182 (36-∞)
C Ardes	ARDJAS	Jassy	A038	24	24	0	0,765	8,5	4,4	-0,017	43 (28-82)
C Ardes	ARDMAZ	Pont de Mazoire	A039	16	16	0	0,734	6,3	4,0	0,043	61 (26-∞)
C Ardes	ARDCHAL	Route de ChalagOt	A040	20	20	0	0,739	6,9	4,0	0,004	80 (38-1436)
C Ardes	ARDAV	Saint Germain Lembron	A041	42	42	2 (5)	0,780	10,6	4,5	0,045	121 (72-308)
Rau d'Auzolle	AUZ	La Jaquette	A042	12	12	0	0,759	6,0	4,1	-0,021	12 (7-20)
Vèze	VEZ	Chapelle Ste Pezade	A043	9	9	0	0,731	5,1	3,9	-0,052	65 (15-∞)
C Chambon	Cham	Pont de Chadeleuf	A044	3	3						
Cé	Cé	Les Menets	A045	30	30	0	0,723	8,2	4,1	-0,019	214 (76-∞)
C Vaucoux	VAUCOURC	Amont ourcières	A048	20	20	2 (10)	0,715	7,3	3,9	0,045	43 (26-95)
C Vaucoux	VAUCREG	Pont de la regeasse	A049	10	10	2 (20)	0,684	4,8	3,6	-0,115	13 (7-39)
Couze Pavin	PAVISS	Issoire La Plaigne	A050	15	15	0	0,719	6,6	4,0	-0,075	74 (26-∞)
Couze Pavin	PavLyns	Lyns	A051	25	25	0	0,740	6,9	4,0	-0,043	35 (22-67)
Couze Pavin	PAVPNK	Parcours No Kill	A052	17	17	2 (12)	0,695	6,4	3,8	-0,160	47 (20-∞)
Couze Pavin	Pavpnk	Parcours No Kill Chidrac	A053	25	24	2 (8)	0,694	7,9	4,0	-0,080	28 (18-48)
Couze Pavin	PAVSER	Pont de Serveix	A054	14	14	14 (100)	0,569	4,3	3,1	0,000	7 (3-11)
Couze Pavin	Pav	Pont Estrade	A055	9	9	0	0,697	5,6	3,9	0,030	112 (19-∞)
Couze Pavin	PAVBIO	Station Bio	A056	13	13	0	0,764	8,0	4,5	-0,030	38 (18-347)
Couze Valbeleix	Valb	Pont Vieux de Valbeleix	A057	21	21	2 (9)	0,726	7,4	4,0	0,042	98 (40-∞)
Ru de Malvoissière	MALVOI	Pont D621	A058	30	30	0	0,699	6,8	3,7	0,024	33 (24-52)
Batifol	BATIFOR	STEP La Forie	A066	25	25	0	0,718	8,1	4,2	-0,004	50 (31-103)
Batifol	BATIVAL	Valcivières	A067	22	22	0	0,693	7,9	3,9	0,028	16 (11-25)
Carcasse	Car	Le Cros	A068	34	34	0	0,658	7,9	3,6	0,080	42 (28-73)
Couzon	Cou	Pont de Rossias	A069	30	30	19 (63)	0,383	3,6	2,4	-0,112	19 (12-36)
Couzon	Cou	Pont Pierre Blanche	A070	33	32	2 (6)	0,671	7,6	3,9	-0,057	47 (33-78)
Credogne	Cre	Abbaye de Montpeyroux	A071	19	19	0	0,713	7,1	4,0	-0,012	89 (40-∞)

Tableau 8: synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
Credogne	Cre	La Poncette	A072	12	12	0	0,623	5,5	3,5	-0,010	52 (17-∞)
Creuzier	Creuz	Moulin de Ligonet	A073	41	41	6 (15)	0,463	5,6	2,7	-0,029	34 (22-58)
Cros	Cro	Aval Confluence	A074	6	6	0	0,678	4,4	3,8	-0,268	-
Cros	Cro	Les Suchères	A075	15	15	0	0,709	6,3	3,9	-0,098	111 (29-∞)
Dolore	Dol	Novacelle	A076	35	35	0	0,581	6,1	3,2	-0,109	346 (71-∞)
Dolore	Dol	Pont La Barthe	A077	21	21	4 (19)	0,612	6,0	3,4	-0,048	18 (12-28)
Dore	Dore	Buissonne	A078	4	4						
Dore	Doreballut	Chez Ballut	A079	9	9	0	0,717	5,6	4,0	-0,055	-
Dore	Dore	Moulin de Pierre	A080	38	38	4 (11)	0,649	6,1	3,5	-0,037	103 (55-427)
Dorson	Dors	Dorson Village	A083	4	4						
Dorson	Dors	Le Duc	A084	1	1						
Doulon	Doul	Moulin de Courtine	A085	30	30	6 (20)	0,598	5,7	3,1	-0,019	91 (43-1426)
Durolle	Dur	Bief	A086	10	10	0	0,671	5,6	3,8	0,014	49 (17-∞)
Durolle	Dur	Fin du chemin Aval Pat à Pain	A087	1	1						
Durolle	Dur	Pont de Seychalle	A088	8	8	0	0,690	5,6	4,0	-0,024	-
Durolle	Dur	Pont Gare de Celles	A089	23	23	3 (13)	0,659	7,0	3,8	0,049	12 (9-16)
Durolle	Dur	Vernière	A090	35	35	5 (14)	0,594	7,1	3,4	-0,090	53 (33-106)
Favatelles	Fav	Amont Moulin Clamont	A091	18	18	2 (11)	0,562	5,5	3,2	0,121	432 (42-∞)
Gérizé	Gér	La Planche	A092	30	30	4 (13)	0,557	5,1	2,9	-0,129	86 (35-∞)
Lagat	Lag	Ribbe Basse	A093	42	42	4 (10)	0,754	8,3	4,2	0,032	42 (32-58)
Mende	Men	Amont Seuil Brugeard	A094	8	8	0	0,726	5,4	4,1	-0,020	34 (11-∞)
Mende	Men	Aval Seuil Brugeard	A095	19	19	0	0,748	7,7	4,3	-0,061	192 (54-∞)
Miodet	Moi	Stade de Foot St Dier	A096	30	30	4 (13)	0,742	9,0	4,3	-0,063	45 (32-74)
Roches	Roc	Intersection D45	A097	10	10	0	0,717	5,7	4,0	-0,024	-
Semaine	Sema	Prat Berger	A098	24	24	0	0,633	6,8	3,6	0,042	313 (117-∞)
Vauziron	Vau	Aval STEP	A100	26	26	0	0,730	8,4	4,2	-0,012	39 (26-64)
Vertolaye	Ver	Aval Fossat	A101	33	32	2 (6)	0,522	4,9	2,9	-0,040	26 (17-42)
Vertolaye	Ver	Les Sollelis	A102	37	37	9 (24)	0,637	6,6	3,5	-0,107	31 (22-47)
Ailloux	AILLAV	Lavancie	A103	16	15	0	0,683	6,4	3,8	-0,128	90 (22-∞)
Ailloux	AILST	STEP	A104	11	11	0	0,794	6,7	4,5	-0,069	11 (7-19)
Eau Mere	Eaum	Sauxillanges	A105	12	12	0	0,673	5,8	3,8	-0,003	42 (16-∞)
Valette	Val	Pont de Bio0	A106	31	31	0	0,748	9,4	4,2	-0,055	230 (88-∞)
Fredet	Fre	Parc Casino St Nectaire	A108	17	17	16 (94)	0,575	4,5	3,0	-0,145	3 (2-6)
Gensat	Gen	Bayle	A109	10	10	0	0,782	6,9	4,5	-0,004	-
Ambène	Amb	Gorges d'Enval	A111	4	4						
Ambène	Amb	Mozac CAT	A112	5	5	0	0,763	5,1	4,5	0,154	-
Bédât	Béd	Blanzat	A113	7	7	0	0,776	5,5	4,3	0,018	-
Bédât	Béd	Gerzat Autoroute	A114	19	19	0	0,751	8,9	4,4	0,003	237 (58-∞)
Mirabel	Mir	Station MSD	A115	11	11	0	0,744	6,0	4,1	-0,095	15 (9-34)
Morge	Mor	Aval Pont de la Moutade	A116	33	33	6 (18)	0,768	8,5	4,3	0,013	24 (19-31)

Tableau 8 suite : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
Morge	Mor	Moulin Morel (Pont Chez Tata)	A117	34	34	0	0,713	8,1	3,9	-0,023	52 (34-92)
Morge	Mor	Pont Roman	A118	21	21	0	0,774	8,2	4,4	-0,043	183 (58-∞)
Besanton	Besa	Confluence du Sioulet	A139	27	27	0	0,776	8,1	4,4	0,012	19 (15-25)
Besanton	Besa	Pont d'Eyde	A140	4	4						
Bouble	Bou	Lavoir Montjoie	A141	13	13	0	0,755	6,5	4,1	-0,043	25 (24-70)
Bouble	Bou	Puyssidou	A142	1	1						
Chalamont	Chal	Pont de Randonne	A143	15	15	0	0,768	7,8	4,4	0,008	55 (26-1109)
Chancelade	Chan	La Hyre	A144	27	27	12 (44)	0,696	6,9	3,8	-0,046	15 (12-20)
Coli	Coli	Moulin de la Buchaille	A145	29	29	2 (7)	0,751	8,3	4,2	-0,008	16 (13-20)
Coli	Coli	Moulin de l'Etang Grand	A146	1	1						
Fontsalade	FONTSAL	Caserne Rochefort	A147	15	15	0	0,679	5,4	3,6	-0,010	7 (5-11)
Miouze	MIOU	Aval gare de bourgeade	A148	30	30	0	0,642	6,0	3,4	-0,073	132 (297-∞)
Petit Sioulet	Psio	Pont d'Herment	A149	22	22	0	0,683	6,8	3,8	0,021	79 (38-1914)
Rau de Mazaye	MAZAM	Min de la Vergne	A150	5	5	0	0,684	4,0	3,6	-0,050	-
Rau de Mazaye	MAZAV	Recalibrage	A151	6	6	0	0,601	3,6	3,2	0,118	-
Ru de Bray0nt	RUBRAY	Pont de Bray0nt 1	A152	13	13	0	0,722	6,9	4,1	0,037	19 (11-39)
Ru de Rochefort	RUROCH	Aval Rochefort	A153	21	20	0	0,690	6,8	3,8	-0,024	49 (27-176)
Sau0de	SAUPO	Passerelle de Sau0de	A154	9	9	0	0,716	5,2	3,9	-0,138	13 (7-34)
Sau0de	SAUST	Stade foot	A155	8	8	0	0,686	4,9	3,8	0,036	48 (12-∞)
Sioule	SIOURIQ	Chez Rique	A156	15	15	0	0,697	5,4	3,7	0,006	57 (21-∞)
Sioule	SIOUSIOULOT	Confluence Sioulot	A157	15	15	0	0,698	5,4	3,7	-0,045	163 (30-∞)
Sioule	Siou	Montfermy PNK	A158	22	22	0	0,740	7,5	4,1	0,023	38 (24-74)
Sioule	SIOUPTBLEU	Pont Bleu	A160	15	15	0	0,703	5,9	3,8	-0,046	28 (16-73)
Sioule	SIOUBRAY	Pont de Bray0nt 2	A161	10	10	0	0,672	5,2	3,7	0,032	-
Sioule	Siou	Pont de Me0t	A162	5	5	0	0,732	4,5	4,0	-0,084	-
Sioule	SIOULMONT	Pont Monteribeyre	A163	15	15	0	0,715	6,1	3,9	-0,074	125 (27-∞)
Sioule	Sio	Pont Pontgibaud	A164	6	6	0	0,715	4,5	3,8	0,020	-
Sioule	SIOULBY	STEP Olby	A165	30	30	0	0,699	7,5	3,7	-0,066	204 (66-∞)
Sioulet	Sioulet	Pont du Soulier	A166	54	54	0	0,690	8,3	3,8	-0,071	103 (66-204)
Teissoux	Teis	Moulin de la Quarte	A167	13	13	13 (100)	0,669	5,7	3,7	-0,177	13 (8-30)
Teissoux	Teis	Pont de La Ganne	A168	6	6	3 (50)	0,724	4,5	3,9	-0,127	-
Viouze	Viouz	Amont Confluence	A169	30	30	0	0,737	7,3	4,1	0,003	33 (24-47)
Monne	Mon	Pont de Chabannes	A170	16	16	0	0,595	6,0	3,3	-0,046	14 (9-26)
Monne	Mon	Pont Saint Amant Tallende	A171	24	24	13 (54)	0,635	6,9	3,5	-0,009	4 (3-6)
Veyre	Vey	Bourasset-Les Martres	A172	19	19	4 (21)	0,762	8,4	4,3	-0,030	31 (21-51)
Veyre	Vey	Pont de Passadou	A173	13	13	2 (15)	0,683	5,9	3,9	-0,139	8 (5-13)
Veyre	Vey2012	Reméandrage	A174	15	15	2 (13)	0,698	6,9	4,0	0,042	17 (11-28)
Pisciculture	Pisci Allier	Pisci Allier	P002	50	48	8 (17)	0,770	9,1	4,3	-0,026	41 (33-54)
Pisciculture	Pisci Dordogne	Pisci Dordogne	P003	50	48	4 (8)	0,764	9,2	4,3	-0,018	41 (33-52)
Pisciculture	Pisci Dore	Pisci Dore	P004	48	46	0	0,752	9,2	4,3	-0,014	56 (42-80)
Pisciculture	Pisci Sioule	Pisci Sioule	P005	50	48	2 (4)	0,752	8,3	4,2	-0,029	56 (43-77)

Tableau 8 suite : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

III.3.2. Diversité génétique des échantillons

Le nombre moyen d'allèle par locus (A), varie de 3,6 sur le Couzon et le Ruisseau de Mazaye à 10,6 sur la Couze Ardes. La richesse allélique (Ar) varie de 2,4 pour le Couzon à 4,5 pour la Couze Ardes. L'hétérozygotie attendue varie de 0,3 sur le Couzon à 0,79 sur l'Ailloux (tableau 8).

Les diversités génétiques les moins élevées se situent sur le Couzon, le ruisseau de Mazaye, le Vertolaye, l'amont de la Couze Pavin, l'Auzon. Les échantillons du bassin de la Sioule montrent globalement moins de diversité que les échantillons des bassins de la Dore et de l'Allier.

III.3.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les Fst entre les échantillons varient de 0,0006 à 0,4175. Les principales différenciations observées sont (tableau 9) :

- Deux échantillons se différencient fortement de tous les autres échantillons avec des valeurs de Fst élevées. L'échantillon du Couzon à pont de Rossias (A069) et du Creuzier à moulin de Ligonet (A073). Ces deux secteurs sont situés en tête de bassin.
- Trois autres se différencient également chacun de tous les autres échantillons mais avec des valeurs de Fst un peu moins élevées, l'échantillon du Bave au moulin de la Rochette (A004), de la Durolle à Vernière (A090) et du Fredet au parc St Nectaire (A108). Ces trois secteurs sont également tous situés sur des ruisseaux en tête de bassin.
- Les secteurs du Favatelles au moulin Clamont (A091) et sur la Gérize à la Planche (A092) montrent aussi une différenciation globalement importante avec tous les autres échantillons. Ces deux secteurs sont également isolés sur des ruisseaux.
- Trois échantillons de l'Auzon (A029, A031 et A032) ne se différencient pas entre eux mais se différencient de tous les autres.
- Le secteur le plus aval sur la Couze Pavin (pont de Serveix, A054) montre une différenciation avec tous les autres échantillons sauf avec l'échantillon le plus amont de la Couze Pavin, celui d'issoire la Plagne (A050).
- Les deux échantillons de la Dolore (A076 et A077) et celui de la Dore Chez Ballut (A079) ne se différencient pas mais se différencient de tous les autres. Ces trois échantillons se succèdent sur l'amont du bassin de la Dore.
- Les deux échantillons sur le Vertolaye (A101 et A102) ainsi que celui sur la Carcasse (A068) montrent entre eux des valeurs de Fst faibles mais se différencient de tous les autres. Le Vertolaye et la Carcasse sont deux affluents de la Dore proches l'un de l'autre.
- Les deux secteurs sur la Monne (A170 et A171) montrent peu de différenciation entre eux et une forte différenciation avec tous les autres échantillons.

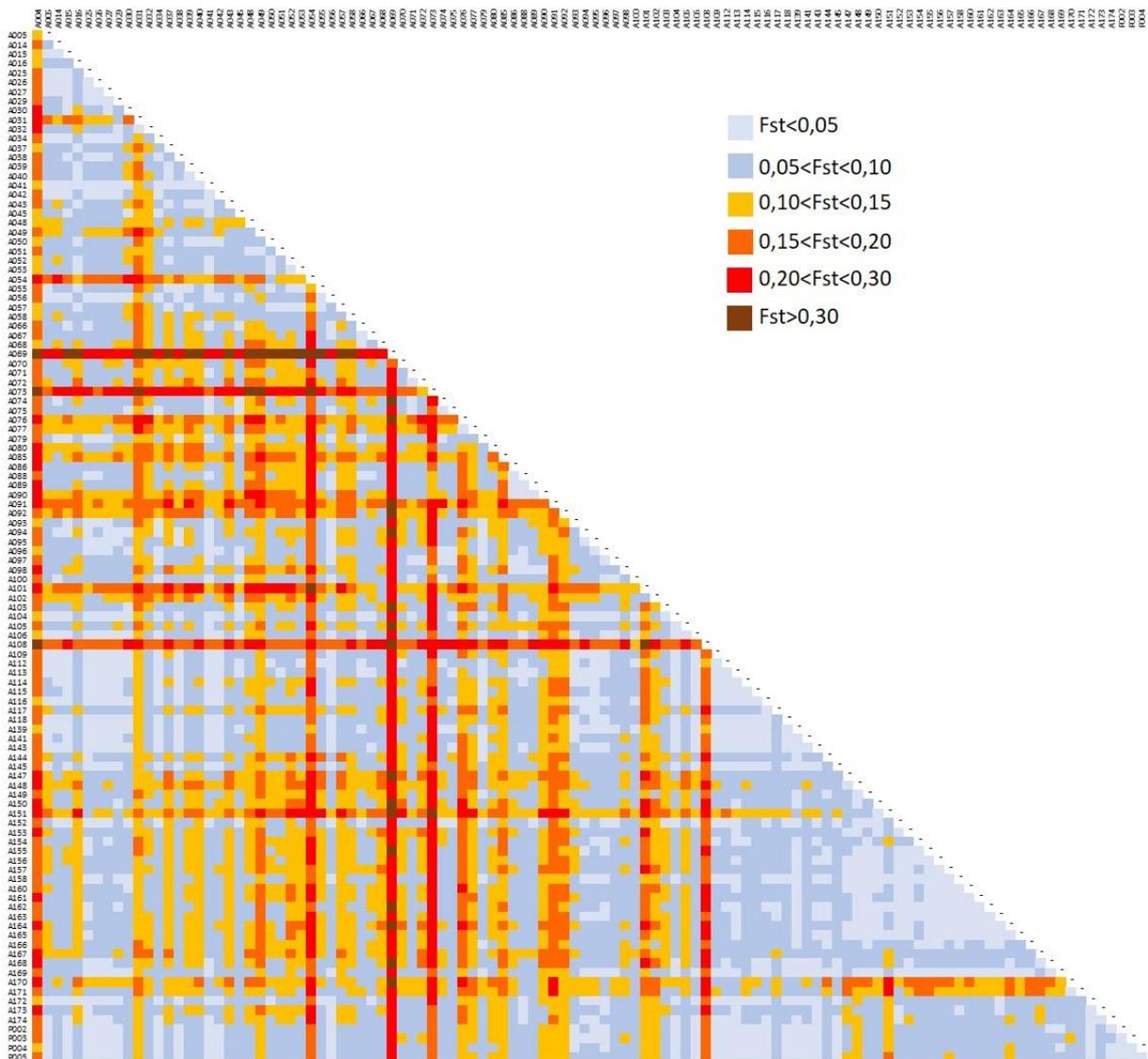


Tableau 9 : Présentation des classes d'indices de différenciation, F_{st} , par paire d'échantillon. En raison du nombre important d'échantillon à comparer, les valeurs n'ont pas été représentées. Un gradient de couleur permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.

Les deux structurations génétiques les plus probables suggérées par STRUCTURE sont 4 et 6 clusters.

Pour la structuration en 4 clusters, on distingue (figure 12, tableau 10) :

- Le cluster 1 regroupant les individus majoritairement présent sur l'amont du bassin de l'Allier (Couze Pavin, Couze Ardes, Bansat,...).
- Le cluster 2 constitué majoritairement par les individus des échantillons de la Dole.
- Le cluster 3 qui regroupe les individus du bassin de la Sioule et certains individus situés sur d'amont de ruisseaux affluents de l'Allier (Veyre) mais qui prennent leur source à proximité du bassin de la Sioule.
- Le cluster 4 regroupant les individus des stocks de pisciculture et certains individus de populations naturelles majoritairement situées sur des affluents de la partie aval de l'Allier.

