



Génétique / Genetics

Forte différenciation génétique de la daurade *Sparus aurata* (L., 1758) entre les deux rives de la Méditerranée occidentale

Lamya Chaoui^a, M. Hichem Kara^a, Jean Pierre Quignard^b, Eric Faure^c,
François Bonhomme^{d,*}

^a Laboratoire bioressources marines, Université d'Annaba – Badji Mokhtar, BP 230, Oued Kouba, Annaba 23003, Algérie

^b Laboratoire d'ichtyologie méditerranéenne, 1, allée de l'Hermitage, 34170 Castelnau-Le-Lez, France

^c Laboratoire biodiversité et environnement, Université de Provence, case 5, place Victor-Hugo, 13331 Marseille cedex 3, France

^d Département biologie intégrative, Institut des sciences de l'évolution, CNRS UMR 5554, Université de Montpellier II, 1, quai de la daurade, 34200 Sète, France

Reçu le 7 août 2008 ; accepté après révision le 4 novembre 2008

Disponible sur Internet le 20 décembre 2008

Présenté par Pierre Buser

Résumé

Nous avons comparé à l'aide de trois marqueurs microsatellites et de deux systèmes RAPD, quatre échantillons de daurades originaires des rives nord (étang de Thau et Sète) et sud (baie d'Annaba et lagune du Mellah) de la Méditerranée occidentale. Contrairement à ce qui pouvait être prédit pour une espèce très mobile à phase de dispersion larvaire planctonique, la différenciation génétique observée sur les locus microsatellites entre les deux rives s'est révélée forte et significative à tous les locus ($F_{st} = 0,069^{***}$). Les deux échantillons du Golfe du Lion ne sont pas différenciés l'un de l'autre ($F_{st} = 0,003$ ns), tandis que ceux du Golfe d'Annaba montrent des niveaux de différenciation variables selon le marqueur ou la combinaison de marqueurs utilisés. Les données RAPD montrent une tendance analogue. Les raisons de cette différenciation génétique étonnamment forte entre le nord et le sud, par rapport à ce qui a été observé chez d'autres espèces sur une distance géographique comparable, sont à rechercher soit dans l'existence d'une très faible dispersion larvaire, soit dans l'écart à la neutralité des locus analysés. **Pour citer cet article : L. Chaoui et al., C. R. Biologies 332 (2009).**

© 2008 Académie des sciences. Publié par Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.

Abstract

Strong genetic differentiation of the gilthead sea bream *Sparus aurata* (L., 1758) between the two western banks of the Mediterranean. We characterised four samples of gilthead sea bream from the two western Mediterranean banks with three microsatellite loci and two RAPDs systems. Contrarily to what could be predicted for a highly mobile species with a planktonic larval dispersal phase, we observed a strong and significant genetic differentiation at all loci between the two banks ($F_{st} = 0.069^{***}$), whereas two samples from the Gulf of Lions were almost identical ($F_{st} = 0.003$ ns) while the two from the Gulf of Annaba displayed varied levels of differentiation according to the molecular marker considered. RAPDs showed a similar trend as microsatellites. The reasons for this surprisingly strong genetic differentiation, as compared to what has been observed in other species over comparable geographical distance, may be sought for either in a smaller as suspected larval dispersal, or in the non-neutrality of the loci studied. **To cite this article: L. Chaoui et al., C. R. Biologies 332 (2009).**

* Auteur correspondant.

Adresse e-mail : bonhomme@univ-montp2.fr (F. Bonhomme).

© 2008 Académie des sciences. Publié par Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.

Mots-clés : *Sparus aurata* ; Microsatellites ; RAPD ; Différenciation géographique ; Méditerranée occidentale

Keywords: *Sparus aurata*; Microsatellites; RAPD; Genetic differentiation; Western Mediterranean

Abridged English version

The Gilthead sea bream *Sparus aurata* is a coastal fish species common in the Mediterranean. The genetic structure of its natural populations has been so far relatively little documented, several studies [6,7] reporting little or no differentiation, with signals difficult to interpret geographically and rarely more than one sample in the western Mediterranean (MedW). However, for several species of similar ecology, this water basin seemed to be often genetically homogeneous [9,10]. Before proceeding to comparative biology studies in *S. aurata*, we aimed at ascertaining this homogeneity between the southern and northern banks of the MedW. Four samples of 48 individuals each were captured in France (Sète and Thau lagoon) and Algeria (Annaba bay and Mellah lagoon) (Fig. 1). They were typed for three microsatellites loci, two of them close to the Somatotropine and the Prolactine gene loci (termed hereafter 5'PRL and 5'GH respectively) and one anonymous (TG)₁₈. Two RAPDs primers were also scored as a supplement.

