



HAL
open science

Génétique des populations de *Beryx mollis* et *B. splendens*

Philippe Borsa, Galice Hoarau

► **To cite this version:**

Philippe Borsa, Galice Hoarau. Génétique des populations de *Beryx mollis* et *B. splendens*. Les Assises de la recherche française dans le Pacifique, Noumea, Nouvelle Calédonie, août 2004, Aug 2004, Noumea, Nouvelle-Calédonie. ird-00797650

HAL Id: ird-00797650

<https://ird.hal.science/ird-00797650>

Submitted on 7 Mar 2013

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Génétique des populations de *Beryx mollis* et *B. splendens*

Population genetics of ***Beryx mollis*** and ***B. splendens***. - Nuclear and mitochondrial DNA markers have been used previously to validate the distinction of two sibling species of alfoncino, ***Beryx mollis*** and ***B. splendens***. Here we report on the geographic structure of alfoncino (mainly ***B. splendens***) at different geographic scales. High levels of gene flow were inferred at local and regional scales. Significant genetic differences were detected between populations of different oceans.

Les techniques et les concepts de la génétique des populations renouvellent notre vision de la biologie et de l'écologie des organismes marins. Parmi ces derniers, et malgré leur intérêt économique, les poissons de profondeur restent mal connus.

Deux espèces du genre *Beryx* (*B. decadactylus* et *B. splendens*) sont présentes sur les monts sous-marins et sur les pentes continentales des zones tropicales et tempérées des trois océans. Une troisième espèce (*B. mollis*) n'est à ce jour connue que de l'Indo-Pacifique. Bien que leurs morphologies soient difficilement distinguables (Fig. 1), *B. mollis* et *B. splendens* constituent deux espèces biologiques avérées [1, 2], parfaitement distinctes dans les phylogénies moléculaires (p. ex. Fig. 2). Les béryx sont exploités par la grande pêche [3]

Nous nous sommes intéressés à la structure géographique de ces deux espèces, à l'aide de marqueurs génétiques nucléaires polymorphes en longueur (intron 1 du gène de l'aldolase-*B*, *anonyme*) et mitochondriaux (polymorphisme de séquence du gène du cytochrome *b*). Au total, 58 *B. mollis* pêchés en Nouvelle-Calédonie et 276 *B. splendens* originaires des trois océans ont été analysés.



Fig. 1 *Beryx splendens* (en haut) et *B. mollis* (en bas)

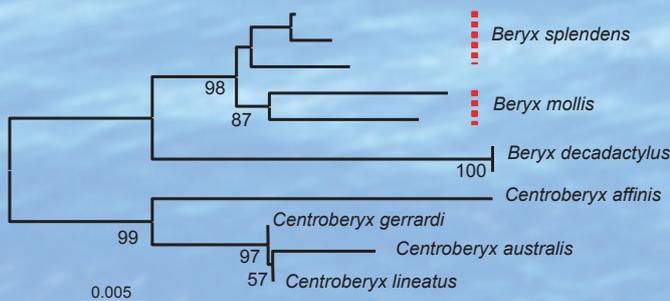


Fig. 2 *Beryx* spp. Arbre phylogénétique (Neighbor-Joining, modèle de Kimura à 2 paramètres) des séquences de l'intron 1 du gène de l'aldolase-*B*

Tableau 1 *Beryx* spp. Différentiation génétique [théta de Weir & Cockerham] à différentes échelles géographiques

Espèce,	Echelle géographique		
	Calédonie	Pacifique SW	Océan mondial
<i>Beryx mollis</i>			
cytochrome <i>b</i>	-0.053 ^{NS}	-	-
aldolase- <i>B</i>	-0.009 ^{NS}	-	-
<i>Beryx splendens</i>			
cytochrome <i>b</i>	0.003 ^{NS}	-0.013 ^{NS}	0.387 ^{***}
aldolase- <i>B</i>	0.004 ^{NS}	-0.009 ^{NS}	-0.003 ^{NS}
anonyme	0.000 ^{NS}	-	0.061 [*]

NS non significatif ; * $P < 0.050$; *** $P < 0.001$

Aucune différence génétique significative n'apparaît aux échelles géographiques locale (différents monts sous-marins autour de la Nouvelle-Calédonie) ni régionale (Pacifique SW : comparaison Calédonie / Nouvelle-Zélande) (Tableau 1). Des différences importantes sont observées au locus mitochondrial entre populations de l'Atlantique et de l'Indo-Pacifique. Cependant, même à cette échelle géographique, la différenciation génétique aux locus nucléaires reste faible (locus *anonyme*) voire absente (locus *aldolase-B*).

En conclusion, les flux géniques entre populations apparaissent comme très élevés, sauf à l'échelle mondiale en ce qui concerne le locus mitochondrial chez *B. splendens*. Ce contraste entre familles de marqueurs (nucléaire vs mitochondrial) rappelle celui observé chez le thon obèse, autre espèce océanique à distribution pan-tropicale [4].

Plusieurs hypothèses sont envisagées : Contact secondaire récent entre *B. splendens* de l'Atlantique et de l'Indo-Pacifique ? Flux génique unidirectionnel entre les deux océans ? Homing des femelles ? On voit que les travaux présentés ici méritent d'être approfondis. Pour cela, il paraît nécessaire d'augmenter le nombre de marqueurs nucléaires ainsi que le nombre et la taille des échantillons des trois océans.

Remerciements à : F. Bonhomme, R. Daley, R. Grandperrin, C. Lemaire, P. Lorange, B. Richer de Forges, D. Tracey, R.D. Ward; CNRS-FREMER URM 16, CSIRO Hobart, NIWA, ZoNéCo ; N.O. *Alis, Opéra, Tangaroa*

[1] Hoarau G, Borsa P, Bonhomme F, Grandperrin R (1999) Documents Scientifiques et Techniques, IRD Nouméa, Série II 1: 1-39

[2] Hoarau G, Borsa P (2000) Comptes Rendus de l'Académie des Sciences, Série III 323: 315-325

[3] Lehodey P, Grandperrin R (1994) Fisheries Newsletters 71: 30-36

[4] Chow S, Okamoto H, Hiramatsu K, Barut N (2000) Molecular Ecology 9: 221-227