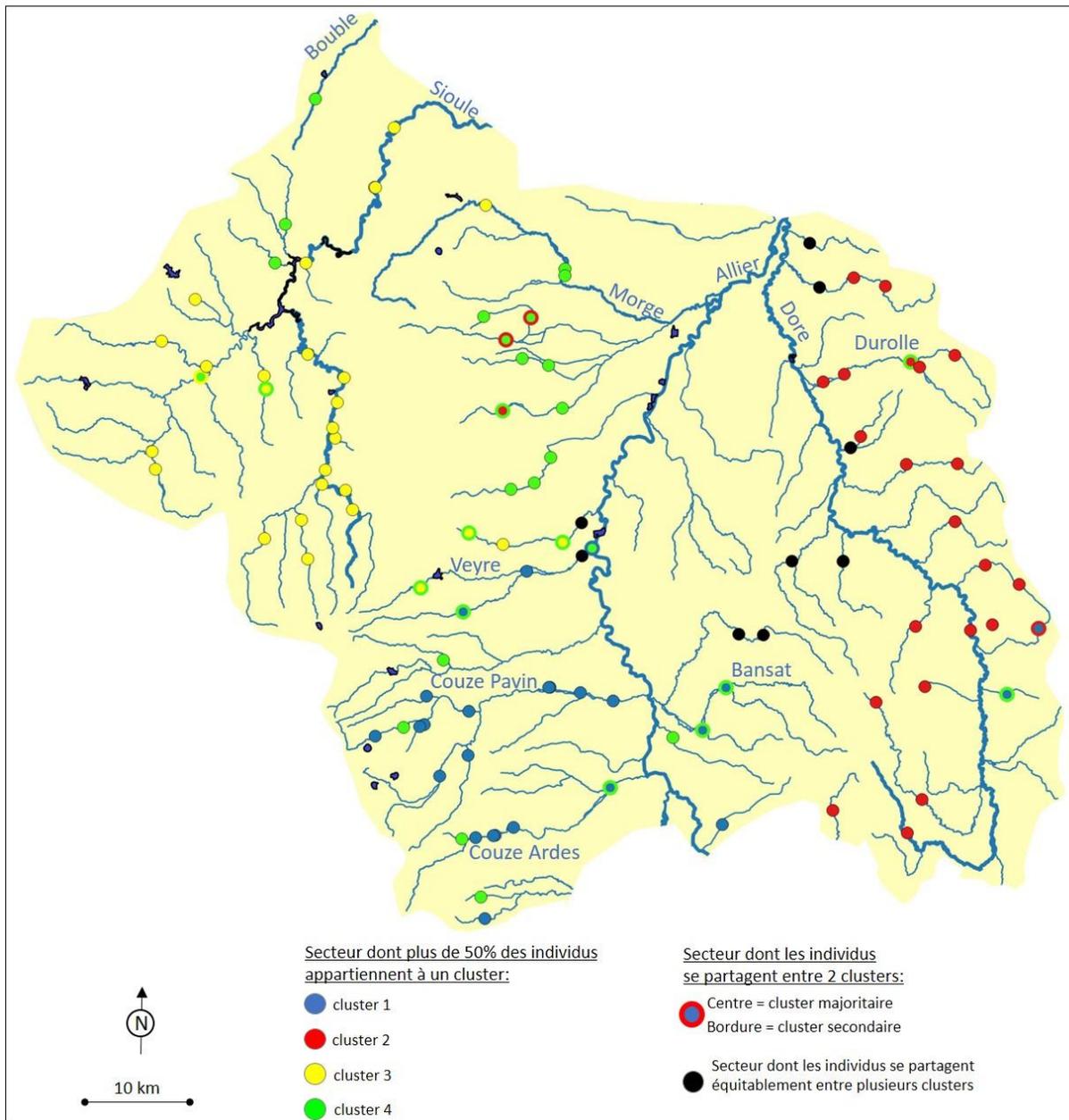


Figure 12 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 4 clusters

Echantillon	Effectif	Cluster				Echantillon	Effectif	Cluster				Echantillon	Effectif	Cluster				Echantillon	Effectif	Cluster			
		1	2	3	4			1	2	3	4			1	2	3	4			1	2	3	4
A049	15	91%	2%	4%	3%	A069	9	2%	91%	5%	2%	A164	8	2%	2%	93%	2%	P005	6	5%	3%	3%	89%
A040	36	89%	3%	3%	6%	A073	13	2%	87%	3%	8%	A151	19	2%	4%	92%	3%	P004	13	5%	5%	4%	86%
A054	7	89%	3%	7%	2%	A101	21	4%	87%	5%	5%	A148	30	3%	3%	92%	3%	P002	20	6%	5%	4%	85%
A037	5	87%	3%	4%	7%	A092	30	6%	82%	9%	4%	A157	10	4%	3%	91%	3%	P003	9	7%	5%	4%	84%
A039	18	86%	2%	4%	8%	A102	25	9%	82%	5%	5%	A156	24	4%	3%	89%	4%	A145	8	4%	5%	9%	82%
A058	18	86%	3%	8%	3%	A080	22	4%	80%	10%	5%	A162	26	4%	7%	85%	4%	A141	14	10%	6%	5%	79%
A016	18	85%	4%	3%	9%	A070	34	11%	80%	5%	4%	A160	32	5%	4%	84%	7%	A118	15	6%	6%	10%	78%
A057	20	84%	5%	3%	8%	A090	29	5%	75%	9%	11%	A165	37	3%	4%	84%	9%	A027	22	10%	5%	10%	75%
A052	18	84%	4%	3%	10%	A076	32	16%	73%	6%	6%	A150	15	4%	3%	82%	11%	A015	15	14%	7%	4%	75%
A043	5	83%	4%	4%	10%	A068	19	8%	71%	4%	18%	A153	11	5%	3%	81%	11%	A042	10	20%	8%	3%	69%
A004	15	82%	13%	3%	3%	A091	12	9%	67%	16%	8%	A149	12	4%	8%	78%	10%	A115	5	12%	11%	11%	67%
A055	22	79%	5%	3%	13%	A077	40	12%	65%	11%	13%	A163	31	6%	5%	78%	12%	A056	14	14%	17%	4%	65%
A050	30	77%	4%	7%	13%	A079	6	9%	64%	20%	7%	A166	17	5%	8%	77%	9%	A026	6	11%	10%	10%	64%
A051	17	73%	9%	11%	7%	A072	15	7%	64%	5%	24%	A161	10	3%	16%	77%	4%	A109	30	12%	15%	9%	63%
A048	15	70%	3%	12%	15%	A098	35	5%	62%	20%	13%	A147	5	5%	7%	76%	12%	A025	54	10%	13%	15%	63%
A053	20	67%	9%	5%	19%	A088	21	9%	62%	23%	7%	A155	7	12%	5%	75%	8%	A143	13	10%	5%	22%	63%
A171	42	56%	8%	6%	31%	A085	9	24%	61%	12%	3%	A144	19	4%	9%	70%	18%	A116	6	13%	5%	19%	63%
A045	12	53%	27%	12%	8%	A086	38	8%	58%	21%	14%	A158	11	5%	7%	70%	18%	A005	30	31%	5%	3%	61%
A308	9	46%	6%	8%	41%	A066	30	21%	57%	14%	8%	A167	33	7%	7%	68%	18%	A108	16	9%	18%	14%	60%
A106	30	46%	15%	8%	31%	A097	10	11%	55%	21%	13%	A031	34	11%	7%	66%	17%	A034	24	22%	10%	10%	58%
A105	20	45%	13%	11%	31%	A074	8	14%	52%	22%	12%	A169	21	9%	7%	63%	22%	A114	19	11%	13%	19%	57%
A103	9	45%	22%	16%	17%	A089	23	4%	50%	15%	32%	A117	27	12%	11%	59%	18%	A139	13	6%	6%	35%	53%
A100	15	43%	28%	8%	20%	A071	35	21%	47%	10%	21%	A154	13	8%	11%	58%	23%	A112	15	15%	30%	5%	51%
A041	25	43%	11%	7%	39%	A075	18	23%	42%	25%	10%	A152	15	10%	8%	55%	27%	A030	24	9%	19%	22%	50%
A170	17	39%	18%	5%	37%	A096	30	22%	39%	17%	23%	A094	27	12%	11%	52%	24%	A104	48	24%	21%	10%	45%
A093	23	38%	19%	9%	34%	A113	42	18%	35%	22%	25%	A168	29	7%	6%	50%	37%	A172	48	34%	10%	14%	43%
A067	14	38%	16%	14%	13%							A032	15	8%	13%	49%	30%	A174	46	15%	16%	28%	42%
												A173	30	11%	14%	41%	35%	A014	48	21%	39%	12%	36%
												A029	22	14%	7%	41%	38%						
												A095	5	17%	21%	35%	27%						

Tableau 10 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 4 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 12.

La structuration en 6 clusters permet de dégager des groupes supplémentaires qui montrent une cohérence géographique (figure 13, tableau 11) :

- Le bassin de la Dole se sous-structure en deux clusters, un regroupant les individus des échantillons de la moitié amont et un autre constitué des échantillons de la moitié aval.
- Un troisième cluster se dégage au sein du bassin de l'Allier séparant ainsi les individus de la Veyre du cluster Sioule.
- Ainsi le cluster 6 « Sioule » se distingue clairement.
- Le cluster 1 regroupant les individus des affluents rive gauche du Haut-Allier est également très distinct.
- A noter aussi, le cluster 2 « pisciculture » dans lequel sont assignés également plusieurs individus naturels d'échantillons de l'Allier et de la Sioule.

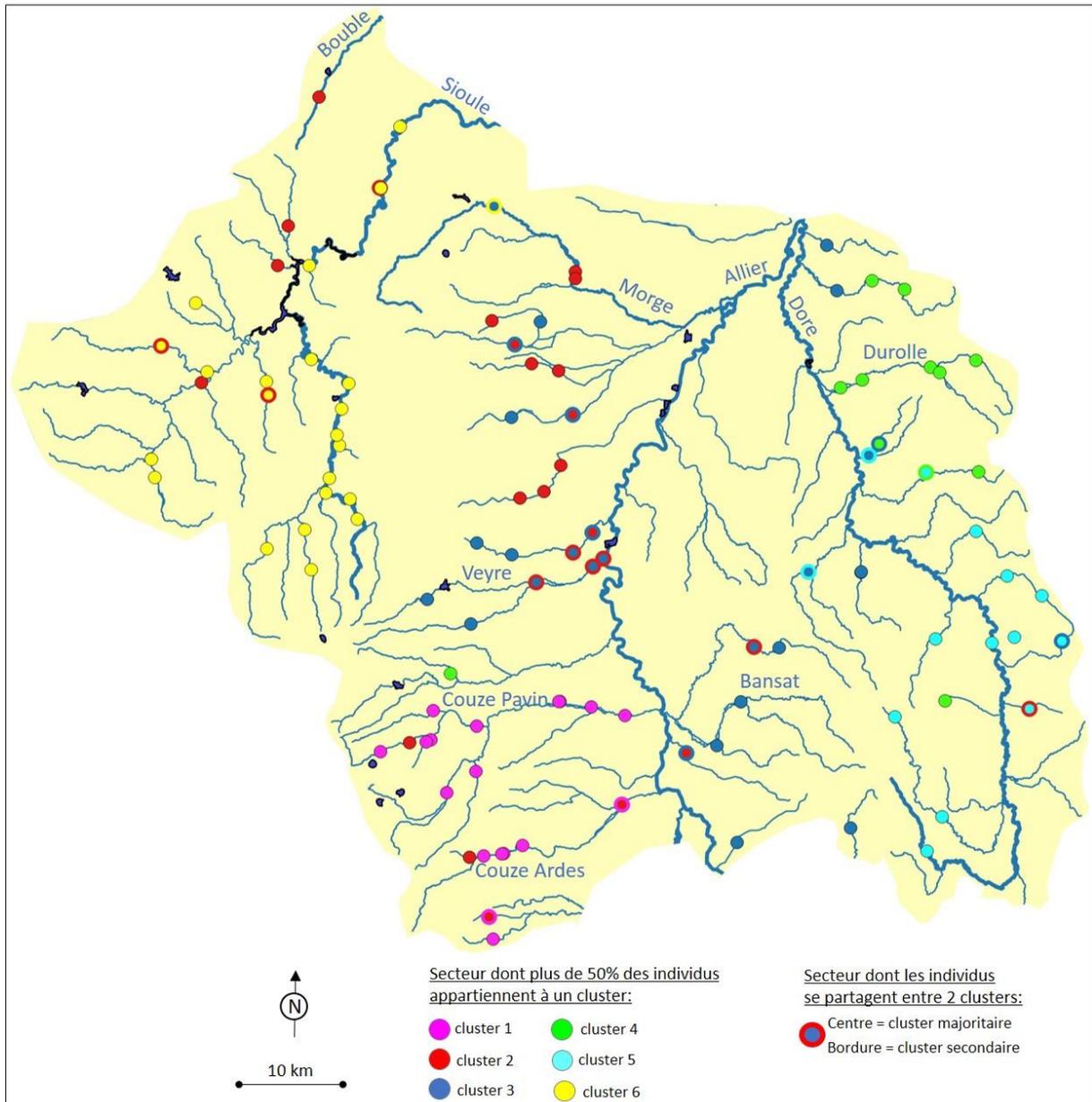


Figure 13 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 6 clusters.

Echantillon	Effectif	Cluster						Echantillon	Effectif	Cluster						Echantillon	Effectif	Cluster					
		1	2	3	4	5	6			1	2	3	4	5	6			1	2	3	4	5	6
A049	9	92%	1%	2%	1%	2%	2%	A031	15	1%	2%	87%	2%	1%	7%	A101	32	1%	2%	2%	3%	90%	2%
A054	14	88%	1%	3%	1%	1%	5%	A085	30	2%	1%	85%	3%	8%	2%	A080	38	1%	2%	2%	2%	89%	4%
A040	20	87%	4%	4%	2%	2%	2%	A032	22	2%	15%	75%	3%	2%	5%	A102	37	3%	2%	3%	3%	88%	3%
A039	15	86%	4%	6%	1%	2%	2%	A170	16	5%	11%	74%	4%	5%	1%	A076	35	4%	2%	4%	3%	86%	2%
A058	30	85%	2%	4%	2%	2%	5%	A014	7	3%	14%	68%	6%	7%	3%	A092	30	2%	2%	9%	5%	78%	5%
A037	17	83%	5%	7%	1%	2%	2%	A173	13	2%	10%	68%	5%	6%	10%	A077	21	3%	9%	6%	2%	73%	7%
A057	21	83%	6%	4%	2%	3%	2%	A100	26	6%	11%	65%	9%	6%	3%	A068	34	3%	14%	6%	5%	69%	2%
A043	9	81%	8%	5%	2%	3%	2%	A105	12	9%	16%	64%	1%	6%	3%	L155	25	6%	4%	16%	7%	65%	2%
A052	17	81%	8%	4%	2%	4%	2%	A103	15	9%	10%	61%	4%	9%	6%	A079	9	5%	4%	7%	2%	64%	18%
A016	18	80%	8%	5%	1%	4%	2%	A094	8	4%	12%	60%	2%	7%	14%	A066	25	10%	5%	11%	7%	56%	10%
A055	9	76%	10%	4%	5%	3%	1%	A171	24	7%	27%	59%	3%	2%	2%	A070	32	7%	3%	14%	32%	41%	3%
A048	20	72%	14%	3%	2%	2%	8%	A071	19	7%	8%	54%	18%	11%	3%	A067	22	18%	10%	24%	7%	35%	7%
A004	15	71%	2%	5%	3%	8%	2%	A045	30	20%	4%	53%	3%	15%	5%	A093	42	14%	30%	17%	3%	33%	4%
A051	25	71%	5%	6%	3%	8%	8%	A113	7	6%	16%	50%	9%	10%	10%	A164	6	1%	1%	2%	2%	1%	93%
A050	15	70%	11%	10%	2%	4%	5%	A106	31	14%	22%	48%	2%	9%	4%	A148	30	2%	2%	2%	2%	1%	92%
A053	23	58%	15%	13%	3%	8%	3%	A095	19	8%	13%	47%	4%	12%	16%	A151	6	1%	2%	2%	5%	1%	91%
A308	24	36%	35%	18%	4%	3%	4%	A074	6	5%	5%	47%	6%	26%	12%	A157	15	2%	2%	3%	1%	2%	90%
P005	48	3%	89%	2%	2%	2%	2%	A117	34	5%	10%	45%	5%	3%	31%	A156	14	2%	3%	2%	2%	1%	90%
P004	46	2%	85%	4%	3%	3%	3%	A075	15	10%	3%	45%	11%	21%	10%	A162	5	2%	3%	3%	4%	2%	86%
P003	48	4%	83%	4%	2%	5%	2%	A096	30	7%	12%	43%	7%	24%	7%	A165	30	2%	8%	4%	2%	2%	83%
P002	48	3%	82%	6%	5%	2%	2%	A104	11	8%	34%	39%	3%	11%	4%	A160	15	3%	6%	4%	2%	2%	82%
A145	29	2%	80%	8%	2%	2%	6%	A172	19	15%	30%	39%	5%	4%	6%	A153	20	3%	10%	2%	2%	2%	81%
A118	21	4%	78%	7%	3%	2%	6%	A174	15	4%	31%	39%	6%	7%	14%	A149	22	2%	10%	2%	2%	5%	79%
A141	13	3%	77%	13%	2%	4%	2%	A029	18	6%	13%	36%	5%	4%	17%	A155	8	9%	6%	3%	2%	4%	77%
A015	5	7%	71%	4%	2%	15%	2%	A069	29	1%	1%	1%	95%	1%	2%	A166	54	3%	8%	4%	3%	7%	76%
A027	20	5%	70%	15%	2%	4%	4%	A073	40	1%	4%	2%	91%	2%	1%	A150	5	2%	7%	15%	2%	2%	74%
A115	11	7%	66%	5%	4%	9%	9%	A090	35	3%	7%	5%	76%	4%	6%	A161	10	2%	2%	5%	8%	9%	73%
A042	12	15%	64%	10%	6%	3%	2%	A108	17	7%	11%	9%	66%	3%	4%	A163	14	3%	8%	12%	3%	2%	72%
A143	15	7%	61%	10%	2%	3%	18%	A098	24	3%	11%	8%	63%	4%	12%	A147	15	3%	10%	8%	2%	5%	72%
A005	36	30%	60%	2%	3%	4%	2%	A072	12	2%	13%	22%	58%	2%	2%	A158	22	3%	14%	11%	3%	3%	67%
A056	13	8%	59%	12%	11%	8%	2%	A086	10	5%	12%	10%	52%	9%	13%	A144	27	2%	15%	6%	2%	9%	66%
A026	18	7%	57%	16%	4%	5%	11%	A089	23	3%	30%	5%	50%	4%	9%	A167	13	4%	17%	7%	2%	7%	64%
A109	10	6%	56%	22%	5%	6%	4%	A088	8	6%	3%	18%	47%	7%	19%	A169	30	5%	19%	9%	2%	6%	59%
A116	33	6%	55%	28%	3%	2%	7%	A091	18	6%	4%	16%	45%	22%	8%	A154	9	5%	22%	5%	4%	6%	58%
A025	18	4%	54%	24%	5%	6%	7%	A097	10	5%	9%	27%	28%	14%	18%	A152	13	6%	23%	11%	5%	3%	52%
A139	27	3%	52%	3%	2%	5%	34%									A168	6	4%	36%	5%	4%	3%	48%
A114	19	4%	49%	27%	6%	4%	10%																
A034	30	7%	47%	31%	3%	5%	6%																
A112	5	7%	47%	19%	9%	16%	2%																
A030	5	4%	39%	33%	10%	4%	10%																
A041	42	32%	34%	19%	4%	8%	3%																

Tableau 11 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 4 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 13.

L'arbre neighbor-joining obtenu à partir des distances génétiques permet de mettre en évidence quelques groupements génétiques (figure 14) :

- Plusieurs échantillons géographiquement très proches l'un de l'autre se regroupent naturellement avec des valeurs de robustesse élevées.
- Plusieurs échantillons de la Dore (sur Roche et Cros, Credogne et Durolle) se regroupent entre eux et forment un groupe distinct qui est géographiquement cohérent.
- La majorité des échantillons du bassin de la Sioule se regroupent entre eux et forme un groupe distinct.
- Un groupe cohérent et distinct se forme avec tous les échantillons de la Couze Pavin.
- Un autre groupe soutenu avec une robustesse de 98% est formé avec les échantillons de la Couze Ardes.

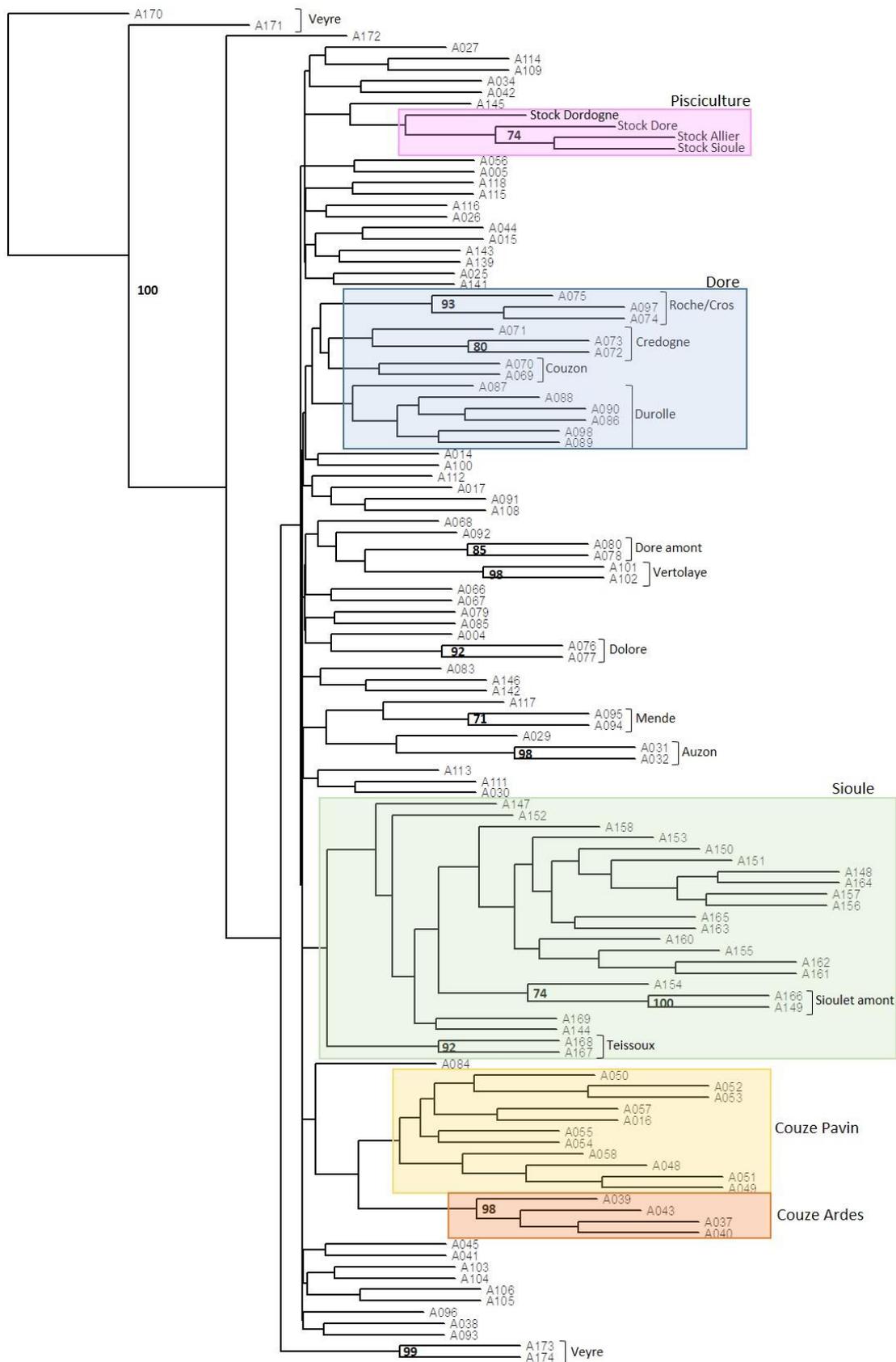


Figure 14 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.

III.4. Le bassin du Cher

III.4.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

L'analyse a été réalisée sur un total de 97 individus regroupant les 3 échantillons du Puy-de-Dôme et les 2 échantillons du département de l'Allier (figure 15).

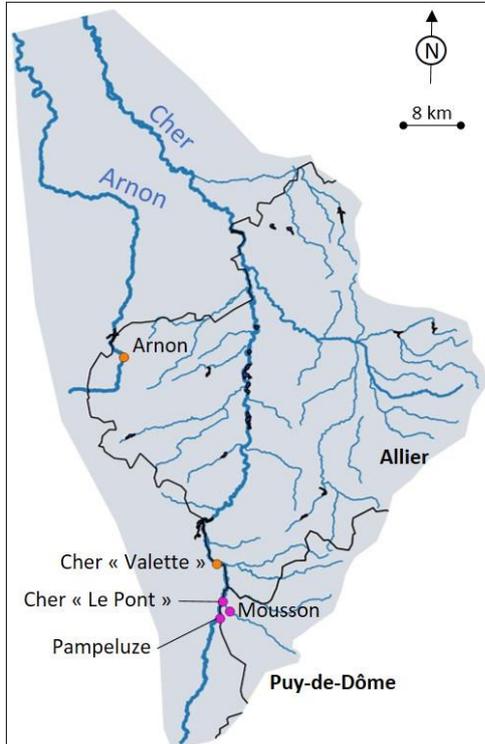


Figure 15 : Localisation des 5 secteurs échantillonnés sur le bassin du Cher.

Pour l'ensemble des loci, aucune déviation significative à l'équilibre HW n'a été observée dans les 5 populations.

Sur les 70 tests de combinaison échantillon-locus, seulement 3 montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW.

Sur les 455 tests de déséquilibre de liaison réalisés, seulement 26 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est très légèrement supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (22 rejets attendus). Le seuil de significativité peut être considéré comme faible ($p > 0,03$) pour 16 tests. Pour l'ensemble des populations, 1 seule combinaison de loci sur 91 montrent un déséquilibre de liaison significatif. Il s'agit des loci SsaD71-Str543INRA. Ces résultats indiquent qu'il n'y a pas de liaison physique entre les loci.

Aucun déficit significatif de génotype hétérozygote n'est observé (tableau 12)

L'analyse réalisée avec le logiciel COLONY n'a identifié que 2 individus faisant partie d'une fratrie dans l'échantillon du Mousson (tableau 12).