Table 1 gives the values of total number of alleles, heterozygosity and F_{IS} for each microsatellite locus in each sample. Table 2 provides with the estimates of Wright's F_{st} pairwise differentiation for each microsatellite locus (Weir & Cockerham Theta estimator, Genetix 4.02 software) and for the RAPDs (Lynch & Milligan F_{st} estimator, AFLP-SURV 1.0 software). The North and the South of the MedW appear as quite differentiated, with a North/South average microsatellite $F_{st} = 0.069$, and a corresponding RAPDs value of $F_{st} = 0.194$, while at the same time the two geographically close sample of Sète and Thau appeared undifferentiated. In the southern bank, the Mellah and Annaba samples showed levels of differentiation varying from nil to significant according to the marker considered.

This differentiation between the two banks of the MedW seems to be unprecedented for similar species for which information exists. Two mutually non-exclusive hypotheses could be advanced to explain this, either *S. aurata* is a species which migrates and disperses much less than others both at larval and adult stages, for instance because they would be more infested to very coastal environments, or the loci used would be subjected to selection by differential adaptation to

North/South environmental gradients. This last possibility is nevertheless difficult to admit for such locus as (TG)₁₈ locus and the RAPDs that are in essence anonymous. Identifying which genes are implicated in the genetic differentiation between the two banks of the MedW will be an interesting challenge to evidence eventual differential selective pressures. Whatever the hypothesis retained, our study demonstrates that there does not exist a single stock at the scale of the occidental Mediterranean and that this should be taken into account for the studies undertaken at this scale in this species.

1. Introduction

La daurade *Sparus aurata* (L. 1758) est une espèce côtière commune en Méditerranée occidentale (Med-Ouest), moins fréquente à l'est et au sud-est de cette mer et très rare en Mer Noire [1].

Hormis les travaux qui concernent les populations d'élevage [2–4], la structure génétique des populations naturelles de daurade *S. aurata* a été jusqu'à présent relativement peu abordée. Ben Slimen et al. [5], utilisant des marqueurs allozymiques (21 locus), ont mis en évidence une différenciation géographique de cette espèce sur les côtes tunisiennes, avec des valeurs du paramètre de différenciation génétique F_{st} comprises entre 0,265*** et 0,106* entre les localités du nord et de l'est de la Tunisie, autour du détroit siculo-tunisien. Cependant, les valeurs de F_{st} au sein de la Méditerranée occidentale n'étaient pas significatives ($F_{st} = 0,0093$ ns). Alarcon et al. [6], utilisant plusieurs types de marqueurs, ont montré un faible degré de différenciation globale pour sept échantillons méditerranéens et atlantiques (microsatellites : $F_{st} = 0,036$, 6 locus ; allozymes : $F_{st} = 0,031$, 16 locus ; région de contrôle de l'ADN mitochondrial : aucune variabilité), sans qu'il ne soit possible d'en donner une signification géographique claire. La présence d'un seul échantillon de Méditerranée occidentale ne permet pas, néanmoins, d'estimer l'hétérogénéité génétique à l'intérieur de ce bassin. De Innocentiis et al. [7], à l'aide de quatre locus microsatellites, ont étudié cinq échantillons de Méditerranée occidentale, un échantillon adriatique et un échantillon atlantique. Ces auteurs mettent en évidence une différenciation globale faible, mais significative,

($F_{st} = 0,014^{***}$), avec des valeurs de F_{st} par paire significatives essentiellement entre l'Atlantique, l'Adriatique (représentant la Méditerranée orientale) et le reste. Au sein de la Méditerranée occidentale, seul l'échantillon situé le plus au sud (sud de la Sicile) montrait une différenciation avec les quatre autres situés plus au nord ($F_{st} = 0,017$). Cette faible différenciation entre MedOuest, détroit siculo-tunisien et Adriatique semble être confirmée par l'analyse de 26 locus enzymatiques par Rossi et al. [8] avec des valeurs de F_{st} comparables (0,017).

La structuration génétique de cette espèce est donc encore, à l'heure actuelle, assez mal connue, avec peu ou pas de signal clairement interprétable du point de vue de la phylogéographie, et pour autant qu'on puisse en juger sur un échantillonnage suffisant, il semble pour le moins que les populations du bassin occidental de la Méditerranée étudiées jusque-là soient peu différenciées avec les marqueurs étudiés.

