



**ATTENTION
HORAIRE MODIFIÉ !**



Mardi 13 décembre 2016, 09:30

Salle de réunion

APPROCHE GÉNOMIQUE DE L'IMPACT DES DÉVERSEMENTS DE TRUITES (*SALMO TRUTTA*) DOMESTIQUES DANS LES POPULATIONS SAUVAGES D'ORIGINE MÉDITERRANÉENNE

par

Maeva Leitwein
ISEM, Montpellier

- En Europe, la gestion et la conservation de la truite commune (*Salmo trutta*) a un fort intérêt socio-économique puisque, depuis des décennies, des individus élevés en pisciculture et issus de la lignée atlantique sont déversés au sein des populations sauvages pour maintenir une activité de pêche récréative. En France, ces lâchers d'individus atlantiques au sein de populations locales de la lignée méditerranéenne pourraient influencer sur les déterminismes de l'adaptation locale puisque ceux-ci sont supposés être affectés par l'hybridation d'individus des deux lignées.
- Néanmoins, à ce jour, l'introgression d'allèles atlantiques dans la lignée méditerranéenne n'a été étudiée qu'avec des allozymes ou quelques marqueurs microsatellites qui ne permettent pas une vision détaillée de l'introgression. Les nouvelles techniques de séquençage telles que le *RAD-sequencing* permettent désormais de s'intéresser aux variabilités interindividuelles et interpopulationnelles des patrons d'introgression à l'échelle du génome.
- Je décrirai ici les approches mises en œuvre afin d'identifier chez la truite des marqueurs SNP qui permettent de caractériser la variabilité d'individus de piscicultures ou de populations locales sauvages à l'échelle du génome. Je m'attacherai également à décrire les étapes de mises en œuvre d'une carte génomique de liaison dite "haute densité" chez cette espèce, sa comparaison avec celle de son espèce sœur (le saumon atlantique *S. salar*) et ce que ceci permet, dans une optique d'étude génomique des patrons d'introgression, comme par exemple l'estimation du taux local de recombinaison.