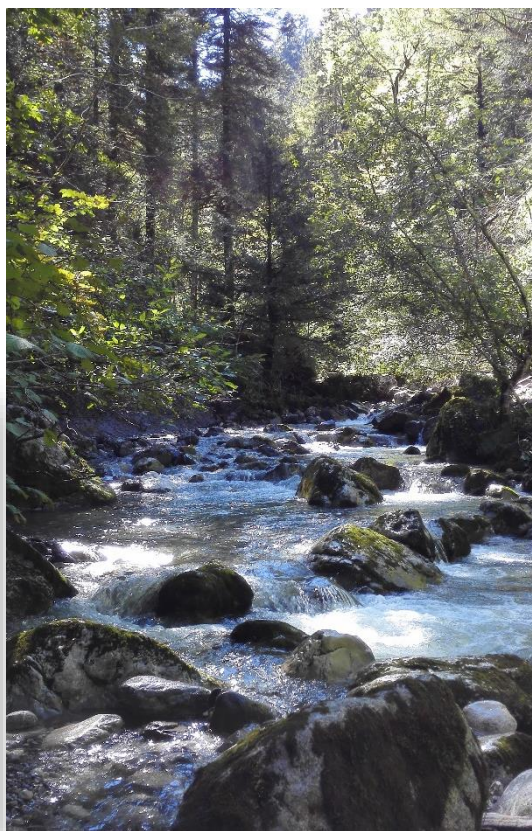


SUIVI SPECIFIQUE DE LA POPULATION DE TRUITE FARIO DE SOUCHE MEDITERRANEENNE DE L'IRE

RAPPORT FINAL



CHASSERIEAU C.

Mars 2020

Rapport FDP74.20/01

Partenaires de l'étude :



Référence à citer :

CHASSERIEAU, C. (2020). Suivi spécifique de la population de truite fario de souche méditerranéenne de l'Ire - Rapport final. Rapport FDP74.20/01, 17 p + annexes.

RESUME

Entre 2002 et 2004, le bilan génétique des populations de truite commune de la Haute-Savoie, a mis en évidence la persistance de 6 souches autochtones distinctes sur son territoire réparties géographiquement en 11 populations. En 2009, une nouvelle population a été identifiée dans l'Ire. Dans le cadre du contrat de bassin Fier et Lac d'Annecy, il est prévu de mieux connaître cette population, c'est-à-dire la borner et la caractériser génétiquement.

Les 21 et 26 septembre 2018, 2,3 km de rivière ont été prospectés pour échantillonner 180 truites dans la combe d'Ire (de la source à Arnand). Après une analyse scalimétrique, 172 individus d'âge supérieur ou égal à 2+ ont été gardés pour caractériser génétiquement la population.

Les individus ont été génotypés par le CNRS (Saint Girons) à partir des 5 marqueurs diagnostiques de type SPNs (Single Nucleotide Polymorphism) des souches atlantique (ATL) et méditerranéenne (MED) à savoir : OMM1164, OMM1105, OMM1154, Str541INRA et Str591INRA.

Les résultats indiquent clairement que la population autochtone se cantonne dans la partie médiane de la combe (introgression entre 22 % et 38 % selon les tronçons). Les 2,5 km à l'amont sont colonisés par une population de souche ATL qui est issue des alevinages effectués avant 1998, date de la mise en réserve intégrale de ses secteurs.

En comparant les résultats individuels de 2009 avec ceux de 2018, on observe aujourd'hui une hybridation plus importante. Ces résultats vont dans le sens d'une perte de potentiel adaptatif qui permet normalement à la truite méditerranéenne d'être bien adaptée aux conditions particulières des torrents de montagne et ainsi de présenter des populations abondantes.

Le suivi démographique, réalisé par la FDAAPPMA 74 dans le cadre de l'observatoire départemental des populations piscicoles, montre que la population de truite de l'Ire se maintient dans un état « moyen » à « perturbé » depuis 2009 au regard du standard départemental. La population est fonctionnelle et équilibrée avec un recrutement naturel satisfaisant et une densité d'adultes interannuelle stable.

Mots clés : génétique, truite autochtone méditerranéenne, SNP, bornage de population, Ire.

SOMMAIRE

| | | |
|----------|---|-----------|
| 1 | INTRODUCTION ET CONTEXTE DE L'ETUDE | 1 |
| 2 | OBJECTIFS..... | 2 |
| 3 | MATERIEL ET METHODES..... | 2 |
| 3.1 | ECHANTILLONNAGE | 2 |
| 3.2 | DEFINITION DE L'AGE DES INDIVIDUS CAPTURES..... | 4 |
| 3.3 | ANALYSES GENETIQUES | 4 |
| 3.4 | ANALYSE DES DONNEES GENETIQUES..... | 5 |
| 3.5 | SUIVI DEMOGRAPHIQUE DE LA POPULATION | 6 |
| 3.5.1 | <i>Définition de l'état des populations de truite par rapport au standard départemental</i> | <i>6</i> |
| 3.5.2 | <i>Analyse de la structure en classe de taille des populations de truite commune</i> | <i>6</i> |
| 4 | RESULTATS DISCUTES | 8 |
| 4.1 | DIVERSITE GENETIQUE..... | 8 |
| 4.1.1 | <i>Taux d'introgression.....</i> | <i>8</i> |
| 4.1.2 | <i>Indice d'hybridation.....</i> | <i>11</i> |
| 4.2 | EVOLUTION DEMOGRAPHIQUE ET STATUT DE LA POPULATION DE TRUITE | 13 |
| 5 | CONCLUSION ET PERSPECTIVES | 16 |
| 6 | BIBLIOGRAPHIE | 17 |
| 7 | ANNEXES | 18 |

TABLE DES FIGURES

| | |
|---|----|
| FIGURE 1 : LOCALISATION DES 12 POPULATIONS AUTOCHTONES DE TRUITE COMMUNE IDENTIFIEES EN HAUTE-SAVOIE | 1 |
| FIGURE 2 : LOCALISATION DES LINEAIRES PROSPECTES, DES POINTS D'ÉCHANTILLONNAGE ET DES ELEMENTS DE FRAGMENTATION DE L'IRE. | 3 |
| FIGURE 3 : HISTOGRAMME DES FREQUENCES DE TAILLE DES TRUITES FARIO ECHANTILLONNEES SUR L'ENSEMBLE DES 6 TRONÇONS DE L'IRE. | 3 |
| FIGURE 4 : AGE DES INDIVIDUS ECHANTILLONNES PAR TRONÇON ET EN FONCTION DE LEUR LONGUEUR TOTALE. | 4 |
| FIGURE 5 : EVOLUTION DU TAUX D'ALLELES ATL ET MED PAR TRONÇON ENTRE 2009 ET 2018. | 9 |
| FIGURE 6 : A) POURCENTAGES DES CLASSES D'AGE PAR TRONÇON POUR LES 2 ANNEES D'ÉCHANTILLONNAGE ; B) INDICE D'HYBRIDATION PAR CLASSE D'AGE POUR LES 3 TRONÇONS (T2, T3, T4) POUR LES 2 ANNEES D'ÉCHANTILLONNAGE. | 9 |
| FIGURE 7 : NOMBRE DE JOURS OU LE DEBIT MOYEN JOURNALIER EST RESTE EN DESSOUS DU DEBIT QUINQUENNAL SEC (< QMNA5) ET NOMBRE DE JOURS DE CRUE BIENNALE, QUINQUENNALE, DECENNALE ET VICENNALE AU COURS DE LA PERIODE 2009 – 2018 (SOURCE : DREAL, STATION V1235210, IRE A DOUSSARD). | 10 |
| FIGURE 8 : BILAN DES TRANSFERTS DE TRUITES FARIO REALISES SUR LE SECTEUR D'ÉTUDE ENTRE 2009 ET 2018 DANS LE CADRE D'OPERATIONS DE SAUVETAGE AVANT DES TRAVAUX EN RIVIERE. | 11 |
| FIGURE 9 : DISTRIBUTION DES INDIVIDUS (≥ 2+) EN CLASSES DE TAUX D'ALLELES ATLANTIQUES PAR TRONÇON ET POUR LES 2 ANNEES D'ÉCHANTILLONNAGE. | 12 |
| FIGURE 10 : VALEURS DE DENSITE (INDIVIDUS/10 ARES, BLEU) ET BIOMASSE (KG/HA, VERT) DE TRUITE FARIO PAR STATION DE SUIVI PISCICOLE. | 14 |
| FIGURE 11 : HISTOGRAMMES DES DENSITES DE TRUITE COMMUNES PAR CLASSES DE TAILLES ET PAR COHORTE POUR LES ANNEES 2009, 2012, 2015 ET 2018 (A GAUCHE) ET COMPARAISON DES EFFECTIFS OBSERVES > 130 MM A LA FREQUENCE MOYENNE STANDARD DEPARTEMENTALE (A DROITE). | 15 |

TABLE DES TABLEAUX

| | |
|--|---|
| TABLEAU 1 : CARACTERISTIQUES DES 5 MARQUEURS DIAGNOSTIQUES SNP UTILISES DANS LE CADRE DE CETTE ETUDE. | 5 |
| TABLEAU 2 : REPARTITION SPATIO-TEMPORELLE DES DONNEES PISCICOLES EXISTANTES DANS LA COMBE D'IRE (SOURCE FDAAPPMA74 (2016) MODIFIE). | 6 |

TABLE DES ANNEXES

| | |
|---|----|
| ANNEXE 1 : CARACTERISATION DES STATIONS ECHANTILLONNEES EN 2009 ET 2018 DANS LA COMBE D'IRE | 18 |
| ANNEXE 2 : DERNIERS REPEULEMENTS CONNUS DANS LA RESERVE INTEGRALE DE LA COMBE D'IRE (CODE NATIONAL : FR2400166) (SOURCE : AAPPMA ANNECY RIVIERES). | 18 |

1 Introduction et contexte de l'étude

La truite commune (*Salmo trutta*) est une espèce piscicole à forts enjeux économique et patrimonial du fait de l'intérêt halieutique qu'elle représente en France et de la diversité morphologique et génétique qu'elle a accumulée au cours de son histoire évolutive.