Chez d'autres poissons démersaux ayant des biologies similaires à celle de *S. aurata*, des informations relativement fiables existent quant à une éventuelle hétérogénéité génétique de leurs peuplements en Méditerranée. Ainsi, chez les sparidés *Diplodus vulgaris* et *Lithognathus mormyrus* provenant de huit localités Est et Ouest méditerranéennes, Arculeo et al. [9] mettent en évidence, sur une vingtaine de locus allozymiques, une différenciation génétique faible ($F_{st} = 0,013^*$) chez *D. vulgaris*, alors que chez *L. mormyrus* ces auteurs trouvent une homogénéité génétique quasi-totale à travers toute la Méditerranée ($F_{st} = 0,001$ ns). Par ailleurs, Lenfant et Planes [10] ont montré que les stocks de *Diplodus sargus* étaient génétiquement homogènes sur des distances supérieures à 1000 km en Méditerranée nord-occidentale. Bargelloni et al. [11] ont examiné la variabilité de séquence d'une partie de la région de contrôle mitochondriale et de 21 locus allozymiques, de la Méditerranée orientale aux côtes portugaises, chez *D. sargus* et *D. puntazzo*. Pour cette dernière espèce, il existe une différenciation génétique marquée entre l'Atlantique et la Méditerranée, avec un fort F_{st} global (0,160*** et 0,085*** respectivement pour les allozymes et l'ADNmt). Un F_{st} significatif est aussi observé entre MedOuest et MedEst ($F_{st} = 0,06^*$ pour les allozymes et $F_{st} = 0,04^*$ pour l'ADNmt). En revanche, la présence d'un seul échantillon de MedOuest ne permet pas, là non plus, d'évaluer l'hétérogénéité dans ce bassin. Chez *D. sargus*, par contre, aucune différenciation globale n'est observée. Cette homogénéité est confirmée par l'étude de Domingues et al. [12], basée sur la région de contrôle mitochondriale et le premier intron du gène de la protéine ribosomale S7, qui n'a révélé au-

aucun signe de différenciation génétique entre la Méditerranée Est, Ouest et l'Atlantique chez cette espèce. Chez un autre poisson exploitant des biotopes similaires à la daurade, le loup (ou bar) *Dicentrarchus labrax* (Moronidé), plusieurs études basées sur le polymorphisme de différents fragments de l'ADN mitochondrial [13–15], ne trouvent aucune différenciation entre les échantillons de MedOuest. Naciri et al. [16] et Bahri-Sfar et al. [17] confirment ce résultat en utilisant des marqueurs microsatellites. Selon ces auteurs, ces résultats soutiennent un mode de fonctionnement en métapopulation quasi-panmixtique à l'échelle de la Méditerranée occidentale, causé par des flux de gènes fréquents et importants.

On voit donc que l'homogénéité génétique semble être la règle en Méditerranée occidentale, voire au-delà, pour plusieurs espèces de poissons d'écologie similaire. Ceci serait en relation avec leur capacité de déplacement à l'âge adulte, ainsi qu'à la présence d'œufs et de larves planctoniques permettant des flux géniques importants entre les populations.

Le but du présent travail est de vérifier si *S. aurata*, espèce pour laquelle nous ne disposons que de données fragmentaires, se conforme à ce modèle. Ceci donnerait une base robuste aux études de biologie comparée chez cette espèce. Nous avons pour cela analysé quatre échantillons en provenance du golfe d'Annaba (baie d'Annaba et la lagune de Mellah – Algérie) au sud et du golfe du Lion (Sète et étang de Thau – France) au nord, qui ont été typés pour trois locus microsatellites. Nos résultats ont été complétés par l'analyse de 19 locus RAPD.

2. Matériel et méthodes

2.1. Echantillonnage

Quarante-huit individus ont été échantillonnés dans chaque site (Fig. 1). Sur chaque individu frais, un fragment de nageoire caudale d'environ 1 cm² a été prélevé et conservé dans de l'alcool à 95°, afin de procéder ultérieurement à l'extraction de l'ADN.

2.2. Typage des locus microsatellites

L'ADN a été extrait avec le kit d'extraction QIAGEN (France), selon le protocole du fournisseur. L'ADN extrait est dosé et sa concentration est ajustée à 50 ng/μl.

Trois locus microsatellites ont été analysés dans les conditions PCR ci-après : *S. aurata* (TG)₁₈ (poly GT) défini par [18] (SauANINRA (TG)₁₈ R 5'-GAGCTGT-AAACCCAGG-3' et SauA (TG)₁₈ F 5'-TGTTGGAGC-TTGGCAC-3', le volume réactionnel total = 25 μl :

1,2 mM de $MgCl_2$ et la T° d'hybridation = 60–50 °C), le locus 5'GH avec 14 répétitions du motif de base «CA» défini par Almuly et al. [19] dans la région 5' du gène de l'hormone de croissance et pour lequel nous avons redéfini des amorces (GHm1 5'-CCT-TAA-ATC-AGT-TCA-GCC-G-3' et GHm2 5'-GGT-TCA-AGT-TCT-GGT-GAC-TAG-3', le volume réactionnel total = 25 μ l avec 2,25 mM de $MgCl_2$ et une T° d'hybridation = 60–50 °C) et un locus équivalent défini par [20] dans la région 5' du gène codant pour la Prolactine, 5'PRL, microsatellite imparfait avec le motif «CA» répété 12 fois (PRL R5'-GAAGAGTTTGCTTCCATTGG-3' et PRL F5'-CAT-CCATCCAATTAAGATGG-3', le volume réactionnel total = 25 μ l : 1,2 mM de $MgCl_2$ et une T° d'hybridation = 56 °C). Les amorces reverse des trois locus étaient rendues fluorescentes par ajout du fluorochrome 6-Fam. Les produits de PCR ont migré sur un gel d'acrylamide à 6% et ont été visualisés à l'aide d'un scanner Hitachi FMBIO2.