Departement	Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	Ar	F _{is}	Ne (IC95%)
63	Cher	Cher	Le Pont	C002	31	31	0	0,584	7,07	2,95	0,023	45 (29-86)
63	Mousson	Mou	Fours à Chauz	C004	19	19	2 (10)	0,556	5,43	2,76	-0,093	24 (14-50)
63	Pampeluze	Pam	Moulin Champauvergne	C005	27	27	0	0,524	6,14	2,66	-0,006	29 (18-61)
03	Arnon	CHEArn1	Moulin des Ores	C001	15	15	0	0,72	4,00	3,46	0,076	110 (30-∞)
03	Cher	CHEche1	Valette	C003	6	5	0	0,677	5,93	3,26	0,005	-

Tableau 12 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

III.4.2. Diversité génétique des échantillons

Le nombre moyen d'allèle par locus (A), varie de 4 sur l'Arnon à 7,07 sur le Cher dans le Puy-de-Dôme (secteur Le Pont). La richesse allélique (Ar) varie de 2,66 pour le pampeluze à 3,46 pour l'Arnon. L'hétérozygotie attendue varie de 0,524 à 0,72 (tableau 12).

III.4.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les Fst entre les échantillons varient de 0,005 à 0,1706 (tableau 13).

Les valeurs de Fst les plus élevées sont observées entre l'échantillon de l'Arnon et les 4 autres échantillons et entre le Cher à Valette (03) et les 4 autres échantillons.

Les 3 échantillons du département du Puy-de-Dôme se différencient moins entre eux bien qu'une valeur de Fst significative soit observée entre Pampeluze et Mousson.

	Cher Le Pont (63)	Mousson (63)	Pampeluze (63)	Arnon (03)
Mousson (63)	-0.0050	-		
Pampeluze (63)	0.0149	0.0203	-	
Arnon (03)	0.1466	0.1565	0.1782	-
Cher Valette (03)	0.1291	0.1470	0.1706	0.1284

Tableau 13 : 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.

La structuration génétique la plus probable proposée par STRUCTURE est composée de 3 clusters (figure 16, tableau 14). Le premier cluster est formé par la majorité des individus des 3 échantillons du Puy-de-Dôme. Puis les deux échantillons du département de l'Allier, sur l'Arnon et le Cher, forme chacun un cluster.

Il est intéressant de noter que les deux échantillons du cours principal du Cher sont bien différenciés et ne montrent pas de génotypes en commun.

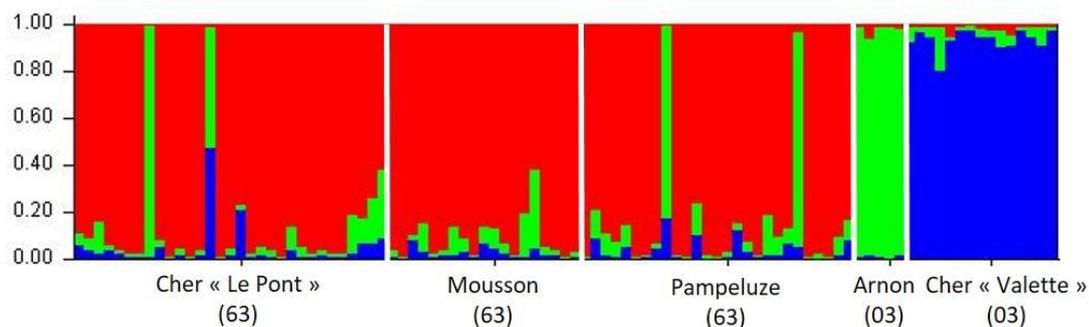


Figure 16 : Présentation des 3 groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE. Au sein de chaque échantillon, chaque individu est représenté par une barre verticale colorée. Chaque couleur représente un cluster différent. Les barres verticales colorées représentent les probabilités de chaque individu d'être membre des clusters.

Echantillon	Effectif	Clusters		
		1	2	3
Cher Le Pont (63)	31	86%	10%	5%
Mousson (63)	19	91%	6%	3%
Pampeluze (63)	27	86%	11%	4%
Arnon (03)	5	2%	97%	1%
Cher Valette (03)	15	2%	5%	94%

Tableau 14 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 4 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 16.

L'arbre neighbor-joining obtenu à partir des distances génétiques montre deux groupes génétiques, un formé par les échantillons de l'Allier et un autre par les échantillons du Puy-de-Dôme (figure 17) :

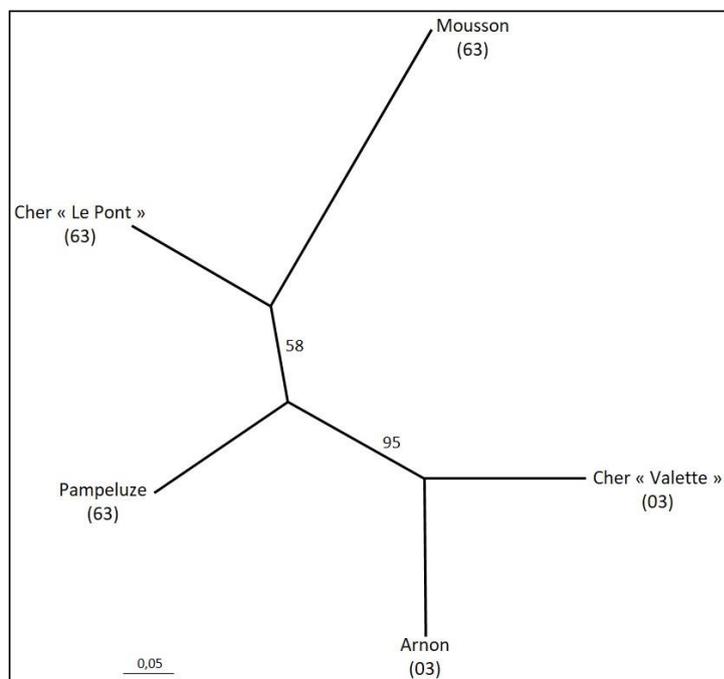


Figure 17 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés.

IV. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE LA HAUTE-LOIRE

3000 individus ont été échantillonnés sur 110 secteurs dont 48 secteurs sur le bassin versant de l'Allier et 62 sur le bassin versant de la Loire (figure 18). 2952 individus génotypés avec succès sur au moins 6 marqueurs ont été conservés pour l'analyse. Aucun secteur n'a été écarté.

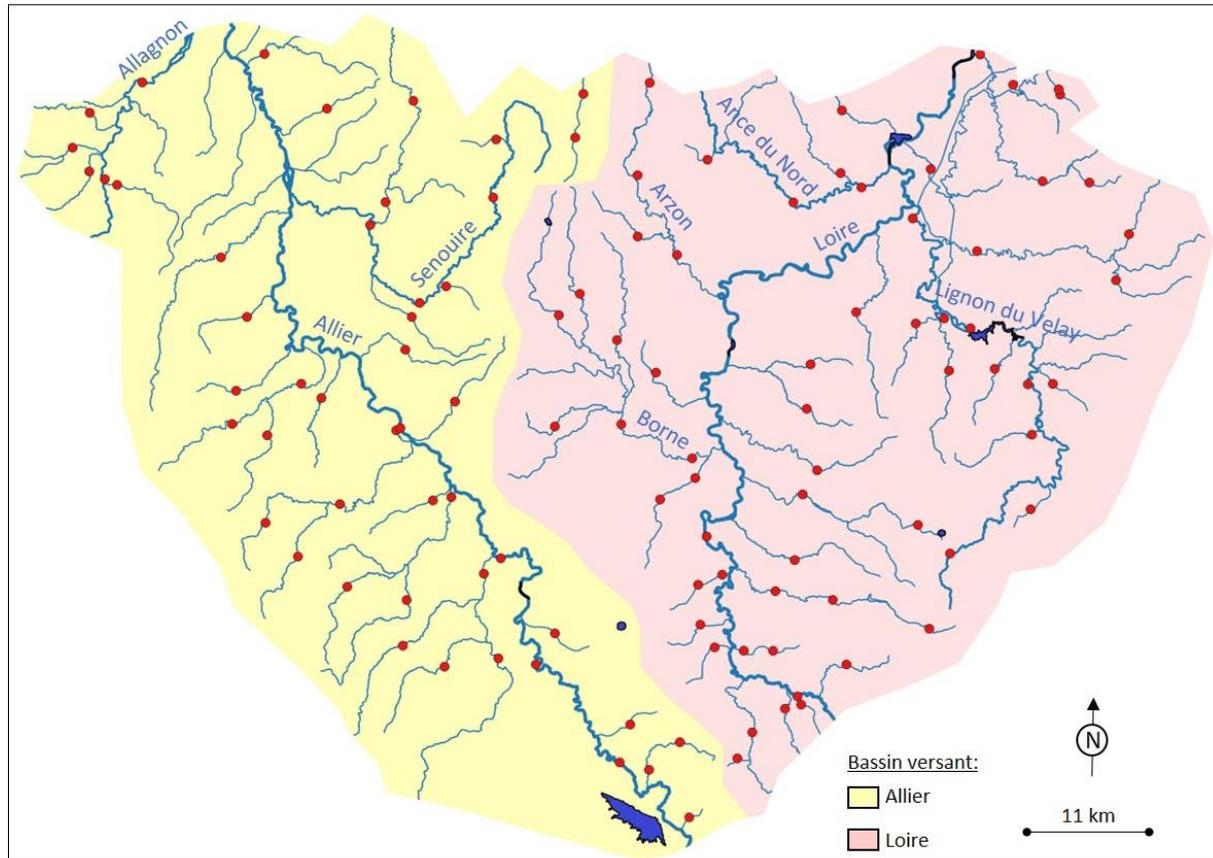


Figure 18 : Localisation des 110 secteurs échantillonnés sur le département de Haute-Loire.

IV.1. Le bassin de l'Allier

IV.1.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

Sur le bassin de l'Allier, l'analyse porte sur 1238 individus répartis sur 48 secteurs (figure 19, tableau 15).

Pour l'ensemble des loci, des déviations significatives à l'équilibre HW ont été observées dans 3 populations sur : l'Arquejols à la Pinède (A024), l'Avesnes au Bénéfice (A033) et le Céroux à moulin poudrière (A046).

Sur les 672 combinaisons échantillon-locus, 53 tests montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW. Ce résultat est légèrement supérieur à celui attendu (erreur de type 1) au risque de 5% (33 rejets attendus).

Sur les 4368 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 395 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est légèrement supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (218 rejets attendus). Cependant, 115 d'entre eux sont peu significatifs ($p > 0,03$) et pas plus de 11

échantillons sur les 48 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, 18 combinaisons de loci sur 91 tests montrent un déséquilibre de liaison significatif. Ces résultats ne permettent pas de mettre en évidence l'existence de liaison physique entre les loci.

Aucun déficit significatif de génotype hétérozygote n'est observé sur les 48 échantillons (Fis non significatives, tableau 15).

L'analyse réalisée avec le logiciel COLONY montre que de nombreux poissons font partie d'une fratrie dans plusieurs échantillons (tableau 15). Ceci peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible.

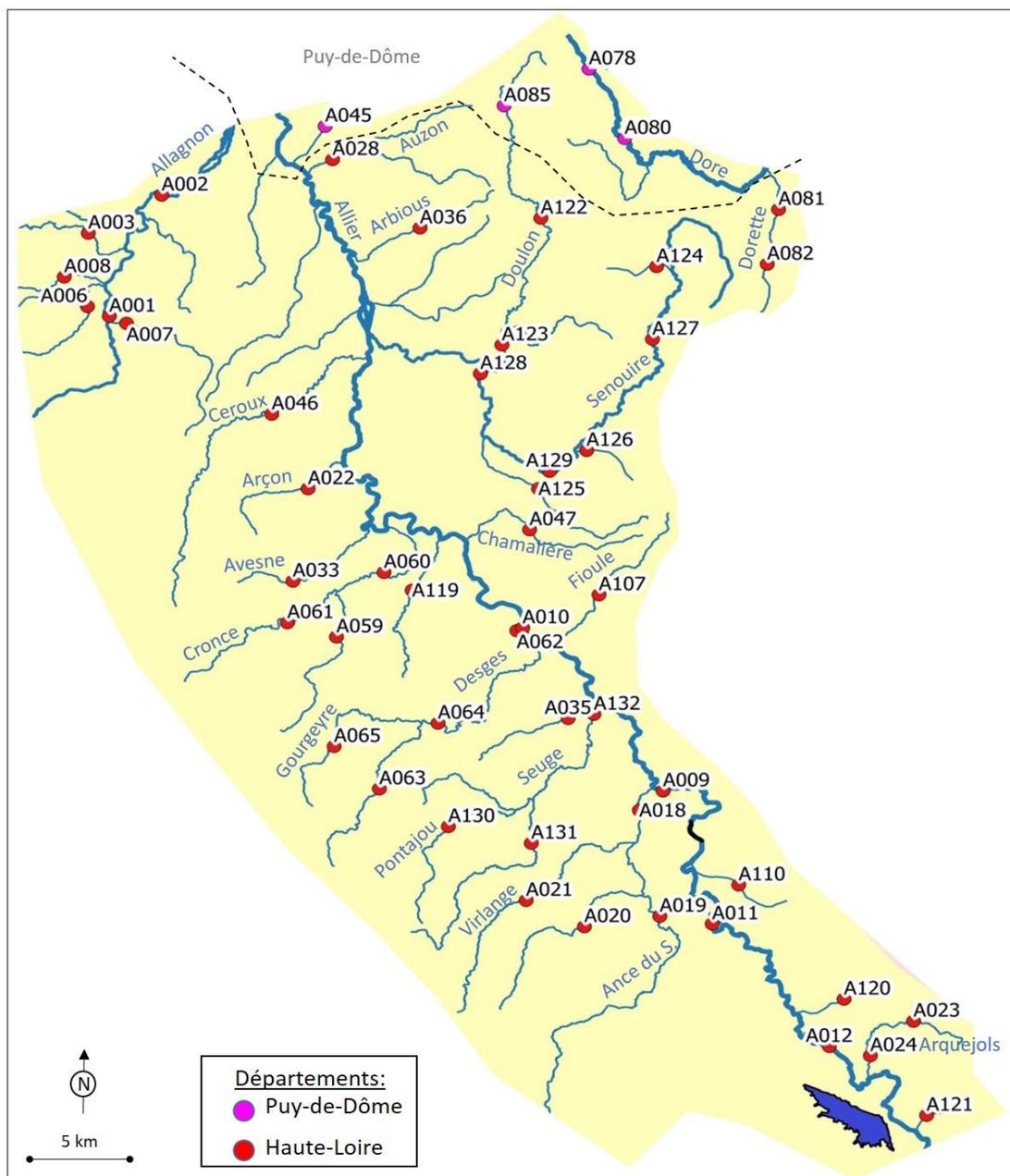


Figure 19 : Localisation et code station des 48 secteurs échantillonnés sur le bassin de l'Allier dans le département de la Haute-Loire.

Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	Ar	F _{is}	Ne (IC95%)
Allagnon	ALA1	Grenier Montgnon	A001	29	29	0	0,747	8,3	3,6	-0,0639	505 (155-∞)
Allagnon	ALA2	Pont Rouge	A002	23	23	0	0,767	8,6	3,7	-0,0336	44 (39-472)
Bave	BAV1	Bousselargues	A003	20	20	4 (20)	0,669	6,4	3,1	0,07736	38 (22-107)
Sianne	SIA1	Terret	A006	30	30	0	0,740	7,9	3,5	-0,0555	62 (40-124)
Violette	VIO1	Grenier-Montgnon	A007	26	23	6 (26)	0,709	5,8	3,3	-0,121	24 (13-68)
Voireuze	VOI1	Moulin du Buchet	A008	30	30	8 (27)	0,727	6,9	3,4	-0,0271	20 (16-26)
Allier	ALL3	Bge Poutès à aval Monistrol	A009	20	20	0	0,714	8,1	3,5	0,05024	420 (86-∞)
Allier	ALL4	Chanteuges ALL4	A010	18	17	0	0,736	7,5	3,6	0,01727	55 (29-278)
Allier	ALL2	Chapeauroux à Alleyras	A011	17	17	0	0,692	6,9	3,4	-0,0044	130 (118-∞)
Allier	ALL1	Naussac 2 à Chapeauroux	A012	10	10	0	0,733	5,9	3,5	-0,0105	-
Ance du Sud	ANS2	Pont de Pouzas	A018	30	28	4 (14)	0,501	4,2	2,5	-0,4413	19 (10-49)
Ance du Sud	ANS1	Verreyrolles	A019	30	29	0	0,543	6,6	2,7	-0,021	72 (35-798)
Panis	PAN1	Babonnés	A020	30	30	7 (12)	0,522	3,7	2,4	-0,2032	25 (15-55)
Virlogeux	VIR1	La Brugère	A021	29	28	0	0,639	6,6	3,1	-0,12	73 (34-2052)
Arçon	ARC1	Le Pradal	A022	25	24	0	0,626	5,9	3,0	-0,0532	24 (16-42)
Arquejols	ARQ1	La Mouteyre	A023	30	30	12 (40)	0,606	5,7	2,9	-0,0118	16 (12-21)
Arquejols	ARQ2	La Pinède	A024	25	25	0	0,700	7,2	3,4	0,01235	87 (44-684)
Auzon	AUO1	Auzon	A028	30	30	0	0,715	8,5	3,4	0,01915	56 (36-110)
Avesne	AVE1	Le Bénéfice	A033	25	25	23 (92)	0,588	4,6	2,7	-0,1037	4 (3-6)
Besque	BQ1	Moulin de Martin	A035	23	23	19 (83)	0,430	3,6	2,2	-0,0653	3 (2-6)
Bois d'Arbious	BOI1	Agnat	A036	30	30	6 (20)	0,566	5,0	2,7	-0,0182	16 (12-23)
Céroux	CER1	Moulin Poudrière	A046	30	30	9 (30)	0,621	5,6	2,9	-0,0125	12 (10-16)
Chamalières	CHA1	La Morge	A047	23	23	7 (30)	0,664	5,8	3,1	0,00965	19 (13-29)
Chalons	CHL1	Les Granges	A059	20	20	9 (45)	0,404	2,9	2,0	-0,0432	33 (12-∞)
Cronce	CRO2	Arlet	A060	30	30	2 (7)	0,628	6,1	3,0	-0,0332	43 (28-77)
Cronce	CRO1	Château de la Valette	A061	30	29	0	0,618	5,6	2,9	0,03832	67 (36-242)
Desges	DES3	Chanteuges DES3	A062	30	30	0	0,676	7,3	3,2	-0,056	588 (84-∞)
Desges	DES1	La Besseyres-Sainte-Marie	A063	30	30	2 (7)	0,598	4,5	2,8	-0,0636	22 (15-36)
Desges	DES2	Moulin de Gaud	A064	30	30	2 (7)	0,595	5,7	2,8	-0,0142	239 (61-∞)
Gourgueyre	GOU1	Le Pavillon	A065	30	30	18 (60)	0,275	2,4	1,7	0,01031	60 (17-∞)
Dorette	DOR2	Bois de Piers	A081	19	19	0	0,647	5,7	3,0	-0,0295	263 (50-∞)
Dorette	DOR1	La Nautelle	A082	11	11	0	0,623	4,3	2,9	-0,0574	-
Fioule	FIO1	Pont de la Croze	A107	30	30	0	0,728	8,3	3,5	0,0429	27 (14-22)
Malaval	MAL1	Château d'Aggrain	A110	30	30	4 (14)	0,646	6,2	3,0	-0,0621	95 (45-1380)
Ramade / Peyrusse	PEY1	Croncette	A119	19	19	3 (16)	0,513	3,6	2,4	-0,1	13 (7-28)
Ribains	RIB1	Pont RD40	A120	30	30	8 (27)	0,612	6,5	2,9	0,04198	27 (19-41)
Ribeyre	RIE1	Moulin de Milliers	A121	19	17	0	0,678	4,8	3,1	-0,2662	15 (6-179)
Doulon	DOU1	Laval-sur-Doulon	A122	30	29	0	0,616	5,4	2,9	-0,007	686 (82-∞)
Doulon	DOU2	Vals-le-Chastel	A123	29	28	0	0,662	7,0	3,2	-0,0176	124 (51-∞)
Lamandie	LAM1	RD.201	A124	30	30	2 (7)	0,558	4,0	2,6	-0,079	226 (47-∞)
Lidenne	LID1	Azinières	A125	27	27	6 (22)	0,660	6,6	3,1	-0,1286	12 (9-17)
Ribeyrette	RIE1	Ostet	A126	27	27	2 (7)	0,611	5,7	2,9	0,03304	23 (16-36)
Senouire	SEN1	Clersanges	A127	30	30	(7)2	0,623	6,5	3,0	-0,0409	98 (42-∞)
Senouire	SEN3	Domeyrat	A128	23	23	0	0,675	7,3	3,3	-0,0347	167 (48-∞)
Senouire	SEN2	La Gravière	A129	30	30	0	0,679	7,4	3,3	-0,1018	7864 (115-∞)
Pontajou	PON1	Pont de la giberges	A130	30	30	2 (7)	0,567	5,1	2,7	0,02546	46 (27-117)
Seuge	SEU1	Longeval	A131	30	30	4 (14)	0,635	6,1	3,1	-0,07	27 (20-40)
Seuge	SEU2	Prades	A132	25	25	0	0,702	7,4	3,4	-0,1476	50 (28-153)

Tableau 15 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

IV.1.2. Diversité génétique des échantillons

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

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

des affluents et sur l'Allier. Les 6 échantillons de l'Allagnon présentent des diversités parmi les plus élevées.

Les estimations de Ne suggèrent l'existence de plusieurs « très petites » populations issues d'un nombre restreint de géniteurs : Arquejols, Besque, Avesne, Ramade, Lidenne, Céroux.

IV.1.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les Fst entre les échantillons varient de 0,009 à 0,5171. Les principales différenciations observées sont (tableau 16) :

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

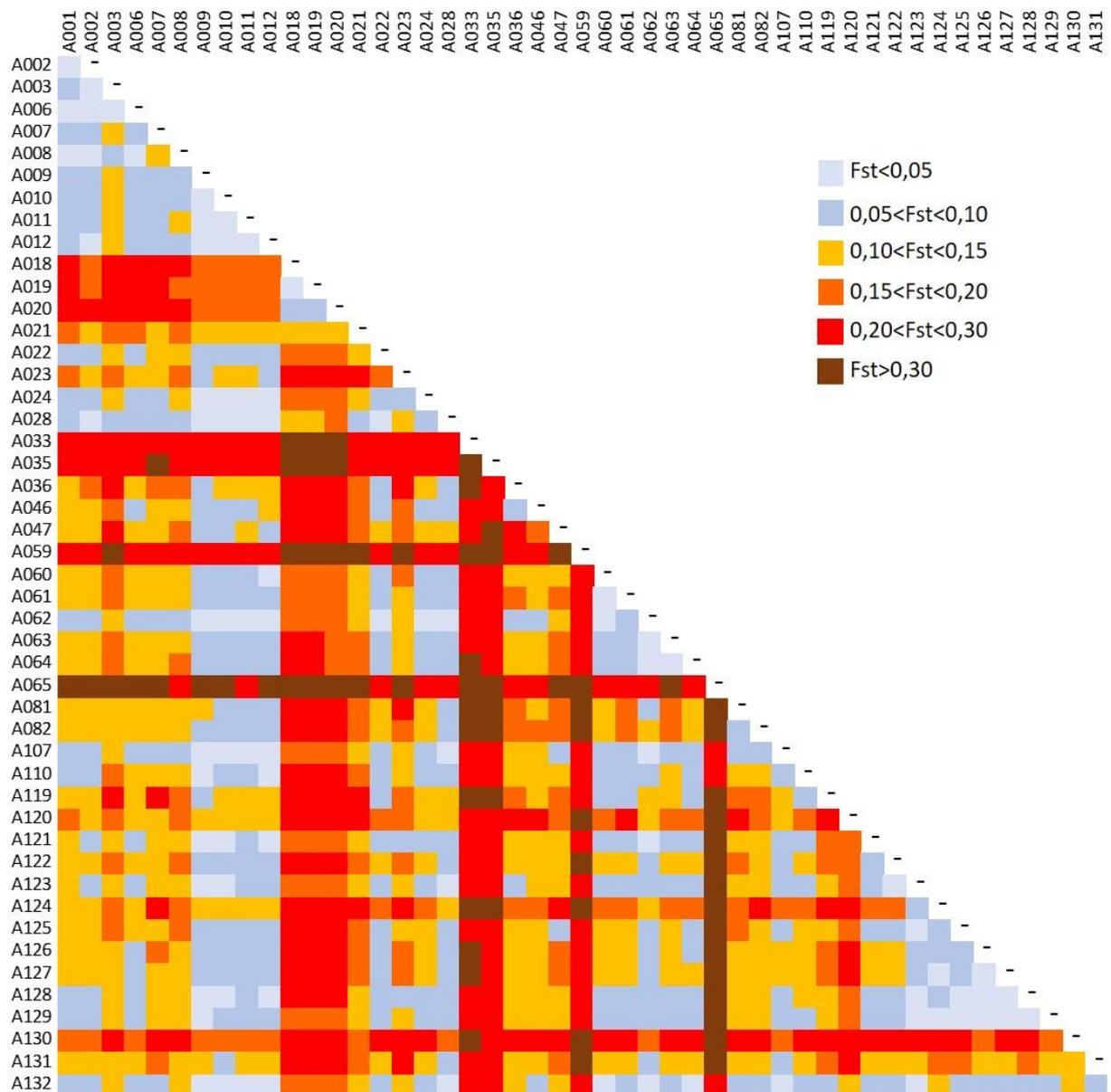


Tableau 16 : Présentation des classes d'indices de différenciation, F_{st} , par paire d'échantillons. En raison du nombre important d'échantillon à comparer, les valeurs n'ont pas été représentées. Un gradient de couleur permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.