Cette espèce domine largement les peuplements piscicoles en Haute-Savoie pour être, bien souvent la seule espèce présente.

Entre 2002 et 2004, la Fédération de Haute-Savoie pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique (FDAAPPMA 74), dans le cadre du programme INTERREG IIIA intitulé « Identification, sauvegarde et réhabilitation des populations de truites autochtones en Vallée d'Aoste et en Haute-Savoie », a dressé un bilan génétique des populations de truite commune du département, et mis en évidence la persistance de 6 souches autochtones distinctes sur son territoire (Borne, Chaise, Chéran, Dranses, Fier et Usses) (CAUDRON, 2008), réparties géographiquement en 11 populations. En 2009, une étude complémentaire réalisée sur les affluents du lac d'Annecy, non investigués dans le cadre du programme INTERREG, avait permis d'identifier une 12^{ème} population constituée d'une 7^{ème} souche autochtone distincte (HARRANG *et al.*, 2014). Ces populations sont présentées dans la Figure 1.

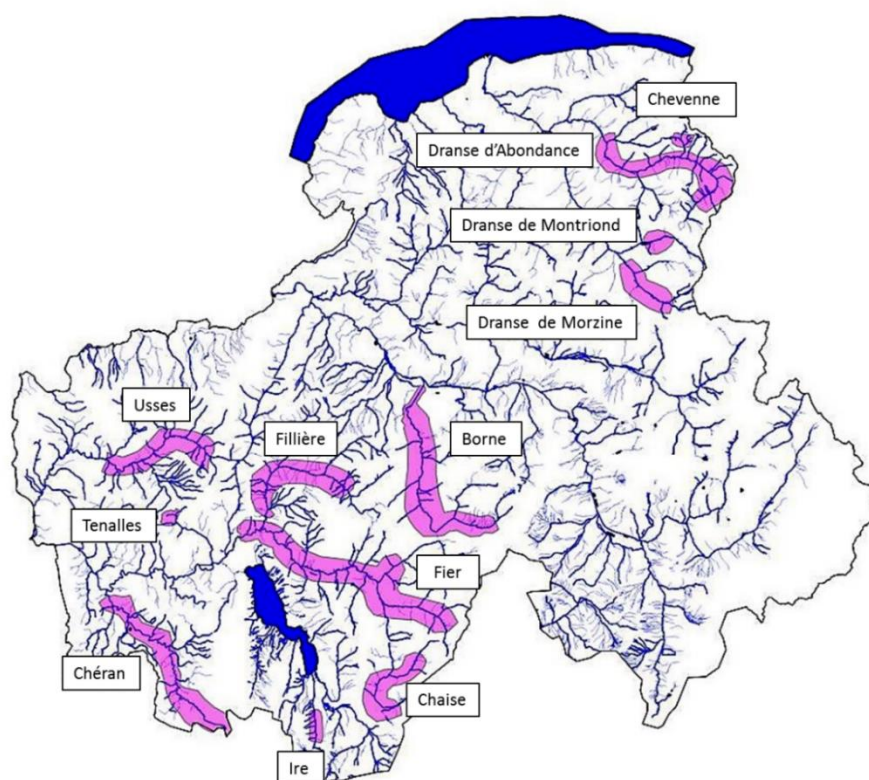


Figure 1: Localisation des 12 populations autochtones de truite commune identifiées en Haute-Savoie

Le contrat de bassin Fier et Lac d'Annecy, signé officiellement le 11 septembre 2017, a la volonté d'améliorer les connaissances sur le milieu aquatique. La fiche action M4-1 (« Améliorer la connaissance et le suivi des peuplements piscicoles et astacicoles ») prévoit entre autre une meilleure connaissance de la population de truite sauvage de l'Ire dans le but de la préserver. Elle constitue un patrimoine biologique remarquable à l'échelle du bassin du lac d'Annecy.

2 Objectifs

L'objectif de cette étude est de mieux connaître la population autochtone de l'Ire pour mieux la gérer. Ainsi, il est prévu de :

- 1) borner la population de truite fario méditerranéenne de l'Ire (précision du linéaire de colonisation)
- 2) définir la diversité génétique de la population (taux d'introgession, indice d'hybridation).

3 Matériel et méthodes

3.1 Echantillonnage

Les 21 et 26 septembre 2018 ont eu lieu les prospections dans l'Ire et échantillonnages des truites fario. Deux équipes de 3 personnes ont participé à ces opérations.

La combe d'Ire d'un linéaire de 10 km a été subdivisée en 6 tronçons de 1.5 km environ. Sur chacun, 30 individus géniteurs (répartis en 3 points de prélèvement ; à savoir 10 individus par point) ont été capturés, mesurés, pesés et prélevés. Les prélèvements ont consisté à :

- un échantillon d'écaillés récupéré dans la zone recommandée par OMBREDANE & RICHARD (1990) pour définir l'âge de chaque individu
- un morceau de nageoire adipeuse conservé dans l'alcool (96 %) en vue des analyses génétiques.

La Figure 2 localise les linéaires prospectés par tronçon (soit au total un cumul de 2.3 km pêchés) ainsi que les points d'échantillonnage. Un certain nombre d'obstacles naturels infranchissables ont également été pointés lors des prospections de terrain. Un complément de ses relevés de fragmentation a été réalisé le 25 juin 2019.

Au total, 180 individus ont été échantillonnés dans une gamme de taille entre 170 mm et 490 mm (Figure 3). L'échantillon se caractérise par une longueur totale moyenne de 230 mm (± 50) et d'un poids moyen de 139.7 g (± 139.8).

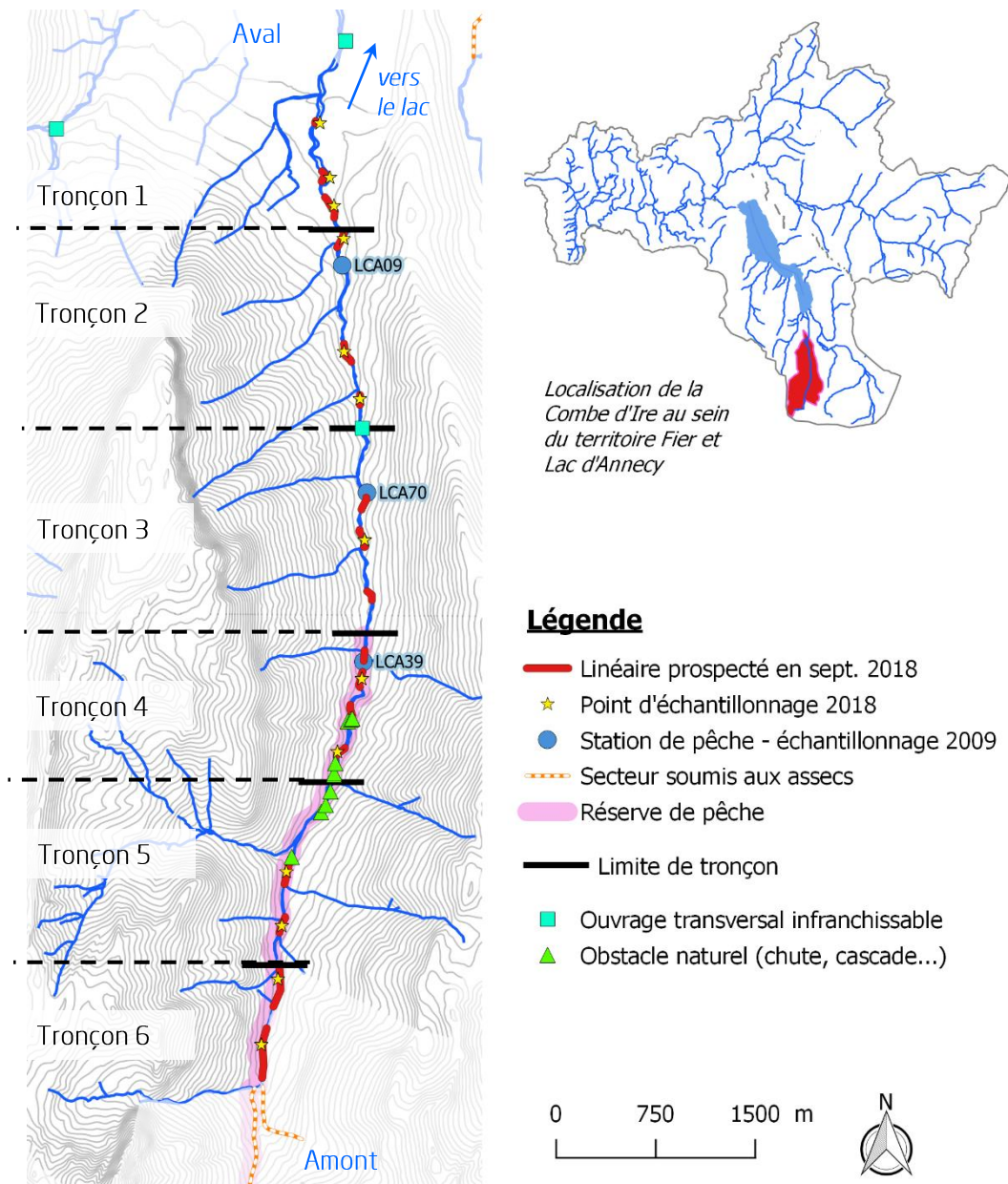


Figure 2 : Localisation des linéaires prospectés, des points d'échantillonnage et des éléments de fragmentation de l'Ire.