Par ailleurs, deux amorces RAPD : A-01 et A-10 (Operon Technologies Inc.) ont permis l'amplification de 29 systèmes de bandes présence/absence dont 19 étaient polymorphes, soit six pour l'amorce A-01 (5'-AGGGGTCTTG-3') et treize pour l'amorce A-10 (5'GTGATCGCAG-3'). Les PCR ont été effectuées dans un volume réactionnel de 25 μ l, contenant 5 μ l d'extrait d'ADN, 2 mM de $MgCl_2$, avec 44 cycles de dénaturation à 94 °C (45 sec), une hybridation à 37 °C (1 mn). Ces bandes sont visualisées par coloration au bromure d'ethidium (BET), après migration sur gel d'agarose à 2%. La durée de migration est de 3 h à 100 W.

La technique RAPD [21] est basée sur l'existence de polymorphismes dans le site d'amorçage d'un oligonucléotide décimère. Ces marqueurs sont donc dominants, car seuls deux phénotypes sont détectables : présent ou absent. Un grand nombre de fragments est généré en une seule réaction d'amplification étant donné la courte taille des oligonucléotides. Cette technique est réputée peu reproductible, cependant nous avons procédé à un grand nombre de réplicats en ne conservant que les bandes stables et répétables. Plusieurs amplifications et migrations ont été faites, en intercalant les échantillons des différentes populations.

2.3. Analyse des données

Les indices de diversité (hétérozygotie attendue non biaisée de Nei H_e , nombre d'allèles N_a) et de structuration génétique (F_{st} de Wright estimé par le θ de Weir et Cockerham) ont été calculés à l'aide du lo-

Tableau 1

Nombre total d'allèles (A_t), hétérozygoties attendues non biaisées (H_{anb}) et écart à Hardy-Weinberg (F_{IS}) pour chaque locus microsatellite dans chacun des échantillons.

| | Annaba | Mellah | Sète | Thau |
|--------------------------|----------|----------|----------|----------|
| 5'PRL | | | | |
| N | 31 | 24 | 42 | 36 |
| A_t | 13 | 13 | 12 | 11 |
| H_{anb} | 0,908 | 0,926 | 0,887 | 0,870 |
| F_{IS} | 0,114** | 0,057 ns | 0,251*** | 0,075 ns |
| 5'GH | | | | |
| N | 18 | 10 | 35 | 36 |
| A_t | 12 | 9 | 15 | 8 |
| H_{anb} | 0,855 | 0,8211 | 0,902 | 0,866 |
| F_{IS} | 0,357*** | 0,404*** | 0,083 ns | 0,233*** |
| (TG)₁₈ | | | | |
| N | 31 | 33 | 39 | 36 |
| A_t | 8 | 7 | 8 | 6 |
| H_{anb} | 0,804 | 0,773 | 0,773 | 0,744 |
| F_{IS} | 0,038 ns | 0,101 ns | 0,140** | 0,181** |

ns : non significatif ;

** $P < 0,01$;

*** $P < 0,001$.

giciel Genetix 4.02 [22] à partir des données génotypiques microsatellitaires individuelles. Pour les RAPD, chaque bande est considérée comme un locus. Une matrice de présence-absence de bande (individu*locus) est ainsi obtenue, où seules les bandes polymorphes ont été prises en compte. Les individus présentant des profils anormaux, tels qu'un trop grand nombre de bandes privées, sont retirés de l'analyse. Comme les marqueurs RAPD sont dominants pour la présence, la fréquence de l'allèle récessif peut être estimée par la racine carrée de la fréquence du phénotype « absent ». Pour ces locus, nous avons estimé le F_{st} par paires d'échantillons grâce au logiciel AFLP-SURV 1.0 [23] en utilisant la méthode de Lynch and Milligan [24].

3. Résultats

3.1. Diversité génétique

Le Tableau 1 donne les valeurs de diversité génique (H_{anb}), ainsi que le nombre total d'allèles par échantillon (A_t). Nous constatons que le locus (TG)₁₈ est moins riche en allèles que les deux autres locus 5'GH et 5'PRL. Le paramètre F_{IS} indique quant à lui la valeur des déficits en hétérozygotes qui sont relativement élevés et significatifs pour tous les échantillons et tous les locus.