Le nombre le plus probable de cluster génétique proposé par STRUCTURE est 17 (figure 20, tableau 17) :

- Le cluster 1 regroupe les individus de l'Ance du Sud et de son affluent le Panis. A noter également que 27% des individus de l'autre affluent, la Virlange, sont également affiliés à ce cluster.
- La majorité des individus de 3 échantillons du Desges se regroupe dans le cluster 2.
- Les échantillons de l'Allagnon forment à eux seuls le cluster 3.
- Chacun des 5 échantillons suivants forme un cluster: Chamalières (A047, cluster 4), Ribains (A120, cluster 12), Avesne (A033, cluster 13), Besque (A035, cluster 14) et Cérour (A046, cluster 15),.

- 90% des individus du Gourgueyre et 87% de ceux du Chalons se regroupent au sein du cluster 5.
- Le cluster 6 regroupe principalement 4 échantillons du bassin de la Senouire, le Limandie (A124), la Senouire à Clersanges (A127), la Ribeyrette (A126) et la Senouire à la Gravière (A129), avec des taux d'assignation des individus allant de 91% à 54%. A noter que 23% des individus de la Lidenne (A125) et 27% de la Senouire à Domeyrat (A128) sont assignés à ce cluster.
- Les individus du Pontajou (A130) et de la Seuje à Longeval (A131) se regroupent dans le cluster 7 avec des taux d'assignation respectivement de 91 et 82%. A noter que 21% des échantillons de la Seuje à Prades sont également associés à ce cluster.
- Le cluster 8 regroupe en majorité des individus échantillonnés sur les 4 secteurs du cours principal de l'Allier (A009 à A012) et sur la partie aval de certains affluents comme le Malaval (A110), l'Arquejols à la Pinède (A024) et la Fioule (A107). A noter également que 23% des individus de l'échantillon aval de la Seuje à Prades (A132) sont assignés à ce cluster.
- L'échantillon de l'Arquejols amont à la Mouteyre (A023) forme le cluster 9 avec 85% des individus assignés. 32% des individus de la Ribeyre (A121) qui est situé à proximité de l'Arquejols sont également assignés à ce cluster. Plus surprenant, 27% des individus de l'échantillon de la Lidenne situé sur le bassin de la Senouire (A125) sont assignés à ce cluster.
- Le cluster 10 regroupe des individus des échantillons de la Cronce (A060 et A061), de la Ramade (A119) et de l'Arçon (A022).
- Le cluster 11 regroupe les échantillons de la Doulon avec 85% des individus échantillonnés à Laval/Doulon (A122), 53% des individus du Vals le Chastel (A123) avec l'échantillon du bois d'Arbious (A036), 42% des individus assignés. A noter également, que 33% des individus de l'échantillon le plus aval de la Senouire à Domeyrat s'associent à ce cluster.
- Les deux échantillons situés sur la Dorette (A081 et A082) forment un cluster bien identifié avec 90 et 84% des individus assignés.
- Le cluster 17 regroupe 52% des individus de la Virrange.



Figure 20 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 17 clusters.

Echantillon	Effectif	Clusters																
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
A020	30	92%	1%	0%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	0%	0%
A018	28	87%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A019	29	76%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	2%	2%	1%	2%	1%	1%	2%	2%	4%
A063	30	1%	86%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	1%	0%	1%	1%	1%	1%
A064	30	1%	69%	1%	1%	3%	2%	1%	6%	2%	4%	2%	1%	0%	1%	4%	2%	1%
A062	30	2%	43%	5%	1%	3%	2%	6%	9%	1%	5%	6%	3%	1%	2%	4%	2%	4%
A008	30	2%	1%	83%	1%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	2%
A003	20	2%	1%	77%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	2%	1%	2%	1%	2%	1%	3%	3%
A001	29	1%	2%	73%	1%	2%	2%	1%	1%	1%	2%	2%	2%	1%	1%	2%	2%	6%
A002	23	1%	2%	70%	3%	1%	2%	1%	1%	1%	3%	2%	2%	1%	1%	1%	2%	7%
A006	30	1%	3%	69%	1%	1%	3%	1%	2%	3%	2%	4%	3%	1%	1%	2%	1%	2%
A007	23	1%	3%	54%	3%	2%	2%	1%	3%	3%	2%	8%	3%	1%	1%	2%	3%	10%
A047	23	0%	1%	1%	78%	1%	1%	1%	5%	1%	1%	1%	2%	1%	1%	2%	1%	4%
A065	30	1%	1%	0%	1%	90%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	0%	1%	1%	1%
A059	20	1%	1%	1%	0%	87%	3%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	0%
A124	30	1%	1%	0%	0%	1%	91%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	0%	1%	1%	1%	1%
A127	30	1%	4%	1%	2%	1%	70%	1%	1%	1%	3%	2%	1%	1%	1%	1%	4%	4%
A126	27	1%	3%	2%	1%	2%	68%	5%	1%	2%	2%	6%	1%	0%	2%	2%	2%	1%
A129	30	2%	3%	2%	2%	2%	54%	7%	3%	3%	7%	8%	1%	1%	1%	3%	1%	1%
A130	30	0%	1%	1%	1%	1%	1%	91%	1%	0%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%
A131	30	1%	1%	1%	1%	2%	1%	82%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	1%	3%	2%
A110	30	1%	1%	1%	1%	3%	1%	2%	79%	3%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A024	25	1%	6%	3%	1%	2%	2%	1%	56%	8%	2%	2%	4%	2%	1%	8%	1%	1%
A011	17	2%	7%	2%	1%	2%	4%	1%	49%	4%	4%	2%	3%	1%	2%	4%	10%	2%
A012	10	3%	2%	3%	6%	2%	2%	1%	48%	8%	3%	4%	4%	1%	4%	2%	5%	5%
A107	30	1%	4%	2%	5%	1%	1%	2%	46%	2%	2%	3%	3%	2%	2%	1%	3%	22%
A010	17	1%	3%	2%	6%	1%	4%	3%	45%	3%	8%	4%	3%	2%	1%	3%	2%	9%
A009	20	4%	9%	3%	2%	2%	4%	2%	33%	8%	4%	7%	5%	2%	2%	3%	2%	10%
A023	30	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	85%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A121	17	7%	8%	2%	2%	1%	2%	1%	15%	32%	6%	5%	2%	2%	3%	1%	5%	5%
A061	29	1%	4%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	83%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
A060	30	1%	7%	1%	1%	4%	1%	1%	3%	2%	69%	3%	1%	1%	1%	1%	1%	3%
A119	19	1%	5%	2%	1%	6%	1%	1%	8%	4%	58%	1%	2%	0%	1%	7%	1%	1%
A022	24	2%	9%	6%	5%	6%	8%	1%	4%	5%	27%	5%	6%	2%	1%	8%	1%	6%
A122	29	1%	1%	1%	2%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	85%	1%	0%	2%	1%	1%	1%
A123	28	2%	3%	2%	4%	3%	15%	2%	2%	2%	6%	53%	1%	1%	1%	3%	1%	2%
A036	30	1%	5%	3%	1%	21%	7%	1%	1%	1%	5%	42%	1%	1%	1%	7%	1%	2%
A120	30	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	3%	1%	1%	84%	1%	1%	1%	1%	2%
A033	25	0%	0%	2%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	84%	0%	0%	0%	10%
A035	23	1%	1%	0%	0%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	89%	1%	1%	1%
A046	30	1%	2%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	3%	4%	1%	0%	1%	81%	1%	1%
A082	11	1%	1%	0%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	0%	1%	0%	90%	1%
A081	19	1%	1%	1%	1%	2%	1%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	84%	1%
A021	28	27%	1%	1%	2%	1%	2%	3%	3%	1%	2%	2%	2%	1%	1%	1%	1%	52%
A028	30	2%	1%	14%	3%	4%	3%	4%	6%	1%	9%	15%	3%	2%	2%	8%	3%	21%
A132	25	4%	10%	2%	3%	4%	2%	21%	23%	2%	6%	3%	3%	2%	1%	7%	4%	4%
A125	27	1%	2%	1%	19%	1%	23%	3%	1%	27%	2%	11%	1%	1%	1%	1%	1%	4%
A128	23	1%	2%	5%	2%	1%	27%	1%	3%	7%	4%	33%	3%	0%	1%	4%	4%	2%

Tableau 17 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 4 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans la figure 20.

Plusieurs groupes génétiques cohérents illustrés par l'arbre neighbor-joining ont été obtenu à partir des distances génétiques (figure 21) :

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

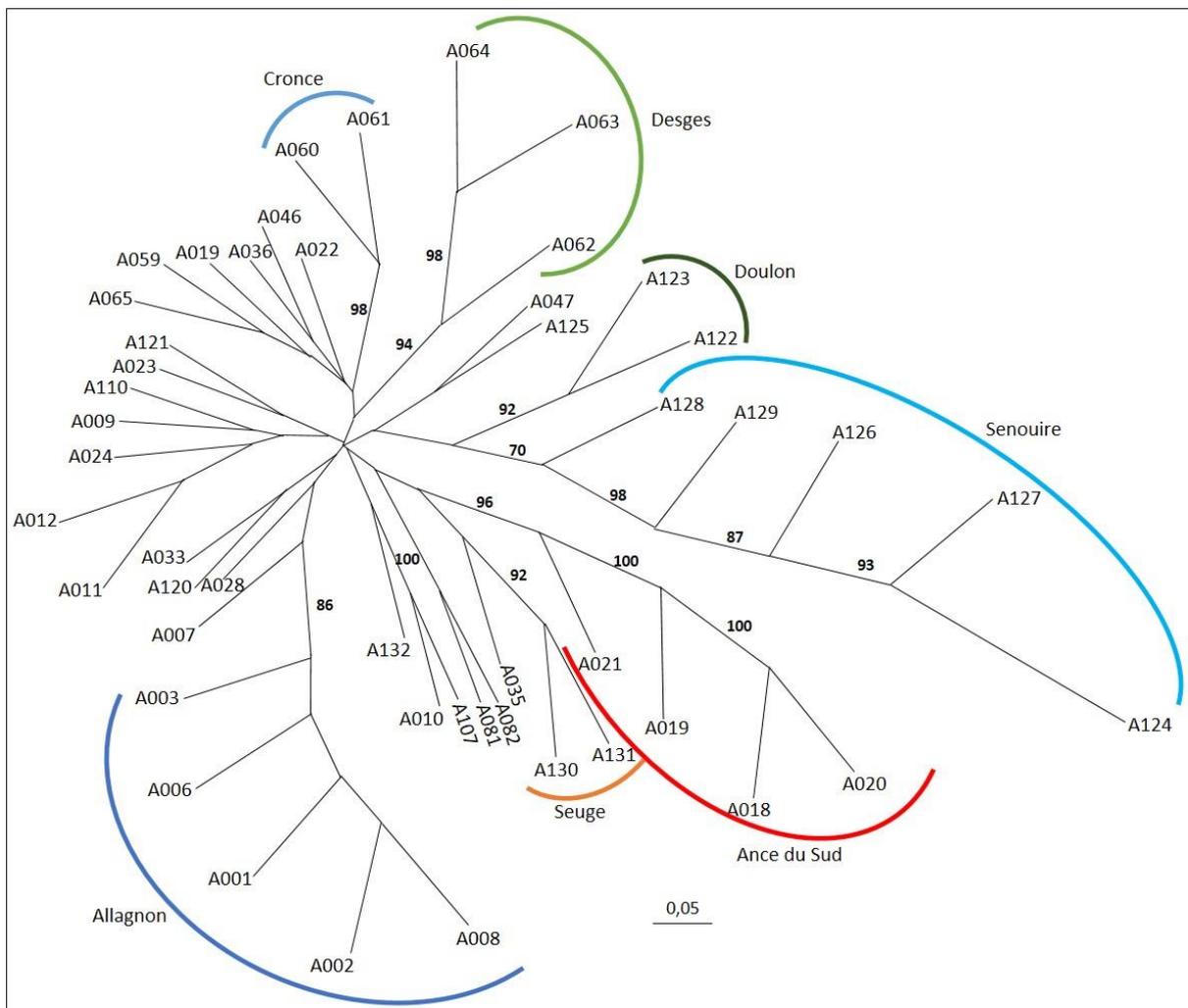


Figure 21 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (Dc). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.

IV.2. Le bassin de la Loire

IV.2.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

Sur le bassin de la Loire situé dans le département de la Haute-Loire, 1714 individus ont été échantillonnés sur 62 secteurs. Les échantillons des départements du Puy-de-Dôme et de la Loire situés sur le bassin de l'Ance du Nord ont été ajoutés au jeu de données afin de traiter ce bassin dans sa globalité. Ainsi, les analyses ont été réalisées sur un total de 2043 individus répartis sur 75 secteurs (figure 22, tableau 18).

Pour l'ensemble des loci, des déviations significatives à l'équilibre HW ont été observées dans seulement 4 populations sur : le Chamalière au pont RD1 (L031), le Piat à Monistrol/Loire (L065), le Dunière à Vaubardet (L098) et la Méjeanne à Pont Montbel (L119).

Sur les 825 combinaisons échantillon-locus, 68 tests montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW. Ce résultat est légèrement supérieur à celui attendu (erreur de type 1) au risque de 5% (41 rejets attendus).

Sur les 6825 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 420 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est légèrement supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (341 rejets attendus). Cependant, 155 d'entre eux sont peu significatifs ($p > 0,03$) et pas plus de 10 échantillons sur les 75 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, 14 combinaisons de loci sur 91 tests montrent un déséquilibre de liaison significatif. Ces résultats ne permettent pas de mettre en évidence l'existence de liaison physique entre les loci.

Des valeurs de Fis positives significatives traduisant un déficit de génotype hétérozygote sont observés sur 4 échantillons (tableau 15) : sur le Bourbouilloux (L053, secteur Monet), le Cereix (L054), la Villettes (L120, secteur moulin de la Prat) et la Semène (L140, secteur moulin Vial).

2 individus de la Curraize à Précieux et 2 de Pierre brune à Sauvain (Jasserie de l'Oule) présentent des génotypes identiques.

L'analyse réalisée avec le logiciel COLONY montre que de nombreux poissons font partie d'une fratrie dans plusieurs échantillons (tableau 18). Ceci peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible.

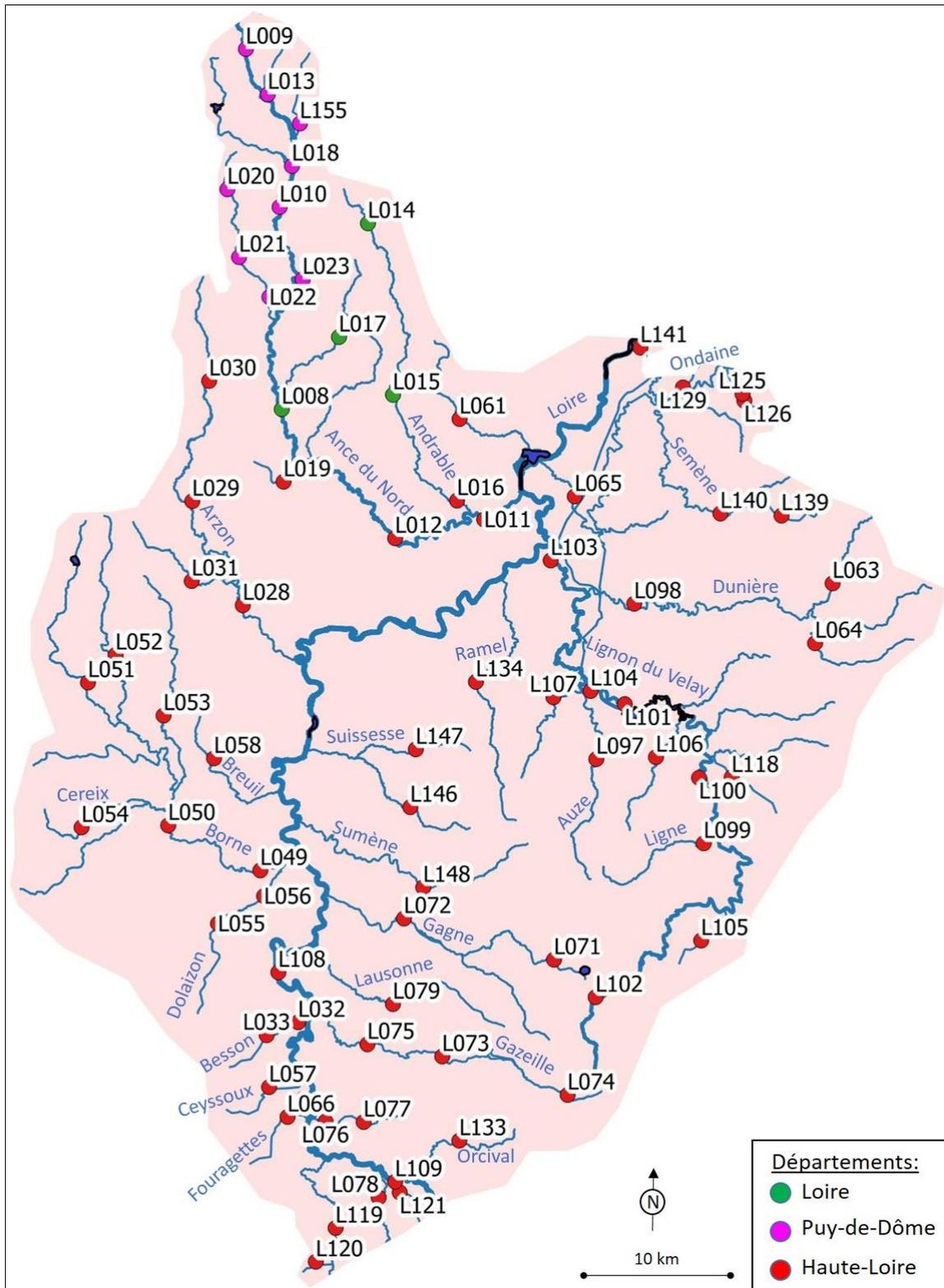


Figure 22 : Localisation et code station des secteurs échantillonnés sur le bassin de la Loire dans le département de la Haute-Loire et sur l'Ance du Nord pour les départements du Puy-de-Dôme et de la Loire.