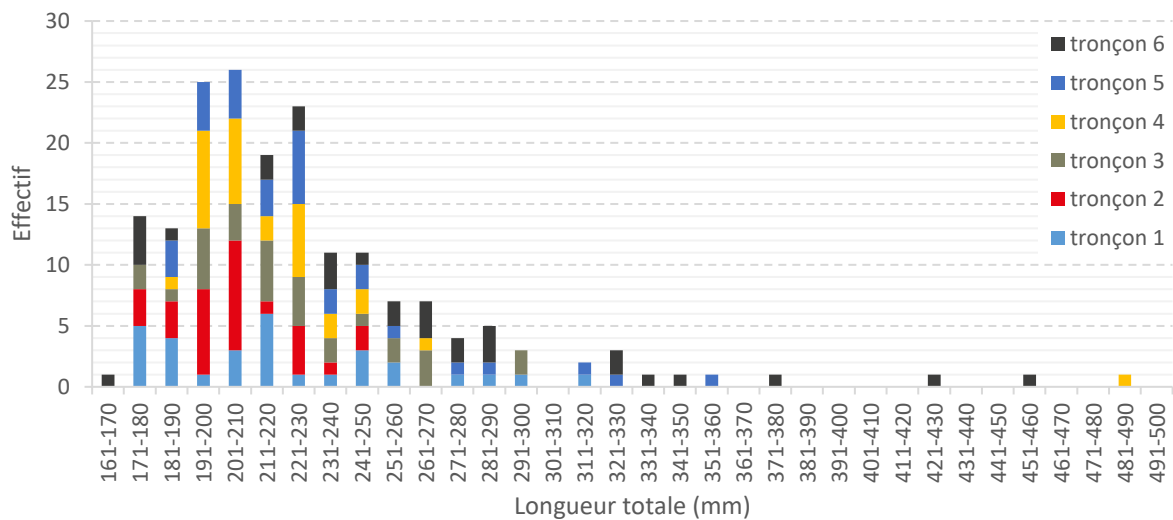


Figure 3 : Histogramme des fréquences de taille des truites fario échantillonnées sur l'ensemble des 6 tronçons de l'Ire.

3.2 Définition de l'âge des individus capturés

Les écailles prélevées dans la zone recommandée par OMBREDANE & RICHARD (1990) sont triées et sélectionnées au laboratoire selon leur « lisibilité ». Elles sont ensuite nettoyées dans une solution de peroxyde de sodium puis rincées avant d'être lues à l'aide d'un lecteur microfiches par deux opérateurs différents. Les avis des deux lectures sont ensuite confrontés et validés lorsqu'elles sont équivalentes. Pour 15 individus, l'âge n'a pu être défini par lecture directe mais par extrapolation des âges d'individus présentant les mêmes caractéristiques biométriques au sein d'un même tronçon.

Les individus échantillonnés ont un âge entre 1+ et 9+ (Figure 4).

Seuls les individus d'âge supérieur ou égal à 2+ sont gardés pour l'analyse. Cette sélection permet d'une part, de pallier à « l'effet fratrie » qui peut intervenir comme un biais potentiel dans l'échantillonnage et d'autre part, d'augmenter la probabilité que les individus analysés aient pu participer au moins une fois à la reproduction et transmettre leur génome. Ainsi 8 individus sont écartés : 2 individus issus du tronçon 1 et 6 individus issus du tronçon 6.

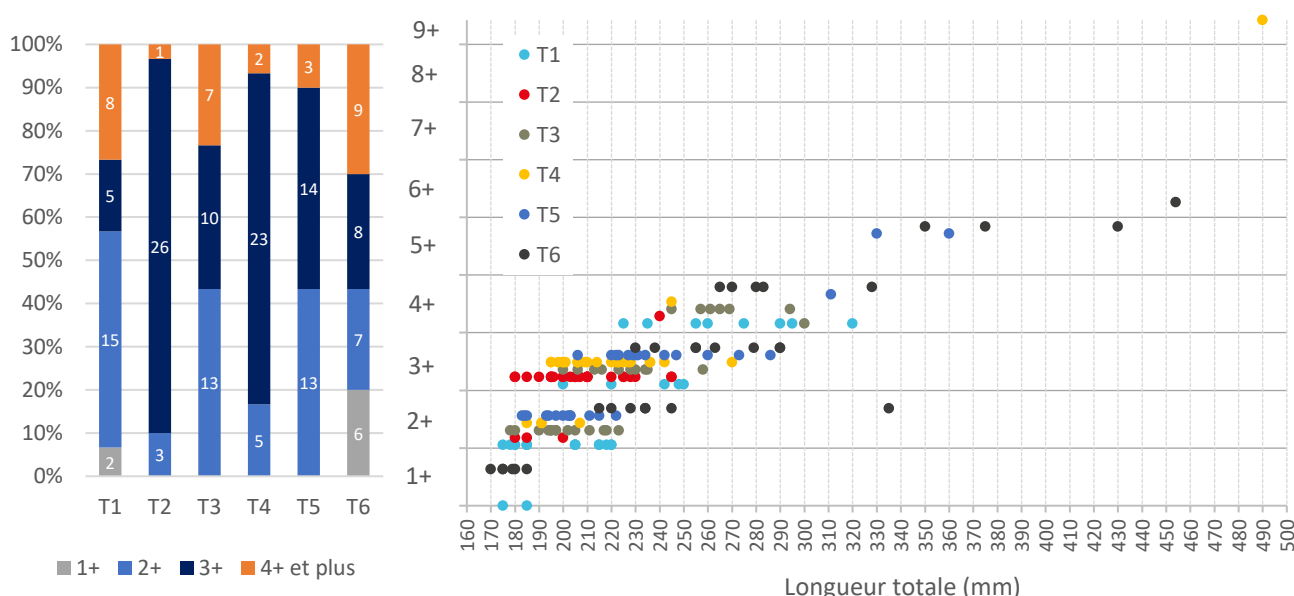


Figure 4 : Age des individus échantillonnés par tronçon et en fonction de leur longueur totale.

3.3 Analyses génétiques

Le caractère autochtone ou non des individus de truite commune prélevés est défini à partir de l'outil génétique. Cette partie de l'étude a été déléguée à l'équipe du CNRS - Laboratoire d'Ecologie Théorique et Expérimentale (SETE) de Saint Giron, sous l'égide du Dr Simon BLANCHET.

La partie technique (extraction, génotypage, lecture des profils) a été réalisée par la société LGC Genomics qui a automatisé une méthode (type Kaspar) permettant le génotypage rapide de centaines de marqueurs moléculaires de type Single Nucleotide Polymorphism (SNPs). Les individus de l'Ire ont été génotypés à partir des 5 marqueurs diagnostiques des souches atlantique (ATL) et méditerranéenne (MED) à savoir : OMM1164, OMM1105, OMM1154, Str541INRA et Str591INRA (Tableau 1).

Tableau 1 : Caractéristiques des 5 marqueurs diagnostiques SNP utilisés dans le cadre de cette étude.

| Marqueur | No Accession GenBank | Séquence des amorces (5' - 3') | Allèle | |
|------------|-------------------------|--|------------|---------------|
| | | | Atlantique | Méditerranéen |
| Str541INRA | | F : GCCAAAAGGAAATTG R : TTTTCTCCCTTGCA | - | T |
| Str591INRA | | F : GCACACAAGCAAG R : TCACACACRCACA | T | C |
| OMM1105 | | F : TGGGATGAGTAGTAT R : ACATCAATATTAGGC | G | T |
| OMM1154 | | F : ATGGAGAGATCTGCG R : CAGGCARTCTGGCAG | G | T |
| OMM1164 | | F : ATATTGAGTTAAAAG R : TAGCAAGATGTAACG | C | A |

3.4 Analyse des données génétiques

Le caractère diagnostique des marqueurs permet de distinguer sans ambiguïté pour chaque marqueur l'origine atlantique (ATL) ou méditerranéenne (MED) des allèles obtenus.

Deux niveaux d'analyses ont été réalisés :

1. l'étude globale du taux d'allèles atlantiques à l'échelle des tronçons. Le taux d'allèles ATL a été estimé pour chaque tronçon en divisant le nombre d'allèles ATL de tous les individus pour tous les marqueurs, par le nombre total d'allèles de tous les individus pour tous les marqueurs.
2. l'étude au niveau individuel de la répartition des différents génotypes au sein de chaque tronçon. Chaque individu a été caractérisé par un indice d'hybridation allant de 0 à 10 en fonction du nombre d'allèles ATL observés. Un indice de 0 correspond à un individu totalement MED pour les 5 marqueurs étudiés et un indice de 10 à un individu totalement ATL.

Une confrontation des données de 2018 avec celles de 2009 a été possible pour les tronçons 2 à 4 puisqu'elles relevaient du même niveau d'information. L'**Annexe 1** récapitule les données utilisées par station.

Pour tester les éventuelles différences dans les distributions des génotypes individuels en classes de taux d'allèles atlantiques (indice d'hybridation) par tronçon et par classe d'âge, le test exact de Fischer (effectif faible) ou test d'indépendance (G^2 de Wilk) ont été utilisés. Ces analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel XLSTAT (ADDINSOFT, 2020).

3.5 Suivi démographique de la population

En complément du statut génétique de la population de truite de l'Ire, une analyse de l'évolution démographique de la population est possible grâce à l'observatoire départemental des populations piscicoles mis en œuvre par la fédération.

Des pêches électriques d'inventaire par enlèvement successifs (DE LURY, 1951) ont été réalisées presque chaque année entre 2009 et 2018 (Tableau 2). Deux passages minimum ont été effectués et la condition de validité de SEBER-LECREN (1967) a été vérifiée pour chaque pêche.