Les amorces RAPD utilisées ont produit des fragments ayant des tailles comprises entre 165 et 650 pb.

Tableau 2

Valeurs de l'estimateur de $F_{st}(\theta)$ selon [22] par paire d'échantillons aux locus microsattellites confondus et pris séparément.

| | Microsattellites | | | | | | | | | | | |
|--------|----------------------------|-----------|--------------------|--------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| | Mellah | | | | Sète | | | | Thau | | | |
| | Locus confon- dus | 5'PRL | GH | (TG) ₁₈ | Locus confon- dus | 5'PRL | 5'GH | (TG) ₁₈ | Locus confon- dus | 5'PRL | 5'GH | (TG) ₁₈ |
| Annaba | 0,029 ^{**} | −0,009 ns | 0,081 [*] | 0,014 ns | 0,051 ^{***} | 0,052 ^{***} | 0,068 ^{***} | 0,029 ^{***} | 0,061 ^{***} | 0,074 ^{***} | 0,044 ^{***} | 0,066 ^{***} |
| Mellah | | | | | 0,075 ^{***} | 0,035 ^{***} | 0,116 ^{***} | 0,071 ^{***} | 0,087 ^{***} | 0,054 ^{***} | 0,100 ^{***} | 0,106 ^{***} |
| Sète | | | | | | | | | 0,002 ns | −0,007 ns | 0,003 ns | 0,013 ns |

| | RAPD | | | | | | | | |
|--------|-----------------------------|-----------------------------|----------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|
| | Mellah | | | Sète | | | Thau | | |
| | A01&A10 | A-01 | A-10 | A01&A10 | A-01 | A-10 | A01&A10 | A-01 | A-10 |
| Annaba | 0,196 ^{***} | 0,351 ^{***} | 0,000 ns | 0,204 ^{***} | 0,310 ^{***} | 0,064 ^{***} | 0,287 ^{***} | 0,312 ^{***} | 0,177 ^{***} |
| Mellah | | | | 0,108 ^{***} | 0,183 ^{***} | 0,064 ^{**} | 0,178 ^{***} | 0,187 ^{***} | 0,173 ^{***} |
| Sète | | | | | | | 0,000 ns | 0,000 ns | 0,043 ns |

ns : non significatif.

^{*} $P < 0,05$.^{**} $P < 0,01$.^{***} $P < 0,001$; les valeurs significatives après l'ajustement de Bonferroni sont en gras et valeurs de F_{st} par paire d'échantillons aux locus RAPD A1 et A10, confondus et pris séparément, obtenues selon [20].

Parmi les 29 bandes obtenues, 19 sont polymorphes, soient six pour l'amorce A-01 et treize pour l'amorce A-10.

3.2. Structure génétique

Le Tableau 2 montre les valeurs de l'estimateur de $F_{st}(\theta)$ de Weir et Cockerham [25] par paire d'échantillons aux trois locus. Une nette différenciation nord/sud est visible entre les échantillons d'Annaba et ceux de Sète et Thau d'une part ($F_{st} = 0,051$ ^{***} et $0,062$ ^{***}) et de Mellah par rapport à ces deux mêmes sites d'autre part ($F_{st} = 0,075$ ^{***} et $0,088$ ^{***}). Chaque locus pris séparément montre la même tendance. En revanche, cette valeur est très faible et non significative entre Sète et Thau, alors qu'elle ne montre pas de tendance claire entre Annaba et Mellah (5'PRL : $F_{st} = -0,009$ ns ; 5'GH : $F_{st} = 0,081$ ^{*} ; TG₁₈ : $F_{st} = 0,014$ ns). Des résultats tout à fait comparables sont obtenus avec les locus RAPD : Les valeurs de F_{st} estimées selon la méthode de Lynch and Milligan [24] montrent une différenciation hautement significative entre les échantillons d'Annaba par rapport à ceux de Sète et Thau ($F_{st} = 0,204$ ^{***} et $0,287$ ^{***} respectivement) d'une part et ceux de Mellah par rapport à ces deux sites pris séparément ($F_{st} = 0,108$ ^{***} et $0,178$ ^{***} respectivement) ; les deux systèmes d'amorces pris séparément montrent la même tendance. Les deux localités Sète et Thau s'avèrent similaires avec une valeur nulle, tandis que Annaba et Mellah montrent une différenciation soit nulle soit si-

gnificative selon le système d'amorce considéré (A01 : $F_{st} = 0,351$ ^{***} ; A10 : $F_{st} = 0,000$ ns).