Dépt.	Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind. faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
42	Ance du Nord	ANCAnc	Ance à Usson-en-Forez	L008	30	30	0	0,679	6,9	2,6	-0,0160	270 (260-∞)
42	Andrable	ANCAnd1	Andrable à la Chapelle-en-lafaye	L014	30	30	0	0,626	7,5	2,4	-0,0651	115 (50-∞)
42	Andrable	ANCAnd2	Andrable à Merle	L015	30	30	4 (13)	0,611	5,7	2,4	-0,0122	63 (37-160)
42	Champdieu	ANCCha	Champdieu à Usson-en-forez	L017	30	30	2 (7)	0,665	6,6	2,5	-0,1009	46 (30-88)
43	Ance du Nord	ANC3	Pont de Berard	L011	30	25	0	0,646	6,5	2,5	-0,1043	48 (26-180)
43	Ance du Nord	ANC2	Usine EDF de Moulas	L012	30	30	2 (7)	0,681	6,4	2,6	-0,0693	44 (29-86)
43	Andrable	AND1	Les Coins	L016	30	28	0	0,687	7,1	2,6	-0,0009	105 (49-∞)
43	Lembron	LEM1	RD.352	L019	30	28	0	0,643	6,0	2,5	-0,2576	74 (33-∞)
43	Arzon	ARZ3	Coutarel	L028	30	30	0	0,691	6,5	2,6	-0,0556	340 (83-∞)
43	Arzon	ARZ2	Moulin Vignal	L029	23	23	2 (9)	0,628	5,4	2,4	-0,0302	36 (22-82)
43	Arzon	ARZ1	Pont de Chauamat	L030	30	30	2 (7)	0,625	5,2	2,4	0,0101	46 (28-97)
43	Chamalière	CHM1	Pont RD.1	L031	30	30	14 (47)	0,480	4,0	2,0	-0,0506	48 (26-148)
43	Beaume	BEA1	Fatou	L032	30	30	0	0,649	7,4	2,5	-0,0199	51 (33-98)
43	Besson	BES1	RD.54	L033	30	30	0	0,598	5,4	2,3	0,0297	28 (19-43)
43	Borne	BOR3	Le Puy	L049	30	29	0	0,637	6,9	2,5	-0,0897	178 (54-∞)
43	Borne	BOR2	Saint-Vidal	L050	30	30	0	0,582	5,8	2,3	-0,0413	140 (52-∞)
43	Borne Occidentale	BOR1	Moulis	L051	30	30	0	0,625	6,1	2,4	0,0244	84 (41-173)
43	Borne Orientale	BOO1	Céaux-d'Allègre	L052	30	30	0	0,590	5,9	2,4	-0,0307	55 (32-149)
43	Bourbouilloux	BOU1	Le Monet	L053	22	22	0	0,516	4,6	2,1	0,1398	- (61-∞)
43	Cereix	CEE1	Cereix	L054	27	27	0	0,638	6,6	2,5	0,0836	56 (33-141)
43	Dolaizon	DOL1	La Roche	L055	30	30	2 (7)	0,575	5,1	2,3	-0,0980	69 (36-307)
43	Dolaizon	DOL2	Vals (Chantilly)	L056	30	30	0	0,682	7,8	2,6	0,0599	105 (53-750)
43	Ceyssoux	CEY1	Ceyssoux	L057	30	30	2 (7)	0,652	6,0	2,5	0,0335	26 (19-39)
43	Breuil	BRE1	Azanières	L058	30	29	8 (27)	0,670	5,2	2,5	-0,0170	56 (33-131)
43	Courbière	COU1	Pont de la Val (RD42)	L061	30	30	5 (17)	0,708	6,4	2,7	-0,0871	62 (36-163)
43	Dunière	DUN1	Riotord	L063	30	30	0	0,654	7,4	2,6	-0,0336	160 (59-∞)
43	Saint-Julien	JUL1	Limenesse	L064	30	28	0	0,679	6,1	2,6	-0,1427	172 (57-∞)
43	Piat	PIA1	Monistrol-sur-Loire	L065	30	29	15 (52)	0,661	5,7	2,5	-0,0983	28 (20-43)
43	Fouragettes	FOU1	Gorges Montagnac	L066	30	30	8 (27)	0,468	4,2	2,0	0,0167	10 (7-14)
43	Gagne	GAG1	Jucq	L071	30	30	3 (10)	0,622	5,4	2,4	-0,0312	242 (70-∞)
43	Gagne	GAG2	Moulin Neuf	L072	30	30	0	0,660	6,9	2,6	0,0530	87 (47-335)
43	Gazeille	GAZ2	La Besseyre	L073	30	29	0	0,693	7,3	2,7	0,0088	652 (149-∞)
43	Gazeille	GAZ1	Les Etables	L074	30	30	0	0,606	5,3	2,4	-0,0462	99 (46-3052)
43	Gazeille	GAZ3	Meymac	L075	30	30	0	0,677	6,7	2,6	-0,0765	1058 (101-∞)
43	Holme	HOL2	Goudet	L076	25	25	0	0,575	5,1	2,3	-0,0745	27 (17-55)
43	Holme	HOL1	Maison Neuve	L077	11	11	5 (45)	0,559	4,1	2,2	-0,0700	11 (4-49)
43	Langougnole	LAN1	Lafarre	L078	21	21	0	0,558	5,0	2,3	-0,1474	54 (23-∞)
43	Lausonne	LAU1	Moulines	L079	30	30	0	0,682	8,1	2,6	0,0208	89 (48-349)
43	Auze	AUZ1	Pont du Rochain	L097	30	30	0	0,625	6,2	2,4	-0,0696	2351 (89-∞)
43	Dunière	DUN2	Vaubarlet	L098	30	30	0	0,696	7,6	2,7	-0,0374	333 (196-∞)
43	Ligne	LIN1	Moulin	L099	30	29	0	0,632	5,9	2,5	-0,0485	101 (44-∞)
43	Lignon du Velay	LIG2	Costerousse	L100	30	29	0	0,641	6,1	2,5	-0,0889	98 (41-∞)
43	Lignon du Velay	LIG3	L'Olagnier	L101	30	30	0	0,597	6,0	-	-0,0870	372 (75-∞)
43	Lignon du Velay	LIG1	Titaud	L102	30	20	0	0,622	5,5	2,5	-0,3806	62 (20-∞)
43	Lignon du Velay	LIG5	Usine de pont de Lignon 1	L103	30	28	0	0,693	7,4	2,7	-0,0368	853 (97-∞)
43	Lignon du Velay	LIG4	Versilhac	L104	30	30	2 (7)	0,636	6,2	2,5	0,0432	47 (30-90)
43	Lioussel	LIO1	Les Fours	L105	24	24	2 (8)	0,604	5,1	2,4	-0,1881	295 (40-∞)
43	Mousse	MOU1	Pont de Chazeaux	L106	30	30	0	0,598	6,0	2,4	0,0106	23 (16-36)
43	Siaulme	SIU1	Mas Boyer	L107	30	30	5	0,656	6,7	2,5	-0,0120	45 (30-83)
43	Loire	LOI2	Cussac-sur-Loire	L108	30	30	0	0,634	7,3	2,5	-0,0522	766 (95-∞)
43	Loire	LOI1	Vallet	L109	30	30	0	0,615	6,6	2,4	0,0171	280 (73-∞)
43	Sérignoule	SER1	Gardalac	L118	30	28	0	0,568	5,6	2,3	-0,1676	47 (25-188)
43	Méjeanne	MEJ1	Pont Montbel	L119	30	30	0	0,643	5,9	2,5	-0,0729	73 (37-365)
43	Villettes	VIL1	Moulin de la Prat	L120	19	19	10 (53)	0,481	3,9	2,0	0,1549	19 (11-43)
43	Nadalès	NAD1	Les Sauvages	L121	30	30	0	0,602	5,0	2,4	-0,0562	105 (41-∞)
43	Cotonas	COT1	Moulin Canet	L125	12	12	0	0,554	3,9	2,2	-0,2924	81 (7-∞)
43	Echapre	ECH1	Aube	L126	18	17	2 (12)	0,621	5,0	2,4	-0,2100	62 (19-∞)
43	Gampille	GAM1	Les Onze Ponts	L129	30	30	10 (33)	0,687	5,8	2,6	0,0419	33 (23-52)
43	Orcival	ORC1	Champetienne	L133	30	30	0	0,539	5,8	2,2	-0,0017	103 (44-∞)
43	Ramel	RAM1	Malataverne	L134	30	29	2 (7)	0,670	7,0	2,6	0,0121	80 (40-488)
43	Rivalière	RIV1	La Fabrique	L139	30	30	0	0,690	6,6	2,6	-0,0466	79 (43-281)
43	Semène	SEM1	Moulin Vial	L140	30	30	0	0,683	5,9	2,6	0,1025	85 (45-355)
43	Semène	SEM2	Semène	L141	30	30	0	0,706	6,4	2,6	-0,0031	200 (68-∞)
43	Roudesse	ROU1	Pont de la Coste	L146	30	30	6 (20)	0,615	5,3	2,4	-0,0734	18 (12-25)
43	Suissesse	SUI1	Amont Bolio	L147	16	15	0	0,623	4,8	2,4	-0,3000	36 (8-∞)
43	Sumène	SUM1	Eynac	L148	30	30	0	0,605	6,2	2,4	0,0307	78 (41-372)
63	Ance du Nord	Ance	Haute Vallée	L009	25	25	0	0,635	5,9	2,5	-0,0003	492 (68-∞)
63	Ance du Nord	ANCTHIO	La Thiolière	L010	53	53	0	0,665	7,5	2,6	0,0031	113 (71-243)
63	Ancette	Ancet	Tronel	L013	12	12	0	0,703	5,1	2,6	0,1047	193 (27-∞)
63	Enfer	Enf	La Rourre - Mascortel	L018	21	21	0	0,680	6,6	2,6	0,0348	64 (29-4450)
63	Ligogne	Lig	Molhac (Chez François)	L020	12	12	3 (25)	0,562	4,7	2,3	-0,0144	6 (3-13)
63	Ligogne	Lig	Sous Paillanges	L021	26	26	0	0,631	5,8	2,5	-0,0354	66 (35-260)
63	Ligonne	Lig	Puparin Bas	L022	25	25	3 (12)	0,698	6,1	2,6	-0,0112	27 (19-40)
63	Saillantet	Sai	Pont D139	L023	10	10	0	0,705	5,1	2,7	0,0474	40 (15-∞)
63	Vaissière	Vai	Saint Anthème	L155	25	25	0	0,658	6,8	2,5	0,0056	118 (15-∞)

Tableau 18 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsatellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

IV.2.2. Diversité génétique des échantillons

Les échantillons montrent globalement une bonne diversité génétique.

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

Les estimations de N_e suggèrent l'existence de « très petites » populations issues d'un nombre restreint de géniteurs sur 3 secteurs : Holme à maison neuve (L077), Fouragettes (L066) et l'amont de la Ligogne dans le Puy-de-Dôme à Molhac (L020).

IV.2.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Les F_{st} entre les échantillons varient de 0,0038 à 0,3815. Les principales informations à retenir sont (tableau 19) :

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

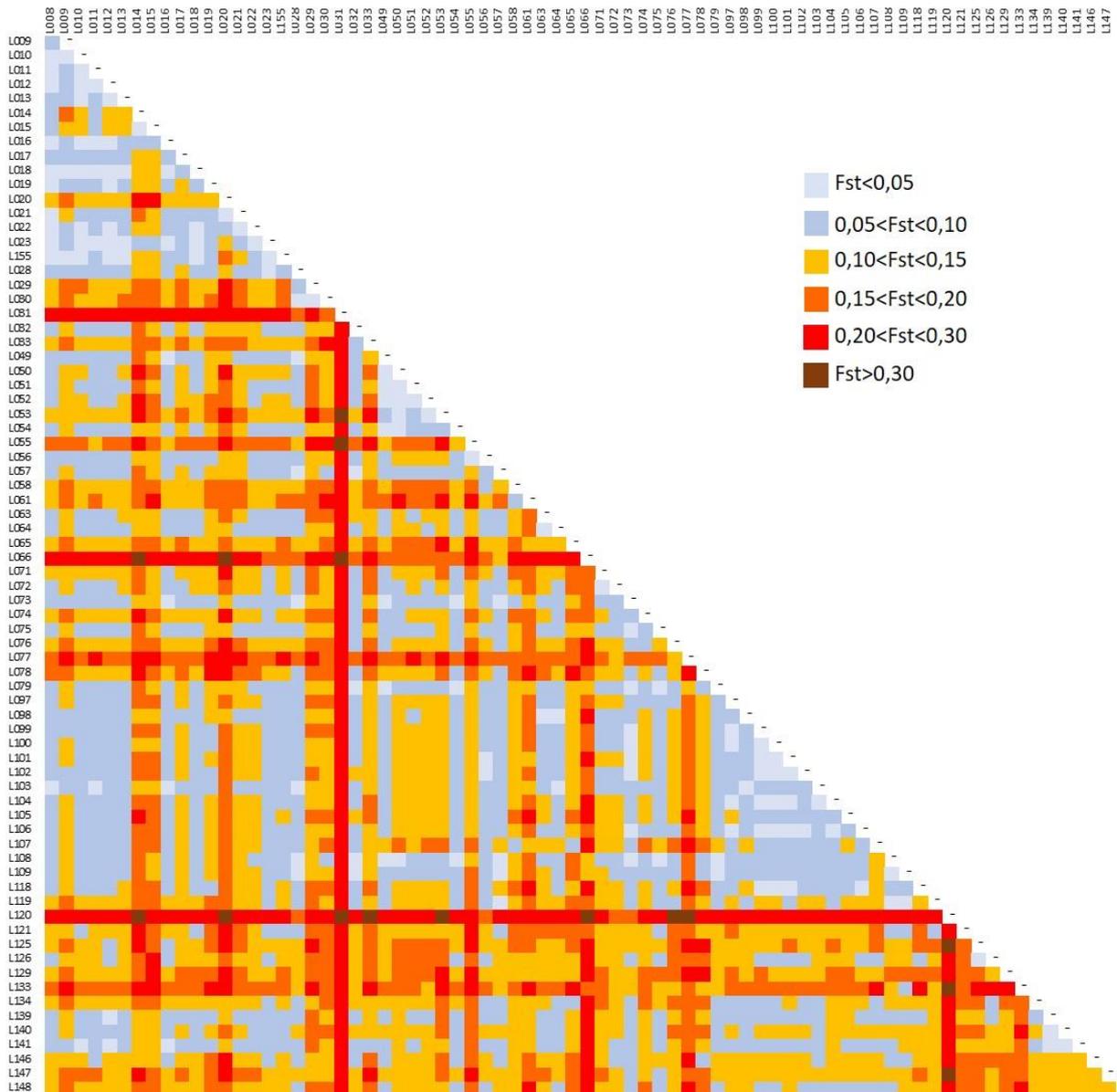


Tableau 19 : Présentation des classes d'indices de différenciation, F_{st} , par paire d'échantillons. En raison du nombre important d'échantillon à comparer, les valeurs n'ont pas été représentées. Un gradient de couleur permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.

L'analyse avec STRUCTURE n'a pas permis de dégager clairement le nombre de clusters génétiques le plus probable. Les résultats indiquent qu'il y a autant de chance d'avoir 4, 15, 17 ou 31 clusters.

L'arbre neighbor-joining obtenu à partir des distances génétiques permet de mettre en évidence quelques regroupements génétiques (figure 23) :

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

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

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

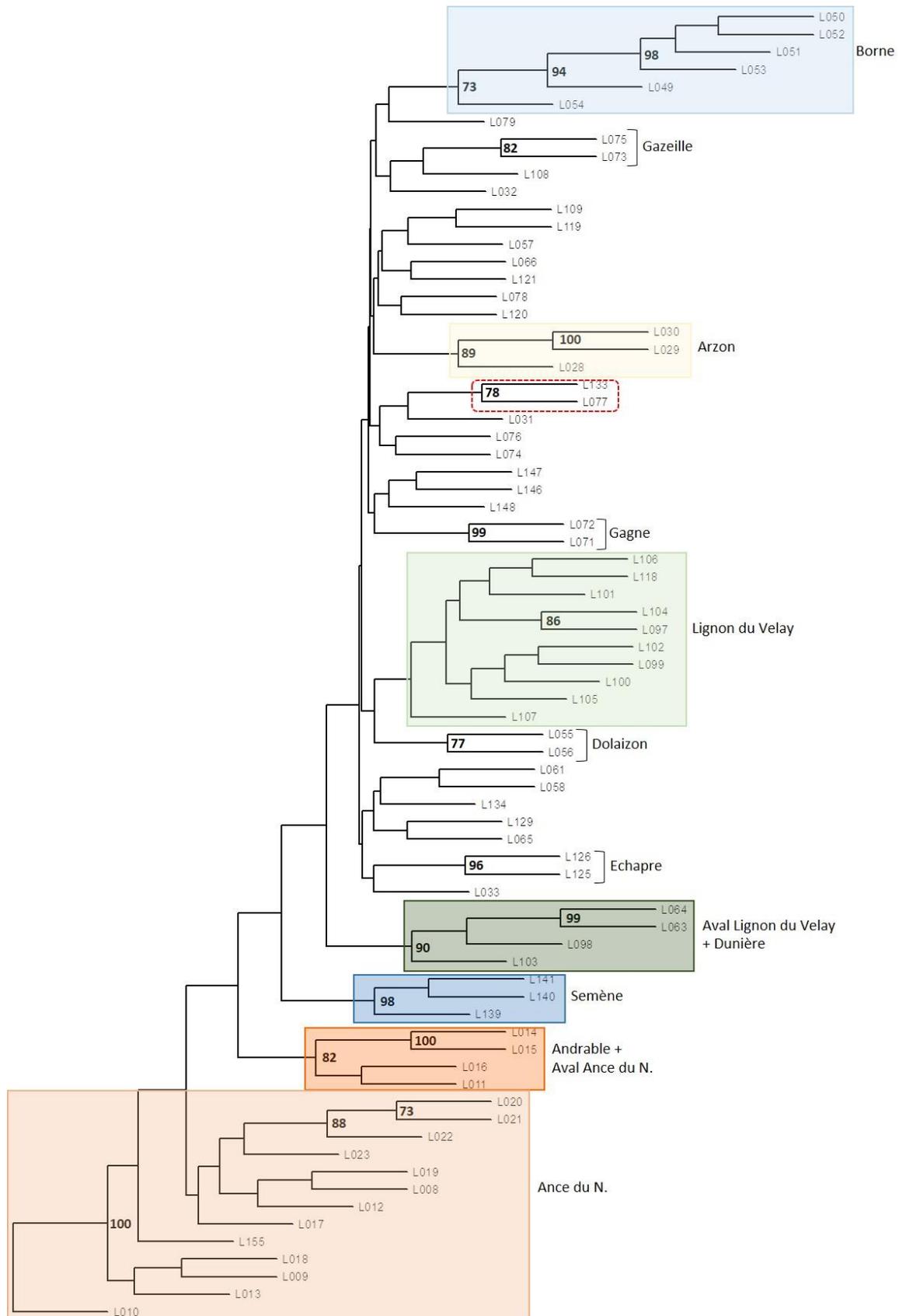


Figure 23 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (Dc). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées.

V. RESULTATS SUR LE DEPARTEMENT DE LA LOIRE

V.1. Caractéristiques et qualité des échantillons

Au total, 1890 individus ont été échantillonnés sur 75 secteurs de rivière (figures 24 et 25, tableau 17) dont 1881 ont pu être génotypés avec succès à au moins 6 marqueurs. Six secteurs présentant des effectifs trop faibles ont été retirés de l'analyse (tableau 20). Au final, l'analyse a porté sur 1863 individus répartis sur 69 échantillons auxquels ont été ajoutés 3 échantillons et 59 individus du bassin de l'Ondaine localisés en Haute-Loire.

Pour l'ensemble des loci, des déviations significatives à l'équilibre HW ont été observées dans seulement 3 populations sur : l'Anzon à Noiretable (L024), l'Arbiche à Chevrières (L059) et le Tâche à St-Rigand (L137).

Sur les 1008 combinaisons échantillon-locus, 62 tests montrent une déviation par rapport à l'équilibre HW. Ce résultat est légèrement supérieur à celui attendu (erreur de type 1) au risque de 5% (50 rejets attendus).

Sur les 6552 tests de déséquilibre de liaison réalisés, 531 ont été rejetés au seuil de 0,05. Ce nombre est supérieur à celui attendu du fait du hasard (erreur de type 1) au risque de 5% (327 rejets attendus). Cependant, 174 d'entre eux sont peu significatifs ($p > 0,03$) et pas plus de 19 échantillons sur les 72 montrent des déséquilibres entre paires de loci identiques. Pour l'ensemble des populations, 20 combinaisons de loci sur 91 tests montrent un déséquilibre de liaison significatif. Ces résultats ne permettent pas de mettre en évidence l'existence de liaison physique entre les loci.

Un déficit significatif de génotype hétérozygote (Fis positive significative) est observé sur un seul échantillon sur l'Anzon à St Laurent Rochefort (L025).

L'analyse réalisée avec le logiciel COLONY montre que d'un nombre important d'échantillons présente des poissons faisant partie d'une même fratrie (tableau 20). Ceci peut être la conséquence soit d'un échantillonnage pas suffisamment réparti sur le linéaire de la rivière soit de populations présentant une abondance faible.

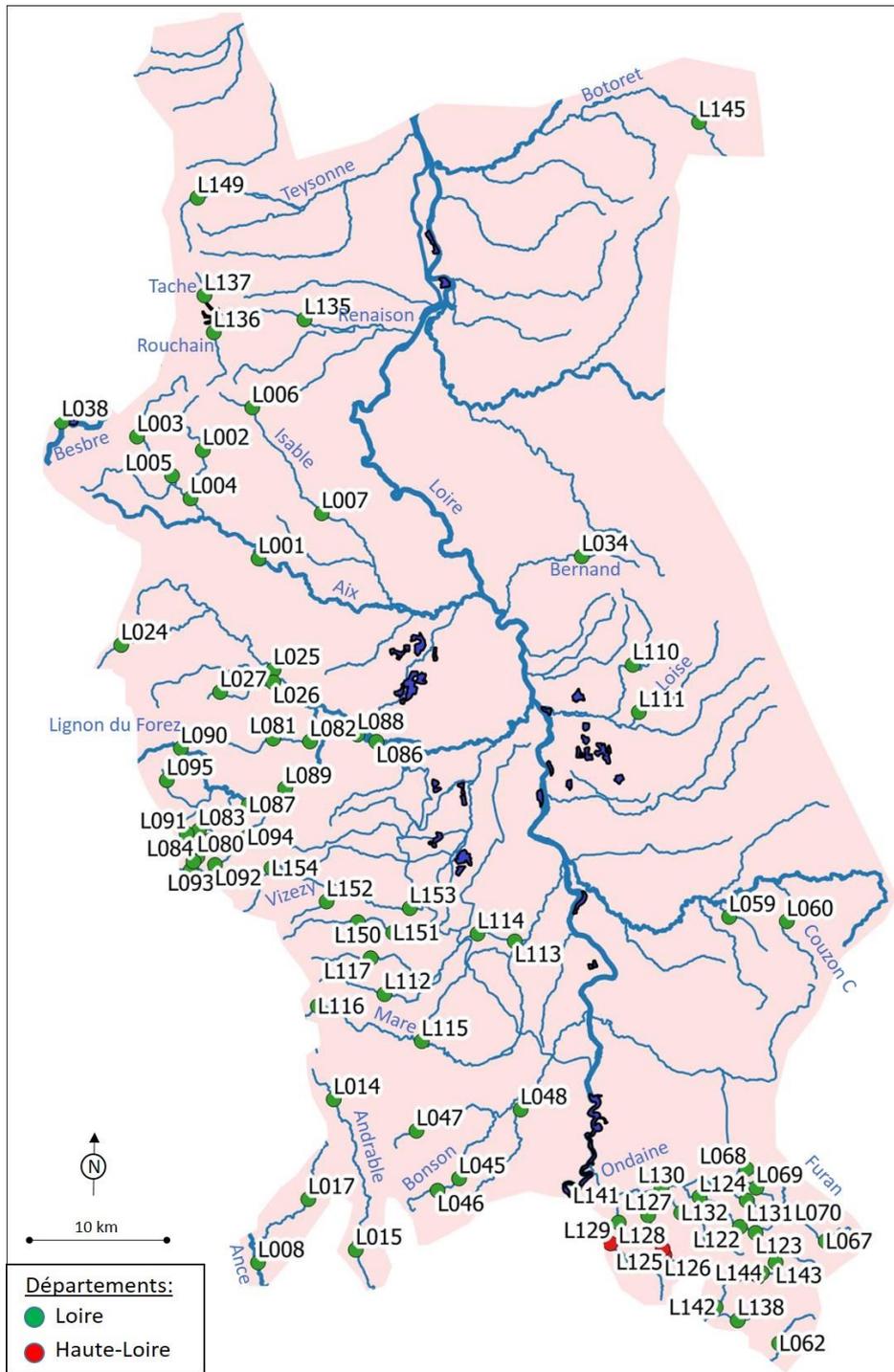


Figure 24 : Localisation et code station des 75 secteurs échantillonnés dans le département de la Loire et des 3 échantillons du département de la Haute-Loire.

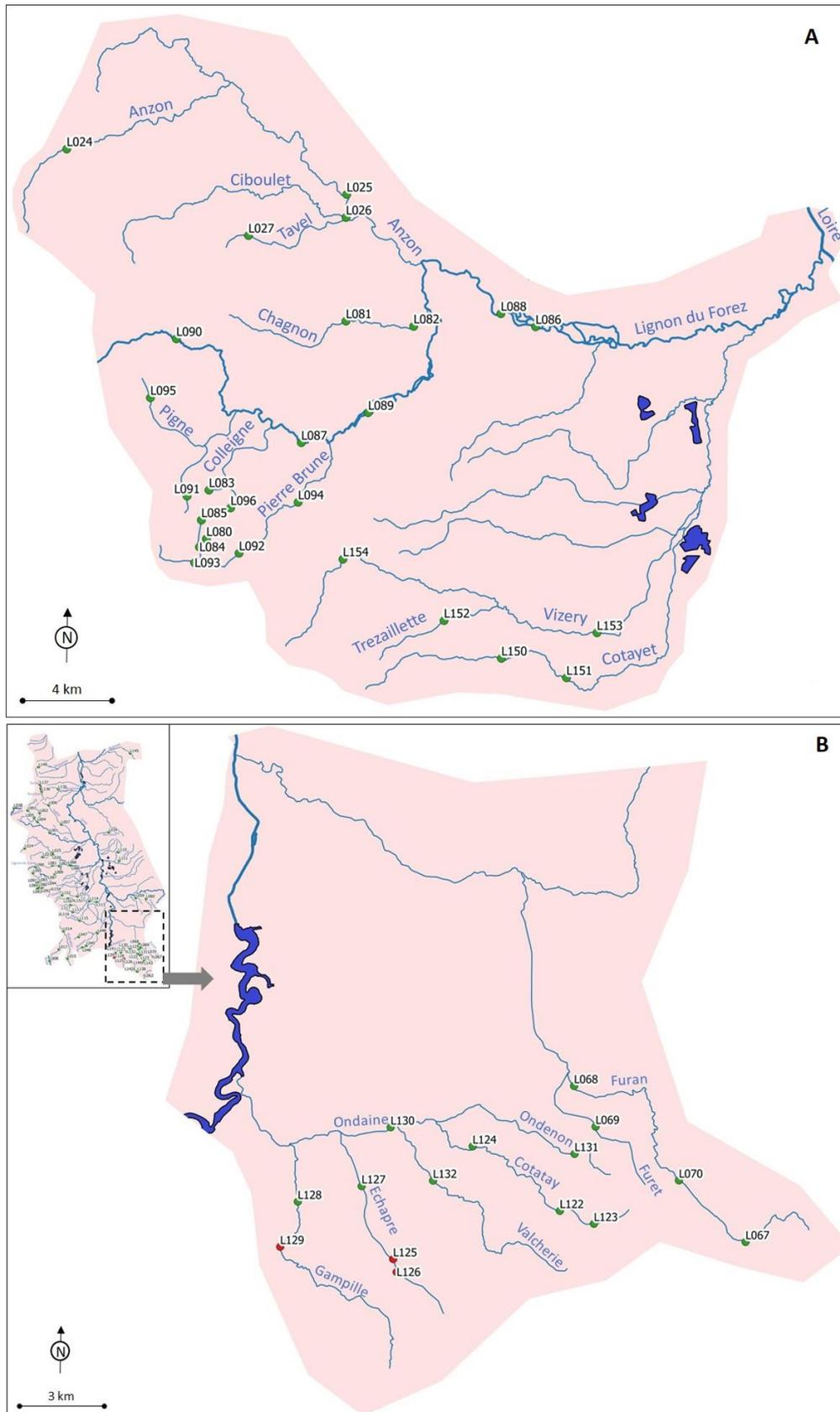


Figure 25 : Zoom de localisation des secteurs échantillonnés sur le bassin du Lignon du Forez (A) et sur l'Ondaine et le Furan (B).