Ces inventaires sont réalisés en fin d'été – début d'automne de manière à ce que les alevins de l'année aient acquis une taille suffisante pour être capturés, pour intégrer la mortalité estivale potentielle sur cette classe d'âge sensible à la Maladie Rénale Proliférative (MRP) et obtenir une valeur proche de la réalité sur l'efficacité du recrutement de l'année.

Les résultats des inventaires sont analysés sur le plan quantitatif (estimation des densités et biomasses selon CARLE & STRUB (1978). Dans la combe d'Ire, deux espèces sont présentes, la truite fario et le chabot.

Tableau 2 : Répartition spatio-temporelle des données piscicoles existantes dans la combe d'Ire (source FDAAPPMA74 (2016) modifié).

| | Données quantitatives par périodes du cycle de vie annuel | | | | | Autres données non quantitatives | | | | |
|----------------------------|---|------|------|------|------|----------------------------------|------|------|------|------|
| | 2009 | 2010 | 2011 | 2012 | 2013 | 2014 | 2015 | 2016 | 2017 | 2018 |
| Martinet | P3 | | | | | | | | | |
| Le Désertet | P3 | | | P4 | P4 | | P4 | P4 | P4 | P4 |
| Amont scierie de Chevaline | P3 | | | | | | | | | |

3.5.1 Définition de l'état des populations de truite par rapport au standard départemental

Les densités et biomasses estimées selon CARLE & STRUB (1978) sont mises en relation avec le standard départemental défini dans le Plan Départemental pour la Protection du milieu aquatique et la Gestion des ressources piscicoles (PDPG) afin de définir un statut à la population : conforme / moyen / perturbé / dégradé (FDAAPPMA 74, 2016).

Ce standard départemental des abondances en truite commune a été établi pour décrire l'état des populations de truite commune au travers des abondances relevées, en l'absence de données quantitatives anciennes pouvant servir à établir une référence et dans un souci de ne pas comparer les abondances actuelles à une référence purement empirique. Ce standard a été défini à partir de 151 données d'inventaires issues de la base de données fédérale, qui ont été sélectionnées pour être statistiquement comparables ; c'est-à-dire satisfaisant la condition de SEBER-LECREN (1967), validées statistiquement par l'estimateur de CARLE & STRUB (1978) et ne caractérisant qu'une seule station (le meilleur résultat en termes d'abondance ayant été conservé lorsqu'une station était caractérisée par plusieurs résultats d'inventaire).

3.5.2 Analyse de la structure en classe de taille des populations de truite commune

La structure de la population de truite est étudiée par l'intermédiaire de l'histogramme fréquence / taille. Les cohortes déficitaires peuvent être un indice précieux dans la précision de certains mécanismes de perturbations.

Une comparaison est faite des fréquences de tailles relatives des populations échantillonnées à une fréquence moyenne standard établie sur le territoire de la Haute-Savoie sur la base de 209 résultats de pêches d'inventaires entre 1995 et 2006 sur 154 stations d'études réparties sur l'ensemble du département. Cette méthode comparative est intéressante à utiliser en complément des traitements précédents car elle permet de visualiser l'état de la structure de la population par rapport à une référence sur une zone d'étude préalablement définie. Cette méthode d'analyse exclue les individus juvéniles (< 130 mm) qui sont soumis à de trop fortes variations interannuelles.

Elle permet de mettre en évidence certains déséquilibres d'ordre naturel (déficit de recrutement, mortalités...) ou liés à gestion halieutique (sur ou sous exploitation par la pêche) (CAUDRON & CATINAUD, 2008).

4 Résultats discutés

4.1 Diversité génétique

4.1.1 Taux d'introgression

Le taux d'introgression (pourcentage de taux d'allèles ATL) décrit à l'échelle du tronçon le caractère plus ou moins autochtone des individus de truite fario du tronçon. La comparaison avec les données de 2009 permet d'appréhender l'évolution génétique du secteur échantillonné sur une période de 9 ans.

Les résultats de 2018 indiquent clairement que les tronçons 5 et 6 jusqu'alors inconnus, accueillent une population de truites atlantiques (taux d'allèles ATL > 96 %) (Figure 5). Ces tronçons sont accidentés (pente entre 9 % et 11 %) et situés dans la réserve de pêche. Les derniers déversements de poissons dans la réserve datent de 1998 (avant la création de la réserve intégrale (FR2400166) le 10 décembre 1998) et étaient de souche atlantique (pisciculture Chauvey) (voir historique des repeuplements en **Annexe 2**). Les truites de ces secteurs sont les descendantes des poissons historiquement introduits il y a 20 années. On remarque la présence d'un petit pool d'allèles méditerranéens qui peuvent provenir soit d'individus méditerranéens présents sur ces secteurs avant les alevinages, soit des alevins introduits (entre 1994 et 1995) et issus des croisements entre géniteurs domestiques et géniteurs sauvages (issus vraisemblablement du bassin du Fier, bassin qui accueille aussi une population méditerranéenne).

Le taux d'introgression 2018 des tronçons 1 à 4 varie entre 22 % et 38 %.

On observe que les taux d'introgression des tronçons 1 et 3 sont du même ordre de grandeur (respectivement 36 % et 38 %) tout comme ceux des tronçons 2 et 4 (respectivement 22 % et 27 %). Cette répartition ne suit pas un gradient logique du flux d'allèles atlantiques. En effet, la population méditerranéenne de la combe de l'Ire est encadrée par des populations de truites atlantiques à l'amont (Figure 5) et à l'aval (HARRANG *et al.*, 2014). Logiquement les tronçons 1 et 4 devraient être les plus introgressés. Plusieurs aspects et hypothèses peuvent expliquer ces résultats :

1. La présence de quelques individus fortement hybridés (indice d'hybridation entre 8 et 10) issus directement des secteurs amont (T5 et T6) ou aval (zone aux remontées des géniteurs de truite de lac en aval d'Arnand) ou de leur descendance explique 3 % (T1) à 5 % (T3) du taux d'introgression observé en 2018.
2. Un biais potentiel d'échantillonnage
 - d'une part, car l'échantillonnage 2009 a été opéré sur des stations d'inventaire, c'est-à-dire sur des linéaires limités entre 93 m et 117 m, alors que l'échantillonnage 2018 a été effectué en sondage sur des linéaires plus étendus (entre 285 m et 683 m). Cette dernière méthode se veut plus représentative du tronçon et limite les possibilités de prélever des individus d'une même fratrie,
 - et d'autre part, car la répartition en classes d'âge n'est pas homogène entre ces 4 tronçons en 2018. En effet, la Figure 6 met en évidence que les individus échantillonnés en 2018 dans les tronçons 1 et 3 sont respectivement pour 54 % et 43 % des individus de 2+, alors que cette classe d'âge ne représente que 10 % et 17 % dans les échantillons des tronçons 2 et 4. Cependant au regard de l'indice d'hybridation 2018 de l'ensemble des individus de ces tronçons, il ne semble pas y avoir de différence significative dans la répartition sur le gradient de l'indice d'hybridation entre les individus des différentes classes d'âge (Fisher, $P > 0.05$)

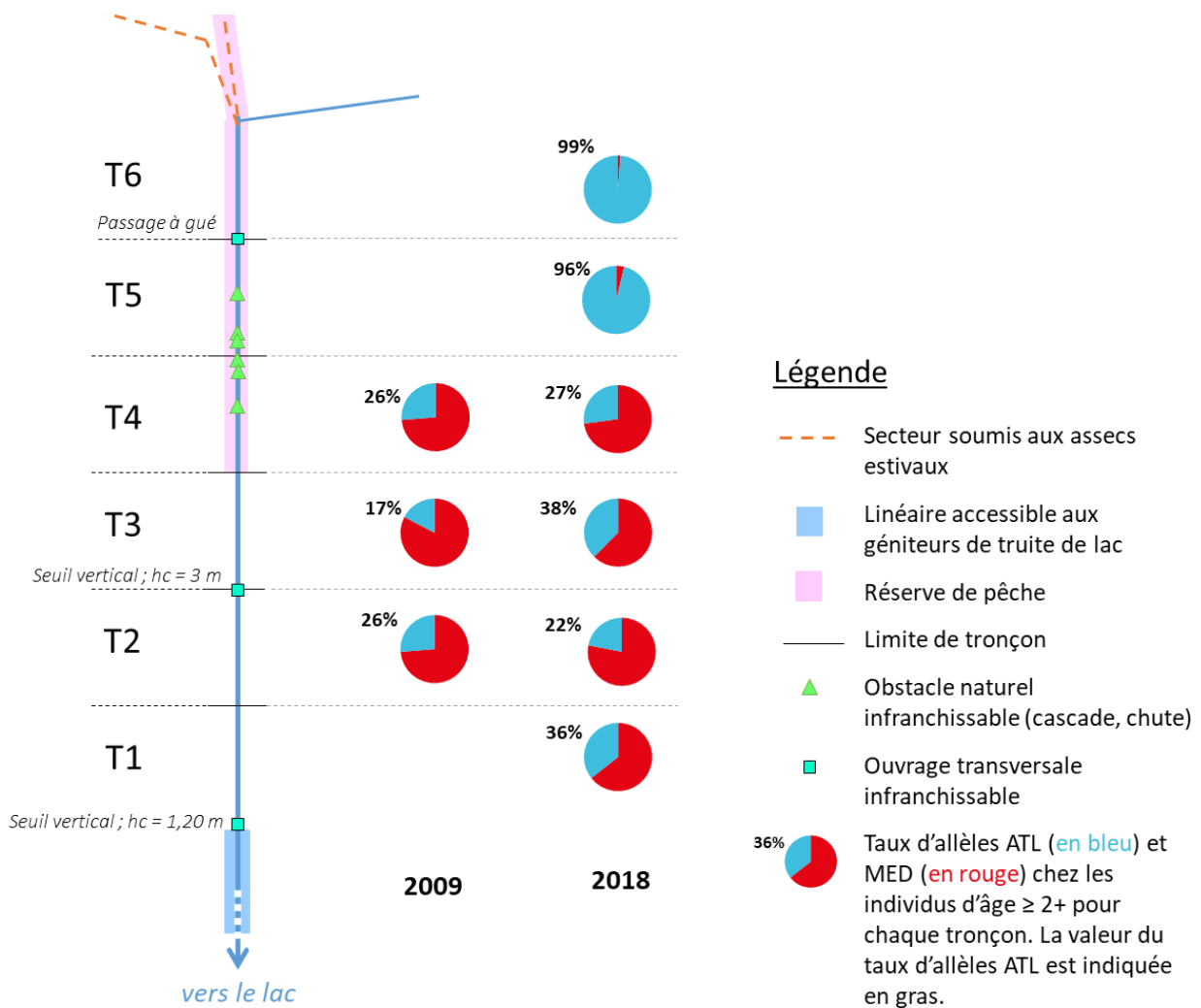


Figure 5 : Evolution du taux d'allèles ATL et MED par tronçon entre 2009 et 2018.