La Fig. 1 représente la proximité relative des quatre échantillons, basée sur la distance de Reynolds et al. [26] pour les locus microsattellites. Les valeurs de F_{st} sont reportées en gras. Qualitativement, le même profil est obtenu pour les locus RAPD (valeurs en italique), même si les valeurs absolues sont plus fortes que pour les trois locus microsattellites.

4. Discussion et conclusion

La revue de la littérature disponible sur *S. aurata* montre des données très fragmentaires et difficiles à interpréter, avec rarement plus d'un point en Med-Ouest (voir Introduction). Néanmoins, contrairement à ce qu'on aurait pu attendre, nos échantillons de *S. aurata* des rives nord et sud de la Méditerranée occidentale apparaissent comme génétiquement très divergents (F_{st} Nord/Sud moyen = $0,069$ pour les microsattellites), puisque aucune valeur obtenue à une échelle géographique équivalente ne dépasse ce chiffre pour les quelques espèces pour lesquelles il existe des données comparables (ceci est encore plus marqué pour les RAPD avec un F_{st} Nord/Sud estimé à $0,194$; il est cependant difficile de donner une signification absolue à ce chiffre). Par ailleurs, à l'échelle des quelques kilomètres qui séparent la lagune de Thau de la pleine mer au large de Sète, nous ne notons aucune divergence génétique significative, ce qui est conforme à ce que l'on

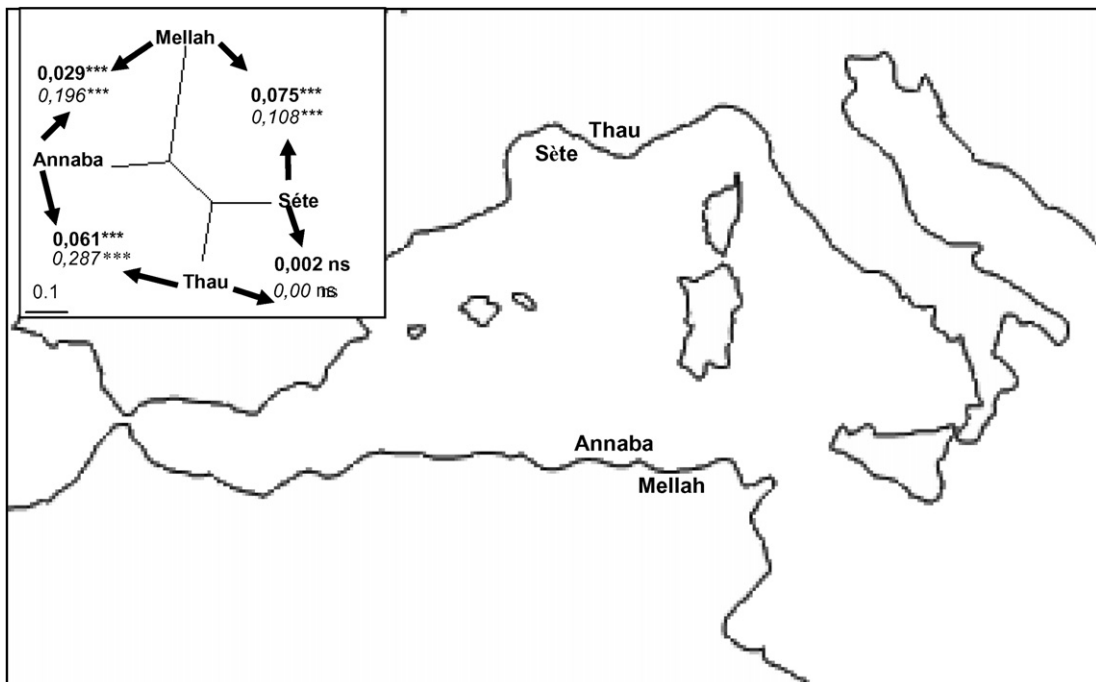


Fig. 1. Lieux d'échantillonnage de la daurade *Sparus aurata* en Méditerranée occidentale. Encadré : arbre NJ sur quatre échantillons de *Sparus aurata*, basé sur la distance génétique de Reynolds à trois locus microsattellites (5'PRL, 5'GH et (TG)₁₈). Les flèches indiquent les estimations de F_{st} par paire d'échantillons pour les trois locus microsattellites (en gras) et les deux systèmes RAPD (en italiques).

pouvait attendre et pourrait signifier des flux géniques importants. En revanche entre Annaba et Mellah, l'existence ou non d'une différenciation significative dépend du marqueur considéré dans l'analyse (le locus 5'GH et le système RAPD A01 montrent une différenciation significative, les autres marqueurs étant indifférenciés).