Dépt.	Rivière	Code station FD	Nom station FD	Code Genet	Effectif échantillonné	Effectif génotypé	Ind, faisant partie d'une fratrie (n, %)	He	A	A _r	F _{is}	Ne (IC95%)
42	Aix	AIXAix	Aix à SAINT-MARCEL-D-URFE (La Recule)	L001	30	30	4 (13)	0,597	5,5	3,4	0,0093	323 (61-∞)
42	Ban	AIXBan	Ban à St-Just-En-Chevalet (106_Labouré)	L002	30	30	2 (7)	0,548	4,4	3,0	0,0000	- (74-∞)
42	Boën	AIXBoë	Boen à La Tuiliere (Fontdidier)	L003	8	8	0	0,677	4,8	4,1	-0,1193	-
42	Boën	AIXBoë	Boen à Saint-Just-en-Chevalet (Chantelot)	L004	13	13	0	0,548	4,3	3,2	-0,0113	-
42	Boën	AIXBoë	Le Boen à Saint-Just-en-Chevalet (Amont Roc Bonoris)	L005	9	9	0	0,562	3,9	3,3	-0,1535	-
42	Isable	AIXIsa1	Isable à Cherier (Blanchardon_108)	L006	30	30	0	0,601	5,0	3,4	-0,0159	28 (19-47)
42	Isable	AIXIsa2	Isable à Saint-polgues (Amont RD18)	L007	30	30	0	0,677	6,4	4,0	0,0070	15 (12-19)
42	Ance	ANCAnc	Ance à Usson-en-Forez (Pontempeyrat_118)	L008	30	30	0	0,679	6,9	4,1	-0,0062	273 (260-∞)
42	Andrable	ANCAnd1	Andrable à la Chapelle-en-lafaye (27_Jamillard)	L014	30	30	0	0,626	7,5	3,7	-0,0403	115 (50-∞)
42	Andrable	ANCAnd2	Andrable à Merle (Cacharat_26)	L015	30	30	0	0,611	5,7	3,7	-0,0067	63 (37-160)
42	Champdieu	ANCCha	Champdieu à Usson-en-forez (Amont plan d'eau)	L017	30	30	4 (13)	0,665	6,6	4,0	-0,1053	46 (30-88)
42	Anzon	ANZAnz1	Anzon à Noiretable (Rivalsupt_107)	L024	30	30	7 (23)	0,635	5,4	3,7	0,0580	6 (4-7)
42	Anzon	ANZAnz2	Anzon à Saint-laurent-rochefort (Chez Julien_12)	L025	30	30	0	0,599	6,7	3,8	0,0587	66 (38-180)
42	Ciboulet	ANZCib	Ciboulet à Saint-laurent-rochefort (La Curette)	L026	30	30	0	0,572	4,9	3,3	0,0592	25 (18-40)
42	Tavel	ANZTav	Tavel à Saint-Didier-sur-Rochefort (Pralois)	L027	30	30	17 (57)	0,449	3,7	2,6	-0,1057	10 (7-15)
42	Bernand	BERBer	Le Bernard à Saint-Colombe-sur-Gand (Régnys)	L034	30	30	0	0,657	6,7	3,9	-0,0435	46 (30-87)
42	Besbre	BESBes	Besbre à Saint-Priest-la-Prugne (Viaduc du Peux)	L038	30	30	3 (10)	0,517	3,9	2,9	-0,0883	43 (22-146)
42	Bonson	BONBon2	Bonson à Saint-Nizier-de-Fornas (Peyrepeyre)	L045	30	30	0	0,704	7,4	4,2	-0,0202	89 (47-373)
42	Bonson	BONBon1	Bonson à St-Nizier-de-Fornas (Fournier_23)	L046	30	30	2 (7)	0,713	7,6	4,3	-0,0187	59 (37-121)
42	Bonsonnet	BONBst	Bonsonnet à Luriecq (Fougerols_116)	L047	30	30	4 (13)	0,656	6,4	3,8	0,0245	12 (10-16)
42	Ecolèze	BONEco	L'Ecolèze à Perigneux (Le Foin_117)	L048	30	30	2 (7)	0,687	6,9	4,0	-0,0532	35 (24-58)
42	Arbiche	COIArb	Arbiche à Chevrières (129)	L059	30	30	16 (53)	0,545	4,9	3,1	-0,0628	5 (3-7)
42	Couzon C	COICou	Couzon à Châtelus (128)	L060	30	29	2 (7)	0,644	6,1	3,7	-0,0314	24 (17-35)
42	Dunurette	DunDun	Dunieres à St-Regis-du-Coin (Fleury)	L062	30	30	0	0,676	6,7	4,1	-0,0036	68 (38-215)
42	Furan	FURFur1	Furan à Tarentaise (Pont Souvignet_99)	L067	30	30	0	0,800	9,9	5,2	0,0011	98 (57-287)
42	Furan	FURFur3	Furan à Saint-Etienne (Les petites Mollères)	L068	30	29	8 (27)	0,785	8,6	4,9	-0,0497	30 (23-42)
42	Furet	FURFrt	Furet à Planfoy (Chez Chataignier)	L069	30	29	0	0,732	8,1	4,7	0,0154	392 (197-∞)
42	Pas Riot	FurFur2	Barrage du Pas du Riot à Planfoy	L070	30	29	0	0,791	9,6	5,2	-0,0281	224 (85-∞)
42	Bief Gros Fumé	LIGJas	Bief Gros Fumé à Sauvain	L080	7	7	2 (28)	0,435	2,6	2,4	-0,0861	-
42	Chagnon	LIGCha	Chagnon à Palogneux (Poizat)	L081	10	10	3 (30)	0,454	2,8	2,5	0,0176	-
42	Chagnon	LIGCha	Chagnon à Sail-sous-couzan	L082	20	20	4 (20)	0,645	6,2	3,9	-0,0056	11 (8-15)
42	Colleigne	LIGJas	Bief Colleigne à Sauvain (Chassirat)	L083	1	1						
42	Colleigne	LIGJas	Ru - Bief Colleigne à Sauvain (aval partage des eaux)	L084	4	4						
42	Colleigne	LIGJas	Ru de Colleigne à Sauvain (Gour des Aillères)	L085	5	5						
42	Lignon du Forez	LIGLig4	----- Bief Mérizat ----- à Trelins	L086	1	1						
42	Lignon du Forez	LIGLig2	Le Lignon à Sauvain (Pont Neuf_110)	L087	30	30	0	0,676	6,6	4,0	0,0369	40 (27-66)
42	Lignon du Forez	LIGLig4	Le Lignon à Trelins (14)	L088	29	29	0	0,699	8,1	4,5	-0,0200	44 (30-72)
42	Lignon du Forez	LIGLig3	Lignon à St-Georges-en-C, (Pont du Diable)	L089	30	30	0	0,677	6,9	4,1	-0,0236	81 (45-275)
42	Lignon du Forez	LIGLig1	Lignon de jeansagnière à Jeansagniere	L090	30	30	0	0,641	5,7	3,7	0,0131	87 (45-439)
42	Morte	LIGMor	Morte à Sauvain	L091	30	30	16 (53)	0,468	3,4	2,6	-0,0012	45 (20-750)
42	Pierre Brune	LIGPie1	Pierre Brune à Sauvain (Amont cascade de Chorsin)	L092	30	30	6 (20)	0,389	3,8	2,3	-0,0578	468 (29-∞)
42	Pierre Brune	LIGJas	Pierre brune à Sauvain (Jasserie de l'Oule)	L093	10	10	7 (70)	0,231	1,9	1,7	-0,1599	-
42	Pierre Brune	LIGPie2	Ruisseau de Pierre brune à Saint-bonnet-le-courreau	L094	30	30	0	0,653	5,9	3,9	0,0203	20 (15-27)
42	Pigne	LIGpig	Pigne à Chalmazel (RD6)	L095	30	30	28 (93)	0,294	2,4	1,9	0,0285	127 (21-∞)
42	Planchette	LIGJas	Planchette à Sauvain (Chemin Chassirat)	L096	3	3						
42	Charpassonne	LOICha	Charpassonne à Cottance (Le Reynard)	L110	30	30	8 (27)	0,687	6,6	4,0	0,0158	18 (14-24)
42	Loise	LOILOi	Loise à Jas (Pierre sur Autre)	L111	30	30	10 (33)	0,687	6,1	3,9	-0,1061	14 (11-18)
42	Curraize	MARCur1	Curraize à Lavieu (Pinatelle)	L112	30	29	4 (14)	0,511	4,4	3,0	-0,0865	82 (34-∞)
42	Curraize	MARCur2	Curraize à Précieux (22)	L113	26	25	2 (8)	0,745	7,6	4,6	0,0231	30 (21-48)
42	Curraize	MARCur2	Curraize à Précieux (Les Bichaizons)	L114	4	4						
42	Mare	MARMar2	La Mare à Soleymieux (Molley_113)	L115	30	30	0	0,596	6,1	3,6	-0,0068	52 (32-114)
42	Mare	MARMar1	Mare à Gumieres	L116	30	30	2 (7)	0,642	7,1	4,1	-0,0830	77 (42-261)
42	Vidresonne	MARVid	Vidresonne à Verrières-en-Forez (Drutel)	L117	30	30	0	0,737	6,4	4,3	-0,0977	24 (17-38)
42	Cotatay	ONDCot1	Cotatay à Saint-Genest-Malfaux (Crozet)	L122	10	10	0	0,625	4,4	3,5	0,0287	-
42	Cotatay	ONDCot1	Cotatay à Saint-Genest-Mfx (Prés Farost_55)	L123	20	20	2 (10)	0,599	5,7	3,6	-0,0515	88 (33-∞)
42	Cotatay	ONDCot2	Cotatay au Chambon-feugeroles (Tysotière)	L124	30	30	0	0,673	8,9	4,3	-0,0459	- (120-∞)
43	Cotonas	COTI	Moulin Canet	L125	12	12	0	0,554	3,9	2,2	-0,2924	81 (7-∞)
43	Echapre	ECH1	Aube	L126	18	17	2 (12)	0,621	5,0	2,4	-0,2100	62 (19-∞)
42	Echapre	ONDEch	Ruisseau l' Echapre à Firminy	L127	30	30	8 (27)	0,567	5,0	3,2	-0,0112	23 (16-34)
42	Gampille	ONDGam	Gampille à Firminy (133)	L128	30	30	5 (17)	0,700	7,1	4,1	0,0399	18 (14-23)
43	Gampille	GAM1	Les Onze Ponts	L129	30	30	10 (33)	0,687	5,8	2,6	0,0419	33 (23-52)
42	Ondaine	ONDOnd2	L'Ondaine au Chambon-feugeroles	L130	30	30	4 (13)	0,772	9,4	5,0	-0,0080	65 (43-120)
42	Ondenon	ONDOnd1	Ondenon à Planfoy (Guizay)	L131	30	30	4 (13)	0,605	5,0	3,4	-0,0187	38 (25-70)
42	Valcherie	ONDVal	Valcherie au Chambon-feugeroles (132)	L132	30	30	4 (13)	0,747	8,8	4,7	-0,0483	61 (39-118)
42	Renaion	RENRen	Renaion à Renaion (77)	L135	30	30	0	0,673	6,6	4,0	0,0160	266 (77-∞)
42	Rouchain	RenRou	Rouchain à Les Noes (Marymbe)	L136	30	29	0	0,602	6,4	3,7	-0,1037	68 (34-378)
42	Tâche	RENTâc	Tâche à Saint-Rirand (Combe-grand)	L137	30	30	2 (7)	0,636	6,6	3,8	0,0207	41 (27-76)
42	Maboef	SEMMab	Maboef à Jonzieux (Scie du Monteil)	L138	30	30	0	0,636	5,2	3,5	0,0043	67 (37-218)
42	Semène	SEMSem2	Semène à Jonzieux (60)	L142	30	30	0	0,676	7,6	4,2	-0,0380	60 (37-126)
42	Semène	SEMSem1	Semène à Saint-Genest-Mfx (134)	L143	10	10	0	0,624	4,9	3,7	-0,0252	-
42	Semène	SEMSem1	Semène à St-Genest-Mfx (Le Sapt)	L144	20	20	3 (15)	0,650	6,1	4,0	-0,0126	14 (11-20)
42	Botoret	SORBot	Botoret à Belleroche (La Guillaumièrre_29)	L145	30	30	0	0,653	7,4	4,1	0,0107	429 (91-∞)
42	Teyssonne	TEYTey	Teyssonne à St-Bonnet-D-Q (Moulin Pinay_105)	L149	30	30	6 (20)	0,619	5,9	3,6	0,0215	76 (39-398)
42	Cotayet	VIZCot1	Cotayet à Bard (Jambin)	L150	30	29	12 (41)	0,555	5,4	3,3	-0,0492	25 (17-43)
42	Cotayet	VIZCot2	Cotayet à Ecotay-l'Olme (La Berne)	L151	30	30	2 (7)	0,634	5,9	3,6	0,0125	37 (24-65)
42	Trézailllette	VIZTré	Ruisseau de Trezailllette à Essertines-en-chatelneuf	L152	30	30	10 (33)	0,560	5,6	3,4	-0,0319	22 (16-33)
42	Vizezy	VIZViz2	Le Vizezy à Montbrison	L153	30	30	3 (10)	0,648	6,6	3,9	-0,0370	38 (26-63)
42	Vizezy	VIZViz1	Vizezy à Roche (La Farge, aval RD44)	L154	30	30	21 (70)	0,344	3,3	2,2	0,0056	1362 (37-∞)

Tableau 20 : synthèse des principales statistiques génétiques obtenues sur chaque échantillon sur la base des 14 microsattellites analysés. He = hétérozygotie attendue, A = nombre moyen d'allèle par locus, Ar = richesse allélique, Fis = indice de fixation, Ne = taille efficace estimée de la population et son intervalle de confiance à 95%.

V.2. Diversité génétique des échantillons

A part quelques échantillons, la diversité génétique est globalement bonne sur l'ensemble des secteurs.

Le nombre moyen d'allèle par locus (A), varie de 1,9 sur le Pierre Brune à Sauvain (L093) à 9,9 sur le Furan à Tarentaise (L067). La richesse allélique (A_r) varie de 1,7 également sur le Pierre Brune à Sauvain à 5,2 sur le barrage de Pas du Riot. L'hétérozygotie attendue varie de 0,231 sur le Pierre Brune Sauvain à 0,8 sur le Furan à Tarentaise (tableau 20).

Les échantillons présentant les diversités génétiques les plus faibles sont : Pierre Brune à Sauvain (L093), Pigne à Chalmazel (L095), Bief Gros Fumé (L080) et Chagnon à Palogneux (L081) sur le bassin du Lignon du Forez et l'amont du Vizery à Roche (L154) (tableau 20).

Les estimations de N_e suggèrent l'existence de « très petites » populations issues d'un nombre restreint de géniteurs (inférieur à 20) sur 11 secteurs (tableau 20) :

- Isable à St Polgues (L007)
- Anzon à Noiretable (L024)
- Tavel à St Didier (L027)
- Bonsonnet à Luriecq (L047)
- Arbiche à Chevrières (L059)
- Chagnon à Sall sous Couzan (L082)
- Pierre Brune à St Bonnet (L094)
- Charpasonne à Cottance (L110)
- Loise à Jas (L111)
- Gampille à Firminy (L128)
- Semène à St-Genest (L144)

V.3. Différentiation et structure génétique entre les échantillons

Globalement, on observe une forte différenciation des échantillons avec des valeurs de F_{st} par paire majoritairement élevées. Ainsi beaucoup d'échantillons se différencient fortement de tous les autres échantillons.

Les F_{st} entre les échantillons varient de 0,001 à 0,6704. Les principales informations à retenir sont (tableau 21) :

- L'échantillon amont du Pigne (L095) se différencie très fortement de tous les autres avec des valeurs de F_{st} supérieure à 0,3.
- Treize échantillons se différencient fortement de tous les autres :
 - Ciboulet à Saint-Laurent-Rochefort (L026)
 - Tavel à Saint-Didier-sur-Rochefort (L027)
 - Besbre à Saint-Priest-la-Prugne (L038)
 - Bief Gros Fumé à Sauvain (L080)
 - Chagnon à Palogneux (L081)
 - Morte à Sauvain (L091)
 - Pierre Brune à Sauvain (L092)
 - Pierre brune à Sauvain (L093)
 - Curraize à Lavieu (L112)

- Ruisseau l' Echapre à Firminy (L127)
 - Cotayet à Bard (L150)
 - Ruisseau de Trezaillette à Essertines-en-chatelneuf (L152)
 - Vizezy à Roche (La Farge, aval RD44) (L154)
- Le Bernard à St-Colombe sur Gand (L034) montre peu de différence avec le Lignon à Trelins (L088) et la Curraize à Précieux (L113) mais montre une forte différenciation avec tous les autres échantillons.
 - Les deux échantillons du bassin de la Coise, l'Arbiche (L059) et le Couzon (L060), montrent des valeurs de Fst faibles entre eux mais se différencient de tous les autres échantillons.
 - L'Ondenon à Planfoy (L131) montre une différenciation avec tous les autres échantillons sauf avec l'Ondaine au Chambon-Feugerolles (L130).
 - Les 7 échantillons du bassin de l'Aix, Isable inclus, (L001 à L007) montrent une faible différenciation entre eux.
 - Les 4 échantillons sur le Furan (L067 à L070) sont peu différenciés entre eux.
 - Les 4 échantillons du cours principal du Lignon (L087 à L090) et celui de l'aval de son affluent le Chagnon (L082) forme un ensemble peu différencié avec des valeurs de Fst faibles.
 - Logiquement, les 3 échantillons de la Semène (L142 à L144) sont peu différenciés entre eux.

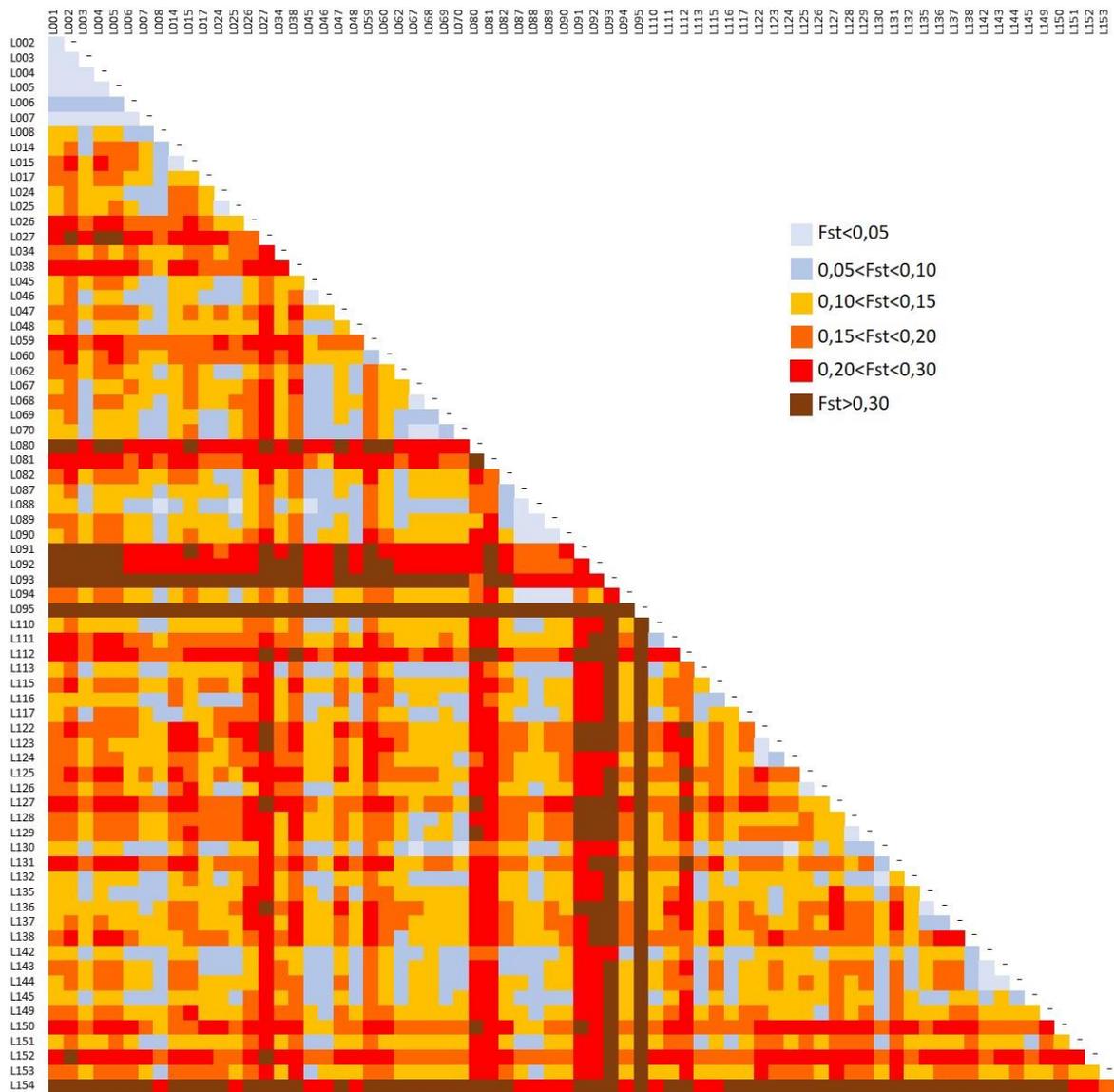


Tableau 21 : Présentation des classes d'indices de différenciation, F_{st} , par paire d'échantillons. En raison du nombre important d'échantillon à comparer, les valeurs n'ont pas été représentées. Un gradient de couleur permet de visualiser les différenciations des plus importantes aux moins importantes.

Les deux structurations génétiques les plus probables suggérées par STRUCTURE sont composées de 3 et 8 clusters.

Pour la structuration en 3 grands clusters, on distingue (figure 26, tableau 22) :

- Le cluster 1 regroupe la majorité des individus de tous les échantillons du bassin de l'Aix, du système Renaison-Tache-Ronchain et d'échantillons géographiquement plus éloignés (Pigne, Andrable et Ance du Nord, Arbiche et Couzon). Un pourcentage non négligeable d'individus (40 à 50%) provenant d'autres échantillons également éloignés se groupe à ce cluster (Bonson, Botoret et Teysonne, Ecolèze, Curraize, Cotayet, Charpasonne, Bernard).
- Le cluster 2 regroupe la majorité des individus des échantillons du Lignon du Forez ainsi que les individus de la Besbre.
- Le cluster 3 est constitué majoritairement par les individus du Furan et de l'Ondaine.