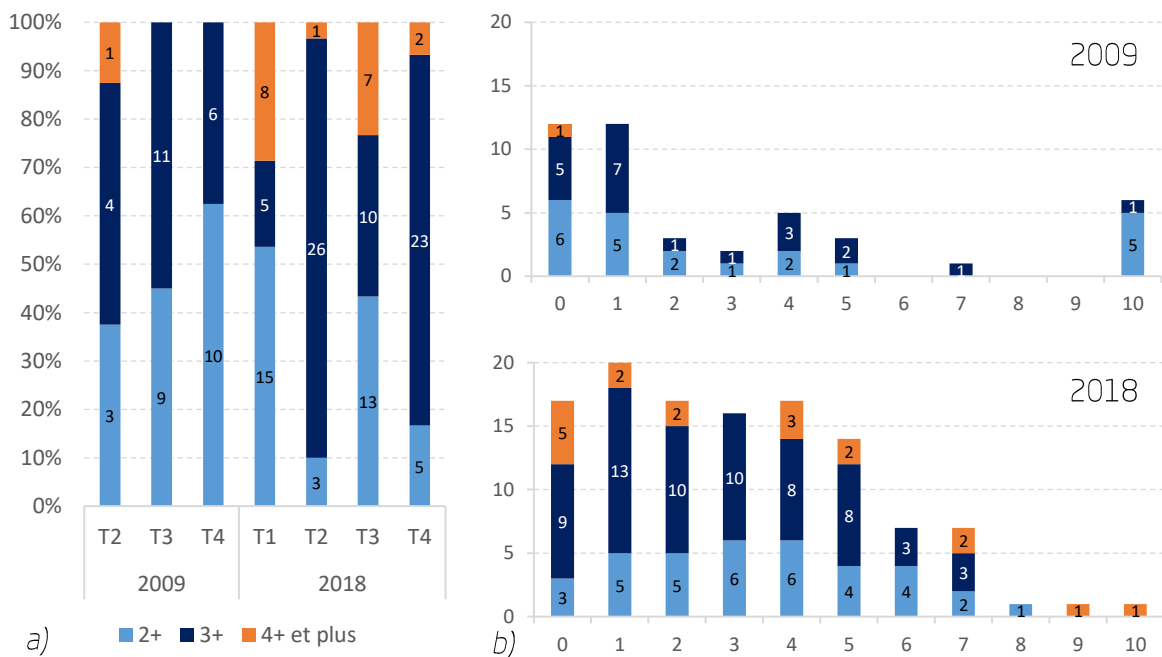


Figure 6 : a) Pourcentages des classes d'âge par tronçon pour les 2 années d'échantillonnage; b) Indice d'hybridation par classe d'âge pour les 3 tronçons (T2, T3, T4) pour les 2 années d'échantillonnage.

3. Les conditions hydrologiques extrêmes entre 2015 et 2018, à savoir 2 crues vicennales et une crue décennale (Figure 7), ont pu répartir les individus de manière stochastique. En effet, le sommet de l'Ire (tronçons 4 à 6) est très accidenté avec plusieurs chutes naturelles (voir Figure 2) et secteurs de glissements de terrain. Cette partie de l'Ire est assez encastrée et peu de zones de repos sont présentes. Le tronçon 3 juste en aval est quant à lui plus ouvert et moins pentu. Il offre davantage de zones « calmes ».

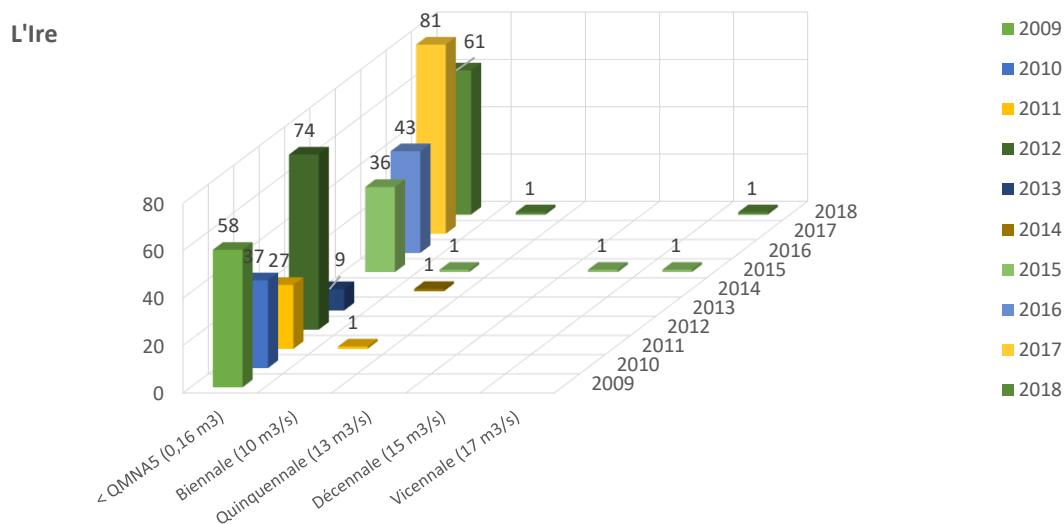


Figure 7 : Nombre de jours où le débit moyen journalier est resté en dessous du débit quinquennal sec (< QMNA5) et nombre de jours de crue biennale, quinquennale, décennale et vicennale au cours de la période 2009–2018 (source : DREAL, station V1235210, Ire à Doussard).

Concernant le tronçon 1, le taux d'introggression de 36 % s'explique en partie par l'introduction entre 2009 et 2018 de poissons ATL issus de la zone aval. Ces introductions sont :

- naturelles : le seuil d'Araguin (ROE44243) considéré comme infranchissable à l'aval du tronçon 1 a pu être franchi dans des conditions hydrologiques particulières,
- artificielles : des déplacements de poissons mis en œuvre lors d'opérations de sauvetage avant des travaux en rivière dans l'Ire ont tous été réalisés à destination du tronçon 1 (Figure 8). Le transfert le plus important est enregistré en octobre 2009 et concerne 169 poissons issus de la zone soumise aux remontées des géniteurs de truite de lac qui ont un génotype ATL.

Concernant les tronçons 2 et 4, la comparaison des données 2018 avec celles de 2009 indique qu'il n'y a pas ou peu d'évolution du profil génétique de ces deux secteurs en l'espace de 9 ans (taux d'introggression proche de 25 %).

A l'inverse le tronçon 3 qui accueillait le cœur de la population de truites méditerranéennes en 2009 affiche en 2018 un taux d'introggression de 38 %, soit plus de 2 fois supérieur à celui de 2009. Cette évolution ne suit pas la tendance générale et son explication ne peut se faire que sous forme d'hypothèses citées précédemment.