Chez les espèces génétiquement homogènes sur de grandes distances, comme *Dicentrarchus labrax* [16,17] ou *Diplodus sargus* [10,12], c'est en général la dispersion par la phase larvaire pélagique qui est invoquée pour expliquer l'homogénéisation de proche en proche des populations. La durée de cette phase chez la daurade est estimée à 45 jours [27], ce qui est comparable à celle des autres espèces citées. Deux hypothèses non-exclusives pourraient alors *a priori* expliquer les résultats obtenus : soit la biologie de *S. aurata* est telle que les individus, à tous les stades de leur cycle de vie, migreraient beaucoup moins que les autres espèces et resteraient inféodés à des milieux très côtiers, sans beaucoup se disperser. Si cette hypothèse est vérifiée, on devrait alors également observer des valeurs de F_{st} du même ordre dans l'étude microsattellitaire de De Innocentis et al. [7], ce qui n'est pas le cas. Une alternative serait que les locus utilisés ne sont pas strictement neutres et reflèteraient une adaptation différentielle aux conditions du milieu entre le nord et le sud (température,

niveau trophique, etc...). Cette dernière hypothèse est cependant difficile à admettre telle quelle, étant donné que globalement le même signal est obtenu sur des microsattellites situés à proximité de gènes (Somatotropine et Prolactine) ou sur des marqueurs réputés anonymes (locus TG₁₈ et systèmes RAPD). Ces locus anonymes peuvent représenter n'importe quelle portion du génome codant ou pas. Savoir quels gènes sont impliqués dans la différenciation génétique de la daurade *Sparus aurata* entre les deux rives de la Méditerranée, peut permettre de mieux appréhender la nature d'éventuelles pressions de sélection différentes.

Quelque soit l'hypothèse retenue, notre étude montre qu'il n'existe pas un stock génétiquement uniforme chez *S. aurata* à l'échelle de la Méditerranée occidentale. Cette information doit être prise en compte dans les études biologiques et halieutiques menées chez cette espèce. A partir de nos observations, l'étude comparée de la biologie larvaire et de la physiologie comparée de ces animaux de part et d'autre de la Méditerranée, devient dès lors un objectif intéressant.

Remerciements

Cette recherche est réalisée dans le cadre d'un projet de coopération franco-algérien (Accord-programme de

coopération CMEP N° 04 MDU 628), intitulé « Ichtyofaune côtière du golfe d'Annaba : diversité génétique et biologie halieutique ».