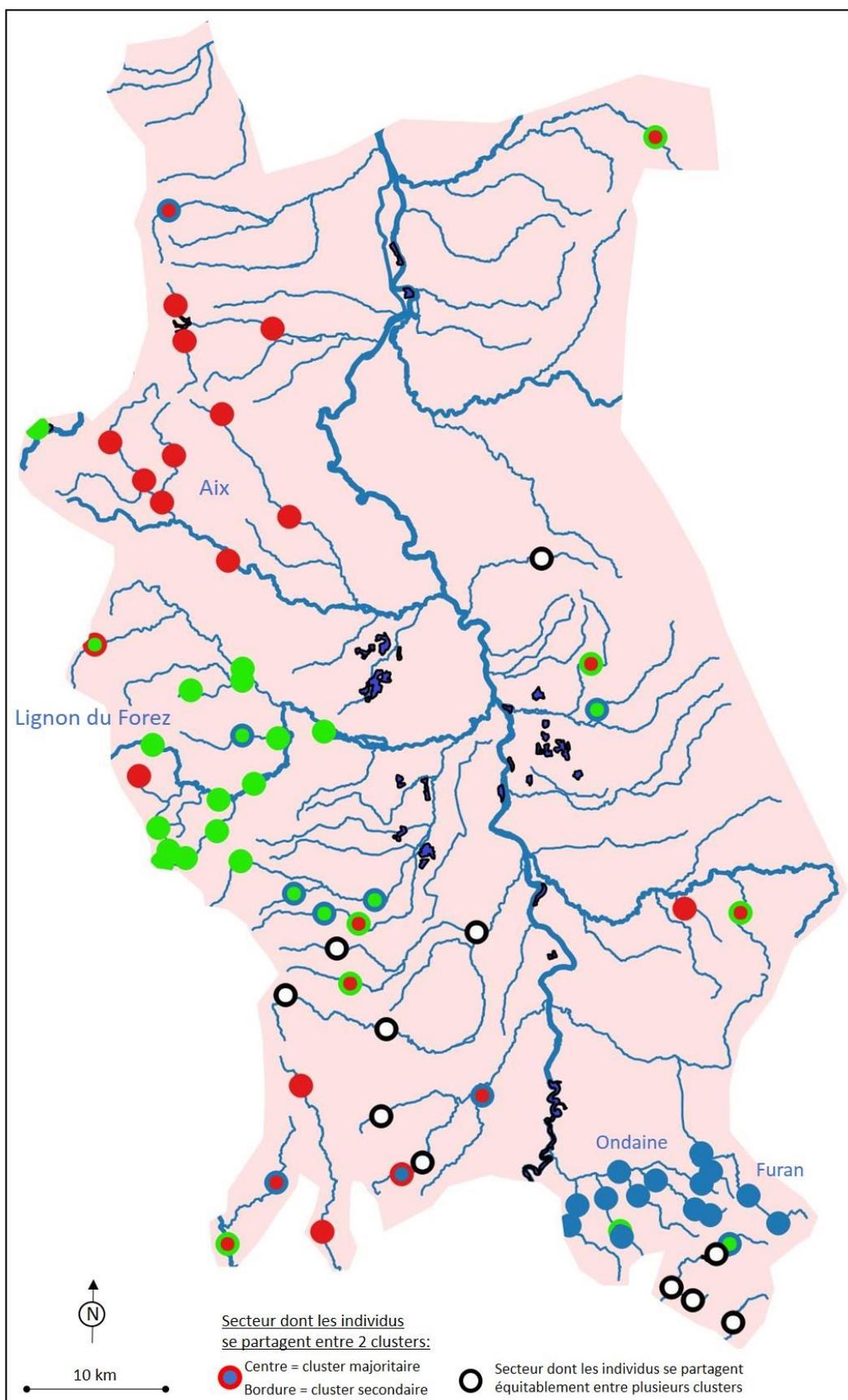


Figure 26 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 3 clusters. Les couleurs correspondent à celle du tableau 19.

La structuration en 8 clusters propose les regroupements suivants (figure 27, tableau 22) :

- Le cluster 1 est formé par la majorité des individus des bassins du Furan et de l'Ondaine exceptés pour les 4 échantillons de l'Ondenon et du Cotatay dont la majorité des individus se regroupent dans le cluster 7. A noter que les individus échantillonnés sur le secteur aval de l'Ondaine au Chambon-feugerolles (L130) se répartissent à 29% dans le cluster 1 et à 38% dans le cluster 7.
- Le cluster 2 regroupe la majorité des individus des 7 échantillons du bassin de l'Aix ainsi que 95% des individus du secteur de Pigne à Chalmazel (L095) situé sur le bassin du Lignon du Forez.
- Le cluster 3 ne montre pas de cohérence géographique et regroupe des individus échantillonnés sur différents bassins éloignés : le Bonson, Loise, l'Arbiche et le Couzon, le Cotayet, le Tavel.
- Le cluster 4 regroupe également des individus échantillonnés sur des secteurs éloignés : Botoret, Teysonne, le système Renaison-Tache-Rouchain et le Bernand.
- Le cluster 5 regroupe en majorité des individus provenant de 6 échantillons situés en amont des bassins du Vizery et de la Mare.
- Le cluster 6 forme un ensemble géographiquement cohérents en regroupant la majorité des individus des échantillons du Lignon du Forez.
- La majorité des individus échantillonnés sur les cours d'eau situés sur le bassin amont de la Loire comme l'Ance du Nord et la Semène se regroupent au sein du cluster 8.

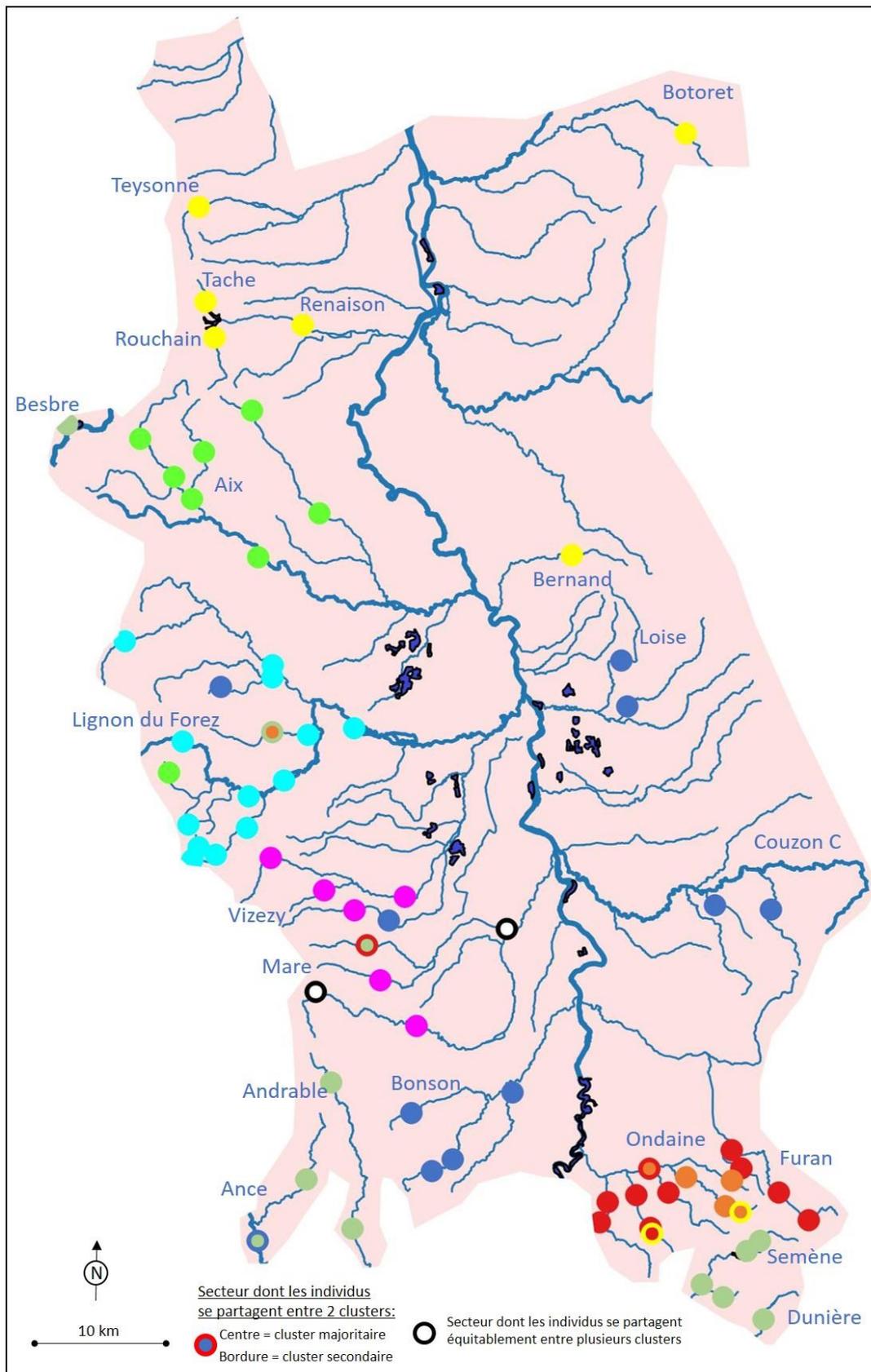


Figure 27 : Localisation géographique des groupes génétiques obtenus par « clustering » avec le logiciel STRUCTURE pour 8 clusters. Les couleurs correspondent à celles du tableau 19.

Echantillon	Effectif	Cluster = 3			Echantillon	Effectif	Cluster = 8								
		1	2	3			1	2	3	4	5	6	7	8	
L095	30	93%	4%	3%	L129	30	93%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	1%
L002	30	91%	5%	4%	L127	30	87%	1%	2%	2%	1%	2%	4%	2%	
L004	13	88%	5%	7%	L128	30	85%	2%	2%	2%	1%	1%	5%	2%	
L005	9	87%	8%	5%	L067	30	83%	1%	1%	1%	3%	2%	6%	1%	
L001	30	85%	9%	6%	L068	29	81%	3%	2%	3%	2%	2%	6%	2%	
L136	29	84%	5%	11%	L070	29	78%	2%	2%	3%	5%	2%	6%	3%	
L007	30	83%	6%	12%	L069	29	63%	2%	2%	3%	2%	3%	2%	23%	
L006	30	83%	8%	10%	L132	30	42%	3%	7%	10%	2%	4%	12%	21%	
L135	30	81%	5%	14%	L125	12	41%	2%	12%	8%	2%	13%	4%	19%	
L059	29	79%	13%	8%	L126	17	37%	2%	8%	28%	5%	9%	8%	3%	
L003	8	77%	5%	18%	L095	30	1%	96%	1%	1%	1%	1%	1%	1%	
L137	30	75%	7%	18%	L004	13	4%	89%	1%	2%	1%	1%	1%	1%	
L015	30	74%	20%	6%	L002	30	1%	88%	2%	4%	1%	2%	1%	2%	
L014	30	72%	19%	9%	L001	30	2%	83%	3%	3%	2%	3%	2%	2%	
L060	29	64%	22%	14%	L005	9	1%	79%	2%	11%	2%	3%	1%	2%	
L017	30	53%	19%	28%	L003	8	13%	67%	2%	4%	8%	2%	3%	2%	
L048	30	51%	22%	27%	L007	30	4%	62%	6%	11%	2%	2%	6%	6%	
L145	30	50%	32%	18%	L006	30	4%	54%	11%	9%	3%	3%	7%	10%	
L112	29	50%	45%	5%	L059	29	1%	1%	92%	2%	1%	1%	1%	1%	
L151	30	49%	32%	20%	L027	30	1%	1%	88%	1%	2%	5%	1%	2%	
L149	30	47%	14%	39%	L060	29	2%	1%	84%	5%	1%	2%	2%	4%	
L008	30	46%	38%	16%	L047	30	9%	3%	77%	3%	2%	1%	2%	3%	
L110	30	44%	39%	17%	L110	30	3%	4%	70%	9%	3%	3%	4%	3%	
L113	25	43%	24%	33%	L111	30	3%	1%	68%	2%	12%	2%	10%	2%	
L034	30	42%	20%	37%	L045	30	9%	4%	56%	6%	6%	5%	7%	8%	
L093	10	3%	95%	3%	L151	30	2%	2%	47%	7%	17%	3%	3%	18%	
L154	30	3%	93%	3%	L048	30	7%	9%	42%	7%	6%	6%	7%	17%	
L091	30	3%	93%	4%	L046	30	17%	2%	39%	6%	5%	4%	18%	9%	
L092	30	5%	91%	5%	L137	30	2%	2%	1%	89%	1%	2%	2%	1%	
L026	30	7%	86%	8%	L135	30	2%	4%	2%	85%	2%	1%	3%	2%	
L080	7	5%	82%	13%	L136	29	4%	7%	2%	81%	1%	1%	2%	3%	
L094	30	15%	81%	4%	L149	30	3%	4%	10%	71%	3%	2%	5%	4%	
L027	30	12%	79%	10%	L034	30	8%	7%	4%	48%	5%	11%	12%	6%	
L090	30	18%	77%	5%	L145	30	6%	6%	10%	46%	7%	9%	3%	14%	
L089	30	17%	77%	6%	L154	30	1%	1%	1%	1%	94%	2%	1%	1%	
L087	30	18%	75%	7%	L150	29	3%	1%	2%	2%	87%	1%	2%	2%	
L025	30	16%	74%	10%	L152	30	12%	1%	1%	1%	82%	2%	1%	1%	
L082	20	13%	69%	18%	L153	30	9%	1%	11%	5%	66%	2%	3%	2%	
L038	30	25%	61%	14%	L112	29	1%	10%	4%	6%	60%	3%	1%	16%	
L088	29	23%	58%	19%	L115	30	4%	2%	3%	19%	56%	4%	7%	6%	
L152	30	4%	54%	42%	L093	10	0%	1%	1%	1%	1%	96%	1%	1%	
L143	10	16%	53%	31%	L091	30	1%	1%	1%	1%	1%	95%	1%	1%	
L024	30	31%	50%	18%	L092	30	1%	1%	1%	1%	5%	87%	2%	2%	
L111	30	14%	50%	36%	L080	7	6%	1%	1%	2%	1%	83%	3%	5%	
L081	10	15%	47%	38%	L090	30	1%	5%	6%	3%	5%	77%	2%	2%	
L153	30	13%	47%	41%	L026	30	2%	2%	10%	2%	1%	76%	3%	5%	
L150	29	19%	41%	41%	L094	30	1%	4%	5%	3%	8%	75%	2%	3%	
L138	30	26%	40%	34%	L089	30	1%	5%	5%	3%	7%	73%	2%	4%	
L142	30	25%	39%	36%	L025	30	3%	4%	6%	7%	3%	67%	2%	7%	
L115	30	36%	37%	27%	L087	30	2%	4%	8%	6%	8%	65%	2%	6%	
L045	30	34%	35%	31%	L082	20	2%	3%	11%	5%	1%	56%	15%	7%	
L129	30	5%	4%	92%	L088	29	11%	8%	11%	6%	3%	45%	5%	13%	
L127	30	5%	5%	90%	L024	30	8%	13%	4%	8%	3%	45%	8%	13%	
L128	30	8%	3%	89%	L131	30	2%	1%	1%	1%	1%	2%	92%	1%	
L067	30	4%	7%	88%	L122	10	3%	1%	1%	5%	1%	1%	87%	2%	
L131	30	5%	8%	87%	L124	30	4%	2%	2%	4%	2%	2%	83%	2%	
L068	29	8%	6%	86%	L123	20	4%	2%	1%	21%	2%	3%	66%	1%	
L070	29	7%	8%	86%	L130	30	29%	2%	4%	9%	2%	3%	39%	12%	
L069	29	11%	11%	79%	L081	10	3%	2%	14%	9%	2%	15%	38%	17%	
L124	30	14%	8%	78%	L138	30	1%	1%	1%	1%	2%	1%	1%	92%	
L122	10	17%	6%	77%	L144	20	3%	1%	1%	1%	2%	2%	5%	83%	
L130	30	15%	9%	76%	L038	30	1%	3%	2%	2%	2%	3%	5%	82%	
L132	30	18%	14%	68%	L143	10	3%	1%	1%	1%	1%	4%	7%	81%	
L123	20	25%	8%	67%	L142	30	6%	2%	4%	3%	2%	2%	4%	76%	
L126	17	16%	19%	65%	L015	30	1%	5%	16%	3%	4%	2%	2%	68%	
L125	12	16%	25%	59%	L014	30	2%	12%	10%	5%	4%	4%	2%	61%	
L046	30	30%	18%	52%	L062	30	10%	2%	5%	4%	15%	5%	4%	56%	
L062	30	20%	33%	48%	L017	30	5%	6%	9%	9%	2%	3%	15%	51%	
L144	20	22%	34%	44%	L008	30	2%	5%	23%	5%	7%	6%	2%	50%	
L047	30	39%	18%	43%	L117	30	19%	6%	11%	2%	12%	9%	6%	35%	
L117	30	31%	30%	39%	L113	25	12%	5%	16%	19%	10%	8%	5%	25%	
L116	30	38%	24%	39%	L116	30	8%	6%	5%	22%	24%	6%	20%	9%	

Tableau 22 : Pourcentage d'individus de chaque échantillon assignés aux 3 et 8 clusters identifiés par le logiciel STRUCTURE. Les couleurs correspondent à celles utilisées dans les figures 26 et 27.

L'arbre neighbor-joining obtenu à partir des distances génétiques permet d'identifier plusieurs groupes génétiques montrant une certaine cohérence avec les 8 clusters proposés par STRUCTURE (figure 28) :

- Les bassins de l'Aix, de la Semène et du Furan forment trois groupes génétiquement distincts et géographiquement cohérents.
- Plusieurs couples d'échantillons situés à proximité l'un de l'autre se regroupent logiquement avec des valeurs de robustesse élevées : sur l'Ondaine (L132 et L130), la Gampille (L128 et L129), l'Echapre (L125 et L126), le Bonson (L045 et L046), L'Ance du Nord (L008 et L017), l'Andrable (L014 et L015), la Curraize (L113 et L117), la Loise (L110 et L111), le Couzon (L059 et L060), la Mare (L112 et L115).
- Quatre échantillons du cours principal du Lignon et de Pierre Brune forment un groupe génétique distinct soutenu par une robustesse de 95%.

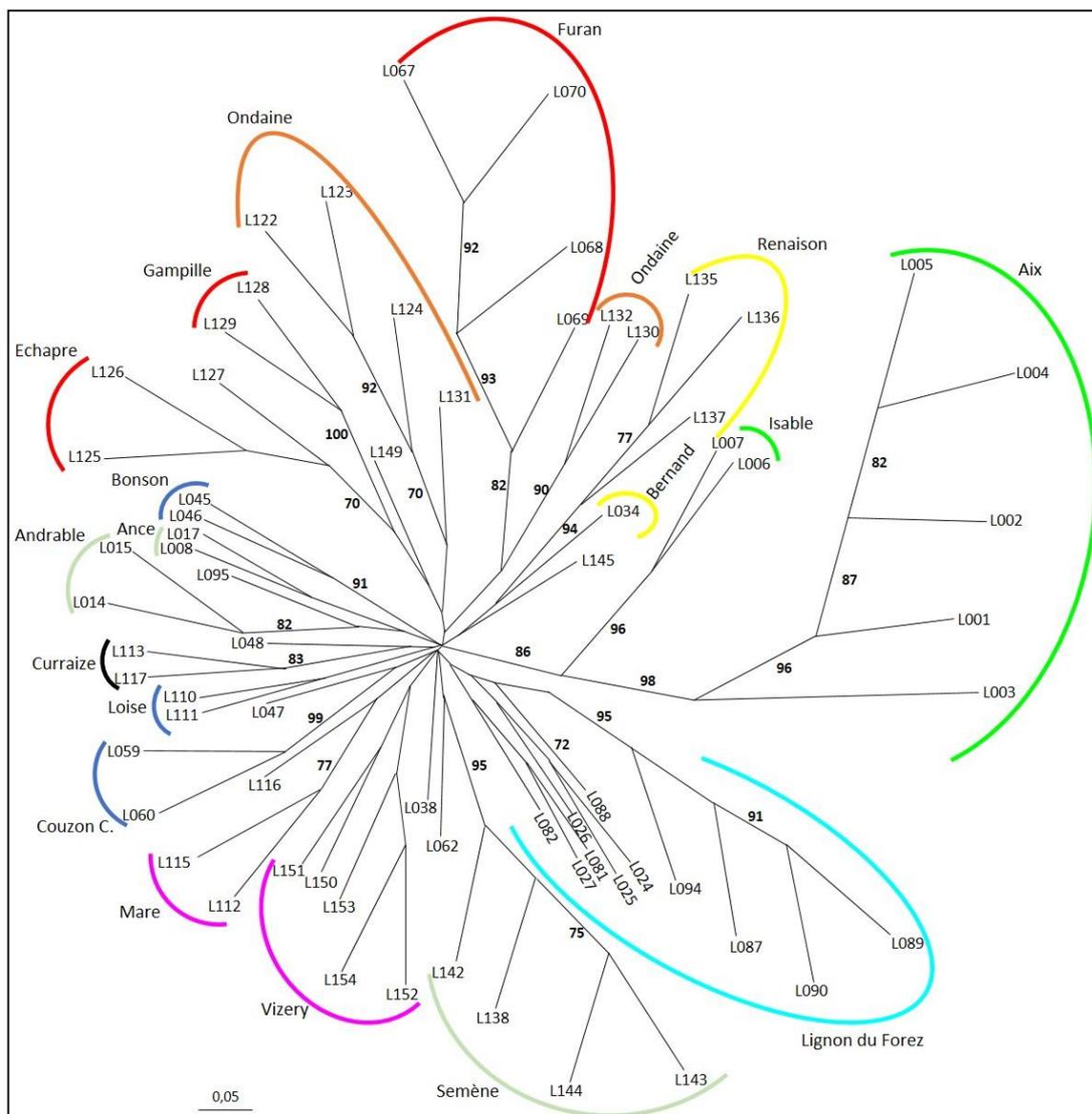


Figure 28 : Arbre (neighbor-joining) obtenu à partir des distances génétiques (D_c). La longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique. Les valeurs à côté des branches indiquent la robustesse (en pourcentage) des regroupements observés. Seuls les valeurs supérieures à 70% (considérées comme suffisamment robustes) sont indiquées. Les couleurs correspondent aux 8 clusters génétiques proposés par STRUCTURE (figure 27, tableau 22).