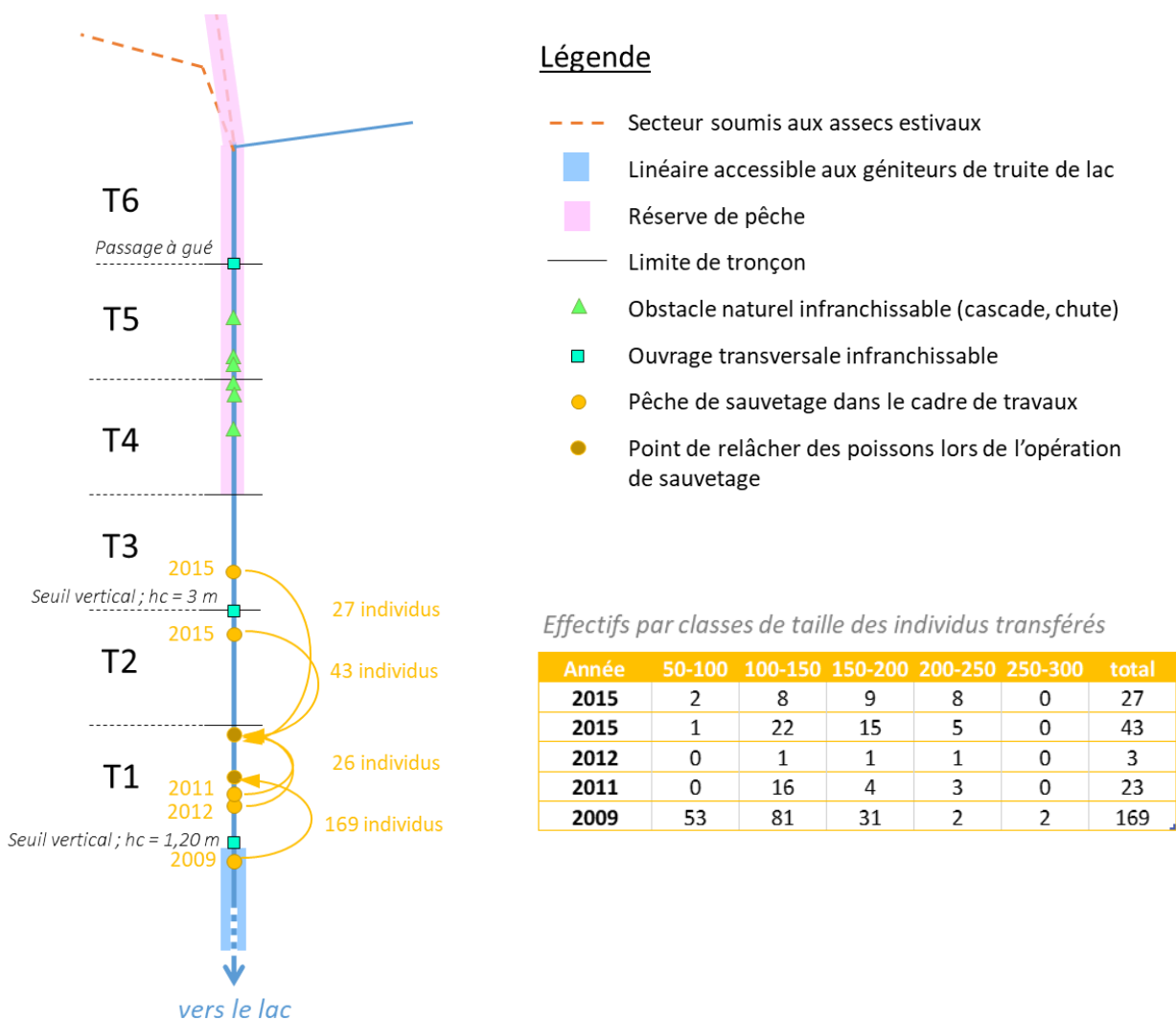


Figure 8 : Bilan des transferts de truites fario réalisés sur le secteur d'étude entre 2009 et 2018 dans le cadre d'opérations de sauvetage avant des travaux en rivière.

4.1.2 Indice d'hybridation

La Figure 9 décrit la distribution des géotypes individuels en classes de taux d'allèles atlantiques (indice d'hybridation) pour chaque tronçon et pour les deux années d'échantillonnage.

En 2018, les individus des tronçons 1 à 4 se répartissent majoritairement (entre 86 % et 97 %) dans les classes de 0 à 6, c'est-à-dire où le taux d'allèles ATL est minoritaire. On observe comme précédemment des ressemblances entre les tronçons 1 et 3 et entre les tronçons 2 et 4. Leurs distributions sont sensiblement proches avec les classes 3 et 4 majoritaires pour les tronçons 1 et 3 et la classe 1 majoritaire pour les tronçons 2 et 4. Malgré ces similitudes par paire de tronçons, les distributions du taux d'hybridation pour ces 4 tronçons ne sont pas significativement différentes (Fisher, $P > 0.05$).

En revanche on observe des distributions significativement différentes pour les tronçons 5 et 6 par rapport aux 4 tronçons en aval (Wilk, $P < 0.01$). En effet, 90 % à 100 % des individus de ces 2 tronçons amont se répartissent dans les classes 8 à 10, soit celles qui présentent une majorité d'allèles

ATL. De plus, il existe une différence significative entre la distribution en classe d'hybridation du tronçon 5 et celle du tronçon 6 (Fisher, $P < 0.05$). Elle s'explique par la présence d'individus moins hybridés (classes 2 et 4) dans le tronçon 5 et par une forte représentation de la classe 8 (37 % dans le tronçon 5 contre 8 % dans le tronçon 6).

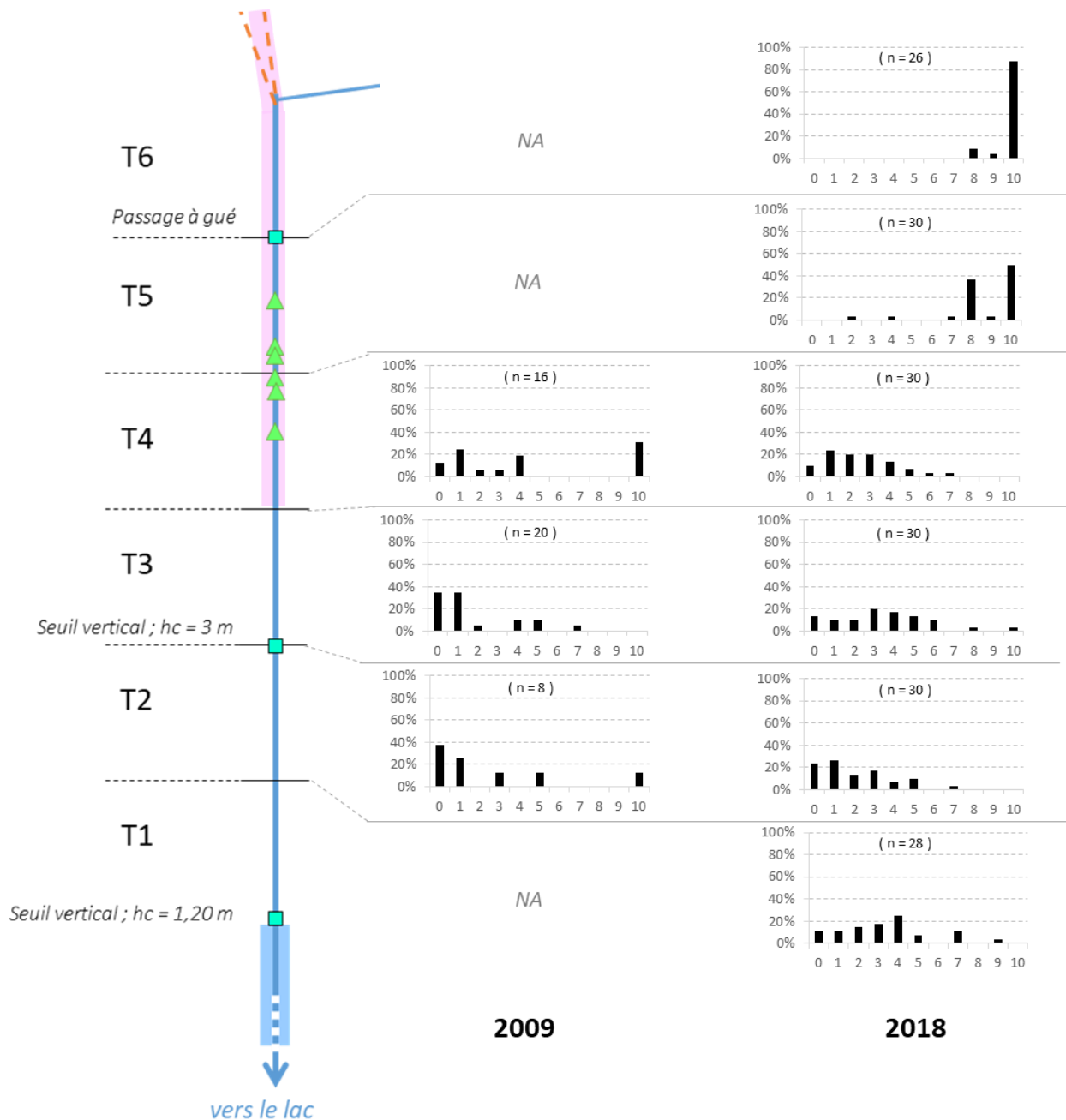


Figure 9: Distribution des individus ($\geq 2+$) en classes de taux d'allèles atlantiques par tronçon et pour les 2 années d'échantillonnage.

Les distributions des géotypes individuels 2009 et 2018 en classe de taux d'allèles ATL semblent montrer une variabilité apparente pour les 3 tronçons concernés (Figure 9). Cependant cette différence de distribution est significative uniquement pour les tronçons 3 et 4 (Wilk, $P < 0.05$). En effet, en 2009 on observait dans le tronçon 3, 70 % des individus appartenant aux classes 0 et 1 contre 23 % en 2018. Pour le tronçon 4, en 2009 presque 1/3 des individus appartenaient à la classe 10 (soit 100 % des allèles ATL pour les 5 marqueurs analysés) alors qu'en 2018 aucun individu au-delà de la classe 7 n'est observé.

Le bilan génétique 2018 a permis de confirmer la présence d'une population atlantique au sommet de l'Ire. Cette population entraîne un flux d'allèles ATL vers la zone médiane qui accueille la population méditerranéenne. L'aire de répartition de la souche autochtone est considérée comme étant le cœur de la combe d'Ire, c'est-à-dire entre les chutes naturelles en amont de « le Martinet » et Chevaline. L'analyse de l'indice d'hybridation met en évidence une homogénéisation des génotypes individuels des truites dans les tronçons 2 à 4 en comparaison à 2009.