Références

- [1] W. Fisher, M. Schneider, M.L. Bauchot, Fiches FAO d'identification des espèces pour les besoins de la pêche. Méditerranée et Mer Noire. Zone de pêche 37, vol. II, Vertébrés, FAO et CEE, 1987, pp. 1186–1189.
- [2] B. Funkenstein, B. Cavari, T. Stadie, E. Davidovitch, Restriction site polymorphism of mitochondrial DNA of the gilthead sea bream (*Sparus auratus*) broodstock in Eilat, Israel, *Aquaculture* 89 (1990) 217–223.
- [3] A. Magoulas, C. Batargias, K. Sophronidis, G. Kotoulas, E. Zouros, The use of DNA markers for rapid identification of genetically superior parents in mass-crosses of gilthead sea bream (*Sparus aurata*), in : Méthodes et techniques pour l'amélioration génétique en aquaculture. Association pour le développement de l'aquaculture et European aquaculture Society, Bordeaux, 1994, pp. 20–26.
- [4] S. De Innocentiis, E. Miggiano, A. Ungaro, S. Livi, L. Sola, D. Crosetti, Geographical origin of individual breeders from gilthead sea bream (*Sparus auratus*) hatchery broodstocks inferred by microsatellite profiles, *Aquaculture* 247 (2005) 227–232.
- [5] H. Ben Slimen, H. Guerbej, A. Ben Othmen, I. Ould Brahim, H. Blel, N. Chatti, A. El Abed, K. Said, Genetic differentiation between populations of gilthead seabream (*Sparus aurata*) along the Tunisian coast, *Cybium* 28 (1) (2004) 45–50 (supplément R.I.F., 2003).
- [6] J.A. Alarcón, A. Magoulas, T. Georgakopoulos, E. Zouros, M.C. Alvarez, Genetic comparison of wild and cultivated European populations of the gilthead sea bream (*Sparus aurata*), *Aquaculture* 230 (1–4) (2004) 65–80.
- [7] S. De Innocentiis, A. Lesti, S. Livi, A.R. Rossi, D. Crosetti, L. Sola, Microsatellite markers reveal population structure in gilthead sea bream *Sparus auratus* from the Atlantic Ocean and Mediterranean Sea, *Fish Sci.* 70 (5) (2004) 852–859.
- [8] A.R. Rossi, E. Perrone, L. Sola, Genetic structure of gilthead sea bream, *Sparus aurata*, in the Central Mediterranean Sea, *Cent. Europ. J. Biol.* 1 (2) (2006) 636–647.
- [9] M. Arculeo, S. Lo Brutto, M. Sirna-Terranova, T. Maggio, L. Cannizzaro, N. Parrinello, The stock genetic structure of two Sparidae species, *Diplodus vulgaris* and *Lithognathus mormyrus*, in the Mediterranean Sea, *Fish Research* 63 (2003) 339–347.
- [10] P. Lenfant, S. Planes, Using allozyme markers to distinguish populations of white seabream (*Diplodus sargus*, Linné 1758), *Iso. Bull.* (1996) 29–32.
- [11] L. Bargelloni, J.A. Alarcon, M.C. Alvarez, E. Penzo, A. Magoulas, J. Palma, T. Patarnello, The Atlantic–Mediterranean transition : discordant genetic patterns in two seabream species, *Diplodus puntazzo* (C.) and *Diplodus sargus* (L.), *Mol. Phyl. Evol.* 36 (2005) 523–535.
- [12] V.S. Domingues, R.S. Santos, A. Brito, M. Alexandrou, V.C. Almada, Mitochondrial and nuclear markers reveal isolation by distance and effects of Pleistocene glaciations in the northeastern Atlantic and Mediterranean populations of the white seabream (*Diplodus sargus*, L.), *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 346 (2007) 102–113.
- [13] T. Patarnello, L. Bargelloni, F. Caldara, L. Colombo, Mitochondrial DNA sequence variation in the European sea bass, *Dicentrarchus labrax* L. (Serranidae) evidence of differential haplotype distribution in natural and farmed population, *Mol. Mar. Biol. Biotech.* 2 (1993) 333–337.
- [14] D. Cesaroni, F. Venanzetti, G. Allegrucci, V. Sbordoni, Mitochondrial DNA length variation and heteroplasmy in natural populations of the European sea bass, *Dicentrarchus labrax*, *Mol. Biol. Evol.* 14 (1997) 560–568.
- [15] C. Lemaire, J.J. Versini, F. Bonhomme, Maintenance of genetic differentiation across a transition zone in the sea: discordance between nuclear and cytoplasmic markers, *J. Evol. Biol.* 18 (2005) 70–80.
- [16] M. Naciri, C. Lemaire, P. Borsa, F. Bonhomme, Genetic study of the Atlantic/Mediterranean transition in sea bass (*Dicentrarchus labrax*), *J. Hered.* 90 (1999) 591–596.
- [17] L. Bahri-Sfar, C. Lemaire, O.K. Ben Hassine, F. Bonhomme, Fragmentation of sea bass populations in the western and eastern Mediterranean as revealed by microsatellite polymorphism, *Proc. R. Soc. Lond. B* 267 (2000) 929–935.
- [18] S. Launey, F. Krieg, P. Haffray, J.S. Bruant, A. Vanniers, R. Guyomard, Twelve new microsatellite markers for gilthead seabream (*Sparus aurata* L.): characterisation, polymorphism and linkage, *Mol. Ecol. Notes* 3 (2003) 457–459.
- [19] R. Almuly, Y. Poleg-Danin, S. Gorshkov, G. Gorshkova, B. Rapoport, M. Soller, Y. Kashi, B. Funkenstein, Characterization of the flanking region of the growth hormone gene of the marine teleost, gilthead sea bream *Sparus aurata*: analysis of a polymorphic microsatellite in the proximal promoter, *Fish Sci.* 71 (2005) 479–490.
- [20] A. Astola, M. Ortiz, J.A. Caldach-Giner, J. Perez-Sanchez, M.M. Valdivia, Isolation of *Sparus auratus* prolactin gene and activity of the *cis*-acting regulatory elements, *Gen. Comp. Endocrinol.* 134 (2003) 57–61.
- [21] J.G. Williams, A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, S.V. Tingey, DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids Research* 18 (1990) 6531–6535.
- [22] K. Belkhir, P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste, F. Bonhomme, Genetix version 4.02, un logiciel pour l'analyse des données en génétique des populations, université Montpellier-2, France, 2000, <http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix.htm>.
- [23] X. Vekemans, T. Beauwens, M. Lemaire, I. Roldan-Ruiz, Data from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers show indication of size homoplasy and of a relationship between degree of homoplasy and fragment size, *Molecular Ecology* 11 (2002) 139–151.
- [24] M. Lynch, B.G. Milligan, Analysis of population genetic structure with RAPD markers, *Molecular Ecology* 3 (1994) 91–99.
- [25] B.S. Weir, C.C. Cockerham, Estimating F statistics for the analysis of populations structure, *Evolution* 38 (6) (1984) 1358–1370.
- [26] J. Reynolds, B.S. Weir, C.C. Cockerham, Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance, *Genetics* 105 (1983) 767–779.
- [27] G. Barnabé, L'élevage du loup et de la daurade, in : *Aquaculture*, vol. 2, Lavoisier, 1989, pp. 675–720.