Références

- Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator v2: re-implementation 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). Arlequin suite ver 3.5: 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.
- 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.
- Page, R. D. M. (1996). TREEVIEW, tree drawing software for Apple Macintosh and Microsoft Windows. *Division of Environmental and Evolutionary Biology, Institute of Biomedical and Life Sciences, University of Glasgow. Glasgow, Scotland, UK.*
- 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

ANNEXE 1

Correspondance des codes stations du département de l'Allier

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

Correspondance des codes stations du département de la Loire

Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
AIX	Aix	AIXAix	Aix à SAINT-MARCEL-D-URFE (La Recule)	L001
AIX	Ban	AIXBan	Ban à St-Just-En-Chevalet (106_Labouré)	L002
AIX	Boën	AIXBoë	Boen à La Tuiliere (Fontdidier)	L003
AIX	Boën	AIXBoë	Boen à Saint-Just-en-Chevalet (Chantelot)	L004
AIX	Boën	AIXBoë	Le Boen à Saint-Just-en-Chevalet (Amont Roc Bonoris)	L005
AIX	Isable	AIXIsa1	Isable à Cherier (Blanchardon_108)	L006
AIX	Isable	AIXIsa2	Isable à Saint-polgues (Amont RD18)	L007
ANCE	Ance	ANCAnc	Ance à Usson-en-Forez (Pontempeyrat_118)	L008
ANCE	Andrable	ANCAnc1	Andrable à la Chapelle-en-lafaye (27_Jamillard)	L014
ANCE	Andrable	ANCAnc2	Andrable à Merle (Cacharat_26)	L015
ANCE	Champdieu	ANCCha	Champdieu à Usson-en-forez (Amont plan d'eau)	L017
ANZON	Anzon	ANZAnz1	Anzon à Noiretable (Rivalsupt_107)	L024
ANZON	Anzon	ANZAnz2	Anzon à Saint-laurent-rochefort (Chez Julien_12)	L025
ANZON	Ciboulet	ANZCib	Ciboulet à Saint-laurent-rochefort (La Curette)	L026
ANZON	Tavel	ANZTav	Tavel à Saint-Didier-sur-Rochefort (Pralois)	L027
BERNAND	Bernand	BERBer	Le Bernard à Saint Colombe sur Gand (Régnny)	L034
BESBRE	Besbre	BESBes	Besbre à Saint-Priest-la-Prugne (Viaduc du Peux)	L038
BONSON	Bonson	BONBon2	Bonson à Saint-Nizier-de-Fornas (Peyrepeyre)	L045
BONSON	Bonson	BONBon1	Bonson à St-Nizier-de-Fornas (Fournier_23)	L046
BONSON	Bonsonnet	BONBst	Bonsonnet à Luriecq (Fougerols_116)	L047
BONSON	Ecolèze	BONEco	L'Ecoleze à Perigneux (Le Foin_117)	L048
COISE	Arbiche	COIArb	Arbiche à Chevières (129)	L059
COISE	Couzon C	COICou	Couzon à Châtelus (128)	L060
DUNIERE	Dunurette	DunDun	Dunieres à St-Regis-du-Coin (Fleury)	L062
FURAN	Furan	FURFur1	Furan à Tarentaise (Pont Souvignet_99)	L067
FURAN	Furan	FURFur3	Furan à Saint-Etienne (Les petites Molières)	L068
FURAN	Furet	FURFrt	Furet à Planfoy (Chez Chataignier)	L069
FURAN	Pas Riot	FurFur2	Barrage du Pas du Riot à Planfoy	L070
LIGNON DU FOREZ	Bief Gros Fumé	LIGJas	Bief Gros Fumé à Sauvain	L080
LIGNON DU FOREZ	Chagnon	LIGCha	Chagnon à Palogneau (Poizat)	L081
LIGNON DU FOREZ	Chagnon	LIGCha	Chagnon à Sail-sous-couzan	L082
LIGNON DU FOREZ	Colleigne	LIGJas	Bief Colleigne à Sauvain (Chassirat)	L083
LIGNON DU FOREZ	Colleigne	LIGJas	Ru - Bief Colleigne à Sauvain (aval partage des eaux)	L084
LIGNON DU FOREZ	Colleigne	LIGJas	Ru de Colleigne à Sauvain (Gour des Aillères)	L085
LIGNON DU FOREZ	Lignon du Forez	LIGLig4	----- Bief Mérizat ----- à Trelins	L086
LIGNON DU FOREZ	Lignon du Forez	LIGLig2	Le Lignon à Sauvain (Pont Neuf_110)	L087
LIGNON DU FOREZ	Lignon du Forez	LIGLig4	Le Lignon à Trelins (14)	L088
LIGNON DU FOREZ	Lignon du Forez	LIGLig3	Lignon à St-Georges-en-C. (Pont du Diable)	L089
LIGNON DU FOREZ	Lignon du Forez	LIGLig1	Lignon de jeansagnière à Jeansagniere	L090
LIGNON DU FOREZ	Morte	LIGMor	Morte à Sauvain	L091
LIGNON DU FOREZ	Pierre Brune	LIGPie1	Pierre Brune à Sauvain (Amont cascade de Chorsin)	L092
LIGNON DU FOREZ	Pierre Brune	LIGJas	Pierre brune à Sauvain (Jasserie de l'Oule)	L093
LIGNON DU FOREZ	Pierre Brune	LIGPie2	Ruisseau de Pierre brune à Saint-bonnet-le-courreau	L094
LIGNON DU FOREZ	Pigne	LIGpig	Pigne à Chalmazel (RD6)	L095
LIGNON DU FOREZ	Planchette	LIGJas	Planchette à Sauvain (Chemin Chassirat)	L096
LOISE	Charpassonne	LOICha	Charpassonne à Cottance (Le Reynard)	L110
LOISIE	Loise	LOILOi	Loise à Jas (Pierre sur Autre)	L111
MARE	Curraize	MARCur1	Curraize à Lavieu (Pinatelle)	L112
MARE	Curraize	MARCur2	Curraize à Précieux (22)	L113
MARE	Curraize	MARCur2	Curraize à Précieux (Les Bichaizons)	L114
MARE	Mare	MARMar2	La Mare à Soleymieux (Molley_113)	L115
MARE	Mare	MARMar1	Mare à Gumieres	L116
MARE	Vidresonne	MARVid	Vidresonne à Verrieres-en-Forez (Drutel)	L117
ONDAINE	Cotatay	ONDCot1	Cotatay à Saint-Genest-Malfaux (Crozet)	L122
ONDAINE	Cotatay	ONDCot1	Cotatay à Saint-Genest-Mfx (Prés Farost_55)	L123
ONDAINE	Cotatay	ONDCot2	Cotatey au Chambon-feugerolles (Tyssotière)	L124
ONDAINE	Echapre	ONDech	Ruisseau l' Echapre à Firminy	L127
ONDAINE	Gampille	ONDGam	Gampille à Firminy (133)	L128
ONDAINE	Ondaine	ONDOnd2	L'Ondaine au Chambon-feugerolles	L130
ONDAINE	Ondenon	ONDOnd1	Ondenon à Planfoy (Guizay)	L131
ONDAINE	Valcherie	ONDVal	Valcherie au Chambon-feugerolles (132)	L132
RENAISON	Renaison	RENRen	Renaison à Renaison (77)	L135
RENAISON	Rouchain	RenRou	Rouchain à Les Noes (Marymbe)	L136
RENAISON	Tâche	RENTâc	Tache à Saint-Rirand (Combegrand)	L137
SEMENE	Maboeuf	SEMMab	Maboeuf à Jonzieux (Scie du Monteil)	L138
SEMENE	Semène	SEMsem2	Semène à Jonzieux (60)	L142
SEMENE	Semène	SEMsem1	Semène à Saint-Genest-Mlfx (134)	L143
SEMENE	Semène	SEMsem1	Semène à St-Genest-Mlfx (Le Sapt)	L144
SORNIN	Botoret	SORBot	Botoret à Belleroche (La Guillarmière_29)	L145
TEYSSONNE	Teyssonne	TEYTey	Teyssonne à St-Bonnet-D-Q (Moulin Pinay_105)	L149
VIZEZY	Cotayet	VIZCot1	Cotayet à Bard (Jambin)	L150
VIZEZY	Cotayet	VIZCot2	Cotayet à Ecotay-l'Olme (La Berne)	L151
VIZEZY	Trézaillette	VIZTré	Ruisseau de Trézaillette à Essertines-en-chatelneuf	L152
VIZEZY	Vizezy	VIZViz2	Le Vizezy à Montbrison	L153
VIZEZY	Vizezy	VIZViz1	Vizezy à Roche (La Farge, aval RD44)	L154

Correspondance des codes stations du département de la Haute-Loire

BASSIN DE L'ALLIER				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Allagnon	Allagnon	ALA1	Grenier Montgnon	A001
Allagnon	Allagnon	ALA2	Pont Rouge	A002
Allagnon	Bave	BAV1	Bousselargues	A003
Allagnon	Sianne	SIA1	Terret	A006
Allagnon	Violette	VIO1	Grenier-Montgnon	A007
Allagnon	Voireuze	VOI1	Moulin du Buchet	A008
Allier	Allier	ALL3	Bge Poutès à aval Monistrol	A009
Allier	Allier	ALL4	Chanteuges ALL4	A010
Allier	Allier	ALL2	Chapeauroux à Alleyras	A011
Allier	Allier	ALL1	Naussac 2 à Chapeauroux	A012
Ance du Sud	Ance du Sud	ANS2	Pont de Pouzas	A018
Ance du Sud	Ance du Sud	ANS1	Verreyrolles	A019
Ance du Sud	Panis	PAN1	Babonnés	A020
Ance du Sud	Virlogeux	VIR1	La Brugère	A021
Arçon	Arçon	ARC1	Le Pradal	A022
Arquejols	Arquejols	ARQ1	La Mouteyre	A023
Arquejols	Arquejols	ARQ2	La Pinède	A024
Auzon	Auzon	AUO1	Auzon	A028
Avesne	Avesne	AVE1	Le Bénéfice	A033
Besque	Besque	BEQ1	Moulin de Martin	A035
Bois d'Arbious	Bois d'Arbious	BOI1	Agnat	A036
Céroux	Céroux	CER1	Moulin Poudrière	A046
Chamalières	Chamalières	CHA1	La Morge	A047
Cronce	Chalons	CHL1	Les Granges	A059
Cronce	Cronce	CRO2	Arlet	A060
Cronce	Cronce	CRO1	Château de la Valette	A061
Desges	Desges	DES3	Chanteuges DES3	A062
Desges	Desges	DES1	La Besseyres-Sainte-Marie	A063
Desges	Desges	DES2	Moulin de Gaud	A064
Desges	Gourgueyre	GOU1	Le Pavillon	A065
Dore	Dorette	DOR2	Bois de Piers	A081
Dore	Dorette	DOR1	La Nautelle	A082
Fioule	Fioule	FIO1	Pont de la Croze	A107
Malaval	Malaval	MAL1	Château d'Agrain	A110
Ramade	Ramade / Peyrusse	PEY1	Croncette	A119
Ribains	Ribains	RIB1	Pont RD40	A120
Ribeyre	Ribeyre	RIE1	Moulin de Milliers	A121
Senouire	Doulon	DOU1	Laval-sur-Doulon	A122
Senouire	Doulon	DOU2	Vals-le-Chastel	A123
Senouire	Lamandie	LAM1	RD.201	A124
Senouire	Lidenne	LID1	Azinières	A125
Senouire	Ribeyrette	RIE1	Ostet	A126
Senouire	Senouire	SEN1	Clersanges	A127
Senouire	Senouire	SEN3	Domeyrat	A128
Senouire	Senouire	SEN2	La Gravière	A129
Seuge	Pontajou	PON1	Pont de la giberges	A130
Seuge	Seuge	SEU1	Longeval	A131
Seuge	Seuge	SEU2	Prades	A132

BASSIN DE LA LOIRE				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Ance du Nord	Ance du Nord	ANC3	Pont de Berard	L011
Ance du Nord	Ance du Nord	ANC2	Usine EDF de Moulas	L012
Ance du Nord	Andrable	AND1	Les Coins	L016
Ance du Nord	Lembron	LEM1	RD.352	L019
Arzon	Arzon	ARZ3	Coutarel	L028
Arzon	Arzon	ARZ2	Moulin Vignal	L029
Arzon	Arzon	ARZ1	Pont de Chaumat	L030
Arzon	Chamalière	CHM1	Pont RD.1	L031
Beaume	Beaume	BEA1	Fatou	L032
Beaume	Besson	BES1	RD.54	L033
Borne	Borne	BOR3	Le Puy	L049
Borne	Borne	BOR2	Saint-Vidal	L050
Borne	Borne Occidentale	BOR1	Moulis	L051
Borne	Borne Orientale	BOO1	Céaux-d'Allègre	L052
Borne	Bourbouilloux	BOU1	Le Monet	L053
Borne	Cereix	CEE1	Cereix	L054
Borne	Dolaizon	DOL1	La Roche	L055
Borne	Dolaizon	DOL2	Vals (Chantilly)	L056
Ceyssoux	Ceyssoux	CEY1	Ceyssoux	L057
Chalons	Breuil	BRE1	Azanières	L058
Courbière	Courbière	COU1	Pont de la Val (RD.42)	L061
Dunière	Dunière	DUN1	Riotord	L063
Dunière	Saint-Julien	JUL1	Limenesse	L064
Foletier	Piat	PIA1	Monistrol-sur-Loire	L065
Fouragettes	Fouragettes	FOU1	Gorges Montagnac	L066
Gagne	Gagne	GAG1	Jucq	L071
Gagne	Gagne	GAG2	Moulin Neuf	L072
Gazeille	Gazeille	GAZ2	La Besseyre	L073
Gazeille	Gazeille	GAZ1	Les Etables	L074
Gazeille	Gazeille	GAZ3	Meymac	L075
Holme	Holme	HOL2	Goudet	L076
Holme	Holme	HOL1	Maison Neuve	L077
Langougnole	Langougnole	LAN1	Lafarre	L078
Lausonne	Lausonne	LAU1	Moulines	L079
Lignon	Auze	AUZ1	Pont du Rochain	L097
Lignon	Dunière	DUN2	Vaubarlet	L098
Lignon	Ligne	LIN1	Moulin	L099
Lignon	Lignon du Velay	LIG2	Costerousse	L100
Lignon	Lignon du Velay	LIG3	L'Olagnier	L101
Lignon	Lignon du Velay	LIG1	Titaud	L102
Lignon	Lignon du Velay	LIG5	Usine de pont de Lignon 1	L103
Lignon	Lignon du Velay	LIG4	Versilhac	L104
Lignon	Lioussel	LIO1	Les Fours	L105
Lignon	Mousse	MOU1	Pont de Chazeaux	L106
Lignon	Siaulme	SIU1	Mas Boyer	L107
Loire	Loire	LOI2	Cussac-sur-Loire	L108
Loire	Loire	LOI1	Vallet	L109
Mazeaux / Lignon	Sérigoule	SER1	Gardalhac	L118
Méjeanne	Méjeanne	MEJ1	Pont Montbel	L119
Méjeanne	Villettes	VIL1	Moulin de la Prat	L120
Nadalès	Nadalès	NAD1	Les Sauvages	L121
Ondaine	Cotonas	COT1	Moulin Canet	L125
Ondaine	Echapre	ECH1	Aube	L126
Ondaine	Gampille	GAM1	Les Onze Ponts	L129
Orcival	Orcival	ORC1	Champetienne	L133
Ramel	Ramel	RAM1	Malataverne	L134
Semène	Rivalière	RIV1	La Fabrique	L139
Semène	Semène	SEM1	Moulin Vial	L140
Semène	Semène	SEM2	Semène	L141
Suisseuse	Roudesse	ROU1	Pont de la Coste	L146
Suisseuse	Suisseuse	SUI1	Amont Bolio	L147
Sumène	Sumène	SUM1	Eynac	L148

Correspondance des codes stations du département du Puy-de-Dôme

BASSIN VERSANT DE L'ALLIER				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Allier	Bave	Bave	Moulin de la Rochette	A004
Allier	Combavière	Comb	Amont Pont D23	A005
Allier	Sardon	Sar	Les Bonnes Filles	A014
Allier	Sardon	Sar	Sans Soucis	A015
Allier	Sault	Sault	TCC	A016
Allier	Affluent Ambène	Amb	Moulin Blanc	A017
Allier	Artière	Art	Botanic	A025
Allier	Artière	Art	Collège Aubière	A026
Allier	Artière	Art	Crouël	A027
Allier	Auzon	Auz	La Roche Blanche	A029
Allier	Auzon	Auz	Le Cendre	A030
Allier	Auzon	Auz	Stade Chanonat	A031
Allier	Auzon	Auz	Step Theix	A032
Allier	Bansat	Ban	Entre Pradeau et Saint Martin	A034
Allier	C Ardes	ARDPEZ	Chapelle Sainte Pezade	A037
Allier	C Ardes (Jassy)	ARDJAS	Jassy	A038
Allier	C Ardes (pt Mazoïre)	ARDMAZ	Pont de Mazoïre	A039
Allier	C Ardes	ARDCHAL	Route de Chalagnat	A040
Allier	C Ardes	ARDAV	Saint Germain Lembron	A041
C Ardes	Rau d'Auzolle	AUZ	La Jaquette	A042
C Ardes	La Vèze	VEZ	Chapelle Ste Pezade	A043
Allier	C Chambon	Cham	Pont de Chadeleuf	A044
Allier	Cé	Cé	Les Menets	A045
Allier	C Vaucoux	VAUCOURC	Amont ourcières	A048
Allier	C Vaucoux	VAUCREG	Pont de la regeasse	A049
Allier	Couze Pavin	PAVISS	Issoire La Plaigne	A050
Allier	Couze Pavin	PavLyns	Lyns	A051
Allier	Couze Pavin	PAVPNK	Parcours No Kill	A052
Allier	Couze Pavin	Pavpnk	Parcours No Kill Chidrac	A053
Allier	Couze Pavin	PAVSER	Pont de Serveix	A054
Allier	Pavin	Pav	Pont Estrade	A055
Allier	Couze Pavin	PAVBIO	Station Bio	A056
Allier	Couze Valbeleix	Valb	Pont Vieux de Valbeleix	A057
Allier	Ru de Malvoissière	MALVOI	Pont D621	A058
Dore	Batifol	BATIFOR	STEP La Forie	A066
Dore	Batifol	BATIVAL	Valcivières	A067
Dore	Carcasse	Car	Le Cros	A068
Dore	Couzon	Cou	Pont de Rossias	A069
Dore	Couzon	Cou	Pont Pierre Blanche	A070
Dore	Credogne	Cre	Abbaye de Montpeyroux	A071
Dore	Credogne	Cre	La Poncette	A072
Dore	Creuzier	Creuz	Moulin de Ligonet	A073
Dore	Cros	Cro	Aval Confluence	A074
Dore	Cros	Cro	Les Suchères	A075
Dore	Dolore	Dol	Novacelle	A076
Dore	Dolore	Dol	Pont La Barthe	A077
Dore	Dore	Dore	Buissonne	A078
Dore	Dore	DOREBALLUT	Chez Ballut	A079
Dore	Dore	Dore	Moulin de Pierre	A080
Dore	Dorson	Dors	Dorson Village	A083
Dore	Dorson	Dors	Le Duc	A084
Dore	Doulon	Doul	Moulin de Courtine	A085
Dore	Durolle	Dur	Bief	A086
Dore	Durolle	Dur	Fin du chemin Aval Pat à Pain	A087
Dore	Durolle	Dur	Pont de Seychalle	A088
Dore	Durolle	Dur	Pont Gare de Celles	A089
Dore	Durolle	Dur	Vernière	A090
Dore	Favatelles	Fav	Amont Moulin Clamont	A091
Dore	Gérize	Gér	La Planche	A092

BASSIN VERSANT DE L'ALLIER SUITE				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Dore	Lagat	Lag	Ribbe Basse	A093
Dore	Mende	Men	Amont Seuil Brugeard	A094
Dore	Mende	Men	Aval Seuil Brugeard	A095
Dore	Miodet	Moi	Stade de Foot St Dier	A096
Dore	Roches	Roc	Intersection D45	A097
Dore	Semaine	Sema	Prat Berger	A098
Dore	Vauziron	Vau	Aval STEP	A100
Dore	Vertolaye	Ver	Aval Fossat	A101
Dore	Vertolaye	Ver	Les Sollelis	A102
Eau mère	Ailloux (Lavancie)	AILLAV	Lavancie	A103
Eau mère	Ailloux (STEP)	AILST	STEP	A104
Allier	Eau Mère	Eaum	Sauxillanges	A105
Allier	Valette	Val	Pont de Biona	A106
Allier	Fredet	Fre	Parc Casino St Nectaire	A108
Allier	Gensat	Gen	Bayle	A109
Allier	Ambène	Amb	Gorges d'Enval	A111
Allier	Ambène	Amb	Mozac CAT	A112
Allier	Bédât	Béd	Blanzat	A113
Allier	Bédât	Béd	Gerzat Autoroute	A114
Allier	Mirabel	Mir	Station MSD	A115
Allier	Morge	Mor	Aval Pont de la Moutade	A116
Allier	Morge	Mor	Moulin Morel (Pont Chez Tata)	A117
Allier	Morge	Mor	Pont Roman	A118
Allier	Besanton	Besa	Confluence du Sioulet	A139
Allier	Besanton	Besa	Pont d'Eyde	A140
Allier	Bouble	Bou	Lavoir Montjoie	A141
Allier	Bouble	Bou	Puyssidoux	A142
Allier	Chalamont	Chal	Pont de Randanne	A143
Allier	Chancelade	Chan	La Hyre	A144
Allier	Coli	Coli	Moulin de la Buchaille	A145
Allier	Coli	Coli	Moulin de l'Etang Grand	A146
Sioule	Fontsalade	FONTSAL	Caserne Rochefort	A147
Sioule	Miouze	MIOU	Aval gare de bourgeade	A148
Allier	Petit Sioulet	Psio	Pont d'Herment	A149
Sioule	Rau de Mazaye	MAZAM	Min de la Vergne	A150
Sioule	Rau de Mazaye	MAZAV	Recalibrage	A151
sioule	Ru de Braynant	RUBRAY	Pont de Braynant 1	A152
Sioule	Ru de Rochefort	RUROCH	Aval Rochefort	A153
Sioulet	Saunade (Pont)	SAUPO	Passerelle de Saunade	A154
Sioulet	Saunade (stade)	SAUST	Stade foot	A155
Sioule	Sioule	SIOURIQ	Chez Rique	A156
Sioule	Sioule	SIOUSIOULOT	Confluence Sioulot	A157
Allier	Sioule	Siou	Montfermy PNK	A158
Sioule	Sioule	SIOUPTBLEU	Pont Bleu	A160
Sioule	Sioule	SIOUBRAY	Pont de Braynant 2	A161
Allier	Sioule	Siou	Pont de Menat	A162
Sioule	Sioule	SIOULMONT	Pont Monteribeyre	A163
Allier	Sioule	Sio	Pont Pontgibaud	A164
Sioule	Sioule	SIOUOLBY	STEP Olby	A165
Allier	Sioulet	Sioulet	Pont du Soulier	A166
Allier	Teissoux	Teis	Moulin de la Quarte	A167
Allier	Teissoux	Teis	Pont de La Ganne	A168
Allier	Viouze	Viouz	Amont Confluence	A169
Allier	Monne	Mon	Pont de Chabannes	A170
Allier	Monne	Mon	Pont Saint Amant Tallende	A171
Allier	Veyre	Vey	Bourasset-Les Martres	A172
Allier	Veyre	Vey	Pont de Passadou	A173
Allier	Veyre	Vey	Reméandrage	A174

BASSIN VERSANT DU CHER				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Cher	Le Cher	Cher	Le Pont	C002
Cher	Mousson	Mou	Fours à Chaux	C004
Cher	La Pampeluze	Pam	Moulin Champauvergne	C005

BASSIN VERSANT DE LA DORDOGNE				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Dordogne	Burande	BURCLOU	Le Cloux	D002
Dordogne	Burande	BURFUST	Pont de la Fuste	D003
Dordogne	Burande	BURVIEUX	Pont Vieux	D004
Dordogne	Burandou	BUROUX	Aulhiat	D005
Dordogne	Chambe (Jambe)	CHAM	Menuiserie	D006
Dordogne	Chauvet	Chau	Grouffaut	D007
Dordogne	Chavanon	Chav	Pont de la Cellette	D008
Dordogne	Clamouze	Cla	Pont de Cisternes	D009
Dordogne	Clidane	Cli	Moulin Lavergne	D010
Dordogne	Dordogne	Dor	STEP Saint Sauves	D011
Dordogne	Sandalouze	SAND	Espinchal	D012
Dordogne	Eau Verte	EauVer	La Taillade	D013
Dordogne	Fontaine Salée	Fonsa	La Morangie	D014
Dordogne	Gagne (le mont)	GAGNMONT	Le Mont (réserve)	D015
Dordogne	Gagne (Ance)	GAGNANC	Montagne d'Ance	D016
Dordogne	Gagne	GAGNSCI	Scierie	D017
Dordogne	Graffaudet	Graff	Pont de Grosleix	D018
Dordogne	Mortagne	Mort	Moulin de Perret	D019
Dordogne	Mortagne	Mort	STEP Tauves	D020
Dordogne	Tarentaine	Tar	Aval Pont Vert	D021
Dordogne	Tarentaine	TARCOV	Moulin de Covy	D022
Dordogne	Tarentaine	TARGIN	Pont de Gines	D023
Dordogne	Trentaine	Tre	Bout du Chemin	D024

BASSIN VERSANT DE LA LOIRE				
Bv	Cours_Eau	Code_Station	Nom_Station	Code_Genet
Ance	Ance du Nord	Ance	Haute Vallée	L009
Ance	Ance du Nord	ANCTHIO	La Thiolière	L010
Ance	Ancette	Ancet	Tronel	L013
Ance	Enfer	Enf	La Rourre - Mascortel	L018
Ance	Ligogne	Lig	Molhac (Chez François)	L020
Ance	Ligogne	Lig	Sous Paillanges	L021
Ance	Ligonne	Lig	Pupanin Bas	L022
Ance	Saillantet	Sai	Pont D139	L023
Dore	Vaissière	Vai	Saint Anthème	L155