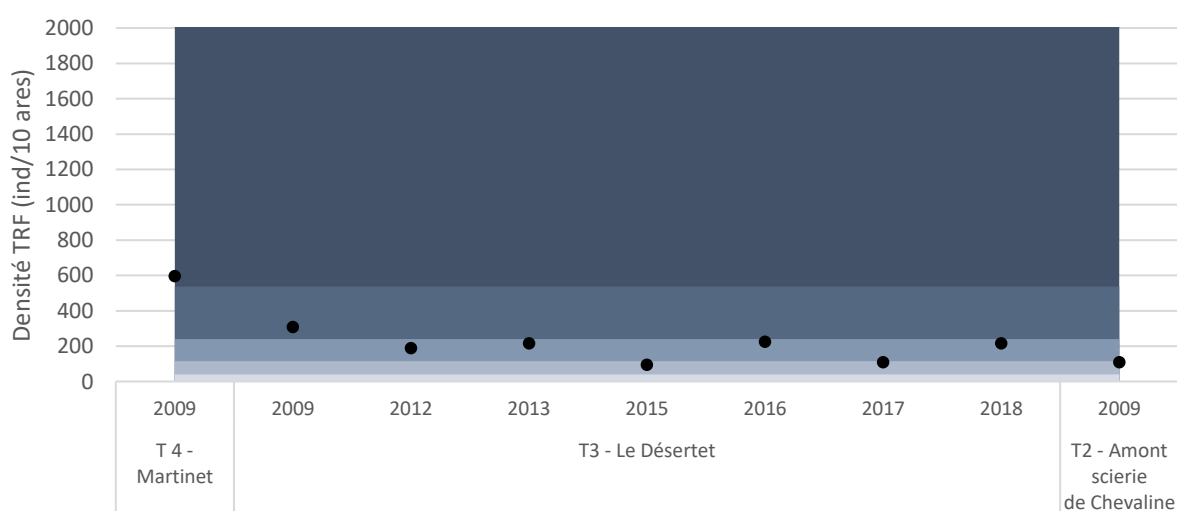
4.2 Evolution démographique et statut de la population de truite

Les résultats génétiques montrent une hybridation marquée de la population de truites méditerranéennes de l'Ire. En comparant les résultats individuels de 2009 avec ceux de 2018, on observe aujourd'hui une hybridation plus importante. Ces résultats vont dans le sens d'une perte de potentiel adaptatif qui permet normalement à la truite méditerranéenne d'être bien adaptée aux conditions particulières des torrents de montagne et ainsi de présenter des populations abondantes.

Ce constat est donc à confronter au suivi démographique réalisé par la FDAAPPMA 74 dans le cadre de l'observatoire départemental des populations piscicoles afin d'évaluer l'état de santé de la population. Sur cette Unité de Gestion (UG), la gestion piscicole adoptée est patrimoniale, c'est-à-dire qu'il n'y a aucun repeuplement effectué, et cela depuis 2005. Le milieu est accueillant et les perturbations liées aux activités anthropiques sont moindres. Seules les exploitations de la forêt et de la ressource en eau sont connues en plus de l'activité touristique.

La Figure 10 présente les densités et de biomasses annuelles pour les 3 tronçons bénéficiant de données quantitatives. Ces données sont décrites par l'intermédiaire du standard départemental défini dans le PDPG (FDAAPPMA 74, 2016).

En 2009 on observait un gradient amont - aval des tronçons 4 à 2 aussi bien en densité qu'en biomasse, allant de la classe « conforme au standard départemental » vers la classe « dégradé ». Les données de 2012 à 2018 pour le tronçon 3 montre une variabilité interannuelle entre les classes « moyen » à « perturbé ». Certaines années, par exemple 2012 ou 2013, affichent une population en bon état alors que pour d'autres, par exemple 2015 ou 2017, l'état est moyen.



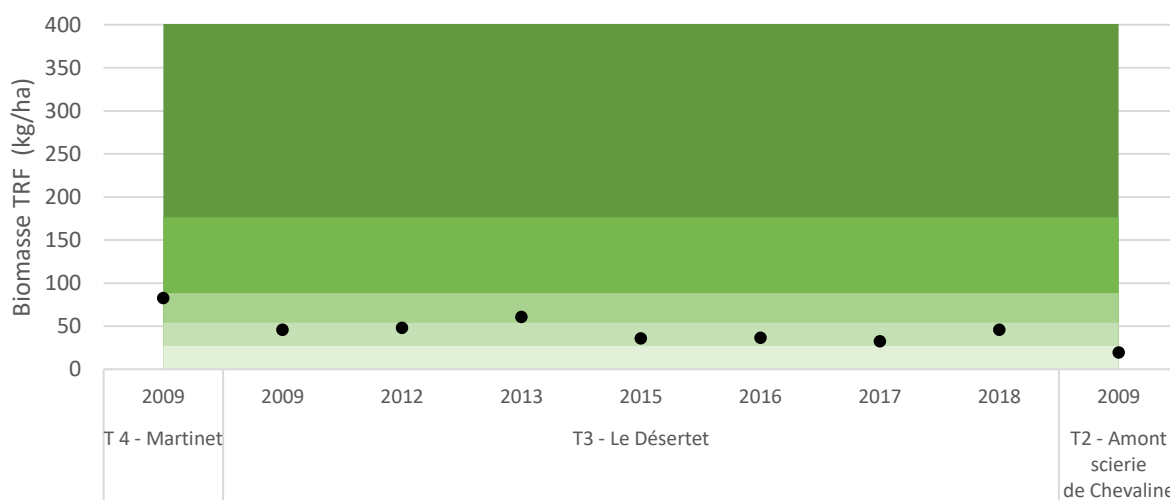


Figure 10 : Valeurs de densité (individus/10 ares, bleu) et biomasse (kg/ha, vert) de truite fario par station de suivi piscicole. Les stations suivent un gradient amont-aval de la gauche vers la droite. Le gradient de couleur définit les 5 classes du standard départemental : dégradé / perturbé / moyen / standard dép. bas / standard dép. haut.

Il a été choisi de présenter ci-après les structures de populations (détail des histogrammes de tailles par cohorte) pour 4 années parmi les données disponibles, à savoir la donnée initiale (2009) et les données suivantes à un pas de temps de 3 ans (2012, 2015 et 2018).

La Figure 11 montre que globalement la population de truite de l'Ire est fonctionnelle et équilibrée puisque tous les stades de développement sont présents. Les classes d'âge $\geq 2+$ (géniteurs) sont relativement stables dans le laps de temps étudié (2009 - 2018) et assure une bonne fonctionnalité et la pérennité de la population sur ce tronçon. Les fluctuations de densités sont dues essentiellement aux variations des densités des jeunes stades (0+ et 1+). La réussite plus ou moins bonne du recrutement naturel une année, va directement se répercuter sur la densité d'individus 1+ de l'année suivante. Ainsi par exemple en 2015, la crue décennale survenue au mois de mai a fortement impactée les alevins de l'année. L'année suivante en 2016 la densité a plus que doublée, passant de 94 ind./ 10 ares en 2015 à 223 ind./ 10 ares (Figure 10). En 2016, 20 % des individus contactés appartiennent à la classe 0+ contre 3 % en 2015 (JESUS, 2017).

Dans l'ensemble hors année d'évènement exceptionnel, le recrutement naturel dans la combe d'Ire se montre satisfaisant pour une densité d'adultes interannuelle stable. Sur la période étudiée (hors 2015) la classe 0+ représente en moyenne 44 % (± 20 %) de la population tandis que les géniteurs (stades 2+ et plus) 40 % (± 15 %) en moyenne.

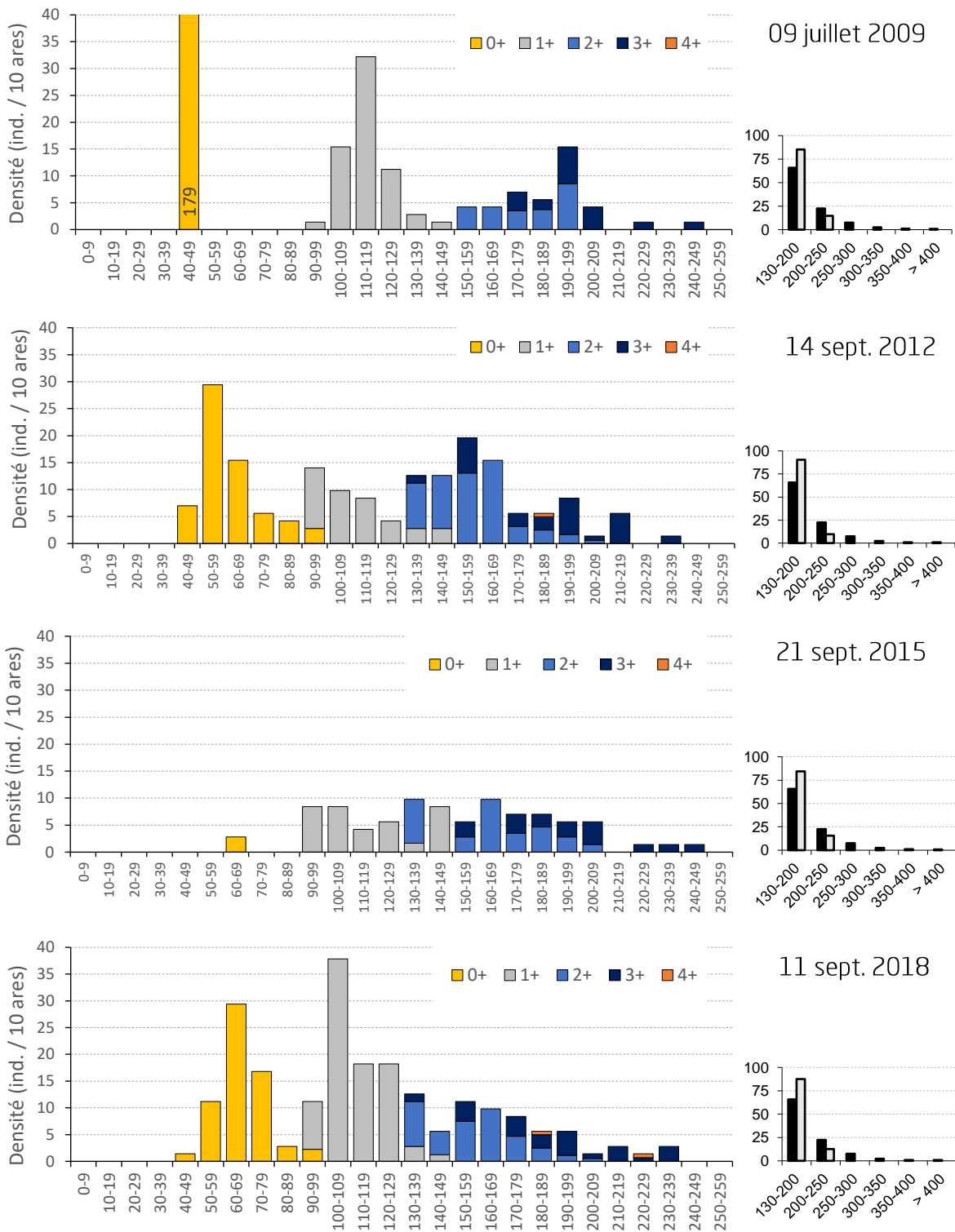


Figure 11 : Histogrammes des densités de truite communes par classes de tailles et par cohorte pour les années 2009, 2012, 2015 et 2018 (à gauche) et comparaison des effectifs observés > 130 mm à la fréquence moyenne standard départementale (à droite).

5 Conclusion et perspectives

La population de truite méditerranéenne de l'Ire a été identifiée en 2014 (HARRANG *et al.*, 2014) à partir de l'échantillonnage de 2009 effectué lors de l'étude des populations de truite du bassin versant du lac d'Annecy (CHASSERIEAU & CAUDRON, 2011).

L'actualisation des connaissances de cette population, à savoir bornage et caractérisation génétique, sont inscrits à la fiche action M4-1 (« Améliorer la connaissance et le suivi des peuplements piscicoles et astacicoles ») du contrat de bassin Fier et Lac d'Annecy.

En septembre 2018, ont été échantillonnés 180 truites, soit 30 individus par tronçon de 1.5 km (prélèvements d'un morceau de nageoire adipeuse et d'écaillés). L'analyse scalimétrique a permis de définir une fourchette d'âge de l'échantillon entre 1+ et 9+. Seuls les individus d'âge supérieur ou égal à 2+ ont été gardés pour caractériser génétiquement la population (172 individus).

L'analyse génétique à partir de 5 marqueurs diagnostiques de type SPNs (Single Nucleotide Polymorphism) a permis de définir le taux d'introgression par tronçon et un indice d'hybridation individuel. Ainsi, les résultats de 2018 identifient une population de truite de souche atlantique (ATL) située sur le sommet de l'Ire (les 2.5 km amont). Celle-ci a été introduite suite aux alevinages antérieurs à 1998 effectués par l'AAPPMA d'Annecy Rivières avant la mise en réserve intégrale de ce secteur. Ces individus ATL engendrent un flux d'allèles ATL vers la zone de présence de la population de souche méditerranéenne situé entre les chutes naturelles en amont de « le Martinet » et Chevaline. Sur l'ensemble de ce linéaire médian, le taux d'introgression observé s'élève à 29 %, soit un taux supérieur au taux « seuil » de 25 % définie par CAUDRON *et al.* (2006) pour définir le caractère autochtone d'une population. Cependant lorsqu'on se focalise sur un tronçon, (le tronçon 3 en 2009 et le tronçon 2 en 2018), le taux d'introgression avoisine les 20 % (respectivement 17 % et 22 %). Ce taux introgression est maintenu dans le temps puisque la population méditerranéenne de l'Ire est encadrée par deux populations atlantiques dont les individus sont susceptibles de se déplacer vers le linéaire médian et d'alimenter en allèles ATL la population méditerranéenne. On observe en effet via l'indice d'hybridation individuel qu'il y a davantage d'individus hybridés en 2018 qu'en 2009 dans les 3 tronçons médians.

Ces résultats génétiques vont dans le sens d'une perte de potentiel adaptatif qui permet normalement à la truite méditerranéenne d'être bien adaptée aux conditions particulières des torrents de montagne et ainsi de présenter des populations abondantes. L'introgression marquée dans la population méditerranéenne de l'Ire ne semble pas pour le moment mettre sa fonctionnalité et sa pérennité en péril. En effet, le suivi démographique réalisé par la FDAAPPMA 74 dans le cadre de l'observatoire départemental des populations piscicoles montre une variabilité interannuelle de son état de santé entre « moyen » et « perturbé » qui se maintient depuis 2009 (donnée initiale). En année normale (sans évènement hydrologique marquant), la population est équilibrée avec un recrutement naturel satisfaisant et une densité d'adultes stable.

Une meilleure connaissance de la diversité génétique de cette population est programmée via d'autres marqueurs génétiques (de type microsatellites) afin de la placer par rapport aux autres populations du département déjà connues. Ce travail sera réalisé dans le cadre du bilan génétique des populations de truites autochtones de la Haute-Savoie mis en œuvre par la FDAAPPMA 74 et réalisé en partenariat avec le CNRS (Saint Girons).

6 Bibliographie

- ADDINSOFT (2020). XLSTAT statistical and data analysis solution. Paris, France. <https://www.xlstat.com>
- CARLE, F. L., & STRUB, M.R. (1978). A new method for estimating population size from removal data. – *Biometrics* 35: 621-360.
- CAUDRON, A., & CATINAUD, L. (2008). Utilisation des fréquences de taille relative pour évaluer les structures de tailles des populations de truites en Haute-Savoie., note technique, FDP74.2008/01, 8p.
- CAUDRON, A., CHAMPIGNEULLE, A., & GUYOMARD, R. (2006). Identification et caractéristiques génétiques des populations de truites autochtones sur le réseau hydrographique de Haute-Savoie. pp : 39-53 in programme INTERREG III A- Identification, sauvegarde et réhabilitation des populations de truites autochtones en vallée d’Aoste et en Haute-Savoie. Rapport final. 153p + annexes.
- CHASSERIEAU, C., & CAUDRON, A. (2010). Etude des populations de truites sédentaires et migrantes sur le bassin du lac d’Annecy et évaluation des pratiques de gestion. Volet 1 : Etat des populations sur les affluents. FDP74.11/01, SHL299.2011, 58p. + annexes.
- DE LURY, D.B. (1951). On the planning of experiments for the estimation of fish population. *J. Fish. Res. Bd. Can.*, 18, 281-307.
- FDAAPPMA 74 (2016). Plan Départemental pour la Protection du milieu aquatique et la Gestion des ressources piscicoles. 660 p.
- HARRANG E., COLARD, A. GYOMARD, R. & CAUDRON, A. (2014). Dynamique spatiale et temporelle de l’introggression des populations de truites migratrices et résidentes du bassin du lac d’Annecy. Rapport FDP74.14/01 ; 23p. + annexes.
- JESUS, G. (2017). Observatoire départemental du recrutement naturel de Haute-Savoie, Données 2011-2016. Rapport FDP74. 17/04, 111 p. + annexes
- OMBREDANE, D., & RICHARD, A. (1990). Détermination de la zone optimale de prélèvement d’écailles chez les smolts de truite de mer (*Salmo trutta* L.). *Bull. Fr. Pêche Pisc.*, 319, 224- 238.
- SEBER, G.A.F., & LE CREN, E.D. (1967). Estimating population parameters from catches large relative to the population. *Journal of Animal Ecology* 36: 631-643.

7 Annexes

Annexe 1 : Caractérisation des stations échantillonnées en 2009 et 2018 dans la combe d'Ire

| Code tronçon | Station (ancien code) / Tronçon | Localisation | Coord. X (LB93) | Coord. Y (LB93) | Date d'échantillonnage | Fourchette d'âges | Effectifs |
|--------------|---------------------------------|------------------------------------|-----------------|-----------------|------------------------|-------------------|-----------|
| T2 | LA-4-217-535 (LCA09) | Amont scierie | 950519 | 6522488 | 24/06/2009 | 2+ à 4+ | 8 |
| T3 | LA-4-217-695 (LCA70) | Le Dessert | 950705 | 6520776 | 09/07/2009 | 2+ à 4+ | 20 |
| T4 | LA-4-217-765 (LCA39) | Le Martinet | 950678 | 6519503 | 03/07/2009 | 2+ à 4+ | 16 |
| T1 | tronçon 1 | Chevaline | 950326 | 6523375 | 21/09/2018 | 2+ à 4+ | 28 |
| T2 | tronçon 2 | Chevaline | 950532 | 6521837 | 21/09/2018 | 2+ à 4+ | 30 |
| T3 | tronçon 3 | Pont station pêche au parking | 950741 | 6520009 | 21/09/2018 | 2+ à 4+ | 30 |
| T4 | tronçon 4 | Amont parking Martinet | 950666 | 6519373 | 21/09/2018 | 2+ à 9+ | 30 |
| T5 | tronçon 5 | Cabane forestière au passage à gué | 950098 | 6517920 | 21/09/2018 | 2+ à 5+ | 30 |
| T6 | tronçon 6 | Amont passage à gué | 949932 | 6516706 | 21 et 26/09/2018 | 2+ à 6+ | 24 |

Annexe 2 : Derniers repeuplements connus dans la réserve intégrale de la combe d'Ire (code national : FR2400166) (source : AAPPMA Annecy Rivières).

| Année | Limite amont | Limite aval | Quantité | Souche | Stade | Remarque |
|-------|-----------------------------------|------------------|----------|---------|----------|--|
| 1994 | Source | Pont de Doussard | 4000 | Marlens | 4 - 6 cm | Croisement géniteurs sauvages et domestiques (demi-sang) |
| 1995 | Source | Pont de Doussard | 4000 | Marlens | 4 - 6 cm | Croisement géniteurs sauvages et domestiques (demi-sang) |
| 1996 | <i>information non disponible</i> | | | | | |
| 1997 | <i>information non disponible</i> | | | | | |
| 1998 | Source | Pont de Doussard | 3500 | Chauvey | 4 - 6 cm | |