

Utilisation des marqueurs allozymiques dans la détermination des espèces de Mugilidae de la lagune Merja Zerga (Littoral atlantique du Maroc)

Use of allozyme markers for determination of species of Mugilidae in the Merja Zerga lagoon (Northern Moroccan Atlantic coast)

H. Nouiri*, H. Jaziri & T. Benazzou

Laboratoire de Zoologie, Département de biologie, Faculté des sciences, BP1014, av Ibn Battota, Agdal, 10106 Rabat, Maroc. * E-mail: nouiri_hicham@hotmail.com

Recibido el 26 de enero de 2007. Aceptado el 24 de octubre de 2007.

ISSN: 1130-4251 (2007), vol. 18, 73-77

Au Maroc, bien que les Mugilidae soient d'un grand intérêt économique, les tentatives de synthèses systématiques et génétiques sont inexistantes, alors que ces études sont d'une importance majeure pour une meilleure gestion.

Les Mugilidae de la lagune de Merja Zerga du littoral atlantique Nord du Maroc sont représentés par cinq espèces (*Liza ramada*, *Liza aurata*, *Liza saliens*, *Chelon labrosus*, *Mugil cephalus*). Nous nous proposons d'utiliser des marqueurs allozymiques pour la détermination des cinq espèces de Mugilidae.

Un total de 318 individus a été échantillonné durant la période s'étalant de décembre 2003 à décembre 2004 (60 *L. aurata*; 62 *L. ramada*; 60 *M. cephalus*; 62 *C. labrosus* et 74 *L. saliens*), l'identification des espèces sur le terrain est faite sur des critères morphologiques en se basant sur les fiches FAO, mais en raison de la grande similarité morphologique des Mugilidae et dont les stades juvéniles sont parfois indissociables, les échantillons sont conservés pour analyse génétique. Des fragments de muscle et de foie de 1g sont broyés puis dilués dans de l'eau distillée, la séparation des variants électrophorétiques est faite par électrophorèse horizontale sur gel d'amidon à 12% (Pasteur *et al.*, 1988). Le tampon Tris 0.06 M citrate pH 8.0 (Harris & Hopkinson, 1976; Papa *et al.*, 2003) est utilisé comme tampon pour le

gel et les électrodes, à des concentrations différentes. La migration dure 4 h au réfrigérateur (3-6°C).

Un total de 7 systèmes enzymatiques correspondant à 12 locus présumés, montrant une très bonne résolution et une reproductibilité satisfaisante, ont été analysés (Tableau I.). Les fréquences alléliques, le taux d'hétérozygotie observé (H_o) et calculé (H_e) et la distance de NEI (1972) sont calculés en utilisant le programme Genetix (Belkhir *et al.*, 1996-2007).

L'analyse de la variabilité génétique des 12 locus montre un polymorphisme faible chez les 5 espèces. Trois locus seulement se sont montrés polymorphes, α GPD chez *L. aurata*, *L. ramada*, et *L. saliens*, GPI-1 et GPI-2 chez *C. labrosus*. Par contre aucun locus n'est polymorphe chez *M. cephalus*.

Plusieurs locus se sont montrés diagnostiques, et particulièrement α GPD qui permet d'identifier les 5 espèces, polymorphe chez *L. ramada* et *L. saliens* avec 2 allèles à la fois par espèce, et monomorphe pour les 3 autres espèces, l'extrait de foie a révélé dans l'étude de Papatotiropoulos *et al.* (2001) deux locus pour le système α GPD, le premier avec 4 allèles et le second avec 5 allèles. IDH-m monomorphe avec 3 allèles, IDH-f monomorphe aussi et diagnostique entre le genre *Liza*, *M. cephalus* et *C. labrosus* avec la présence de 3 allèles, Papatotiropoulos *et al.* (2001) a trouvé le même nombre d'allèle pour IDH-m sauf qu'il est polymorphe chez *L. saliens* et deux locus distincts pour IDH-f avec 4 allèles par locus, par contre on retrouve le même profil pour MDH-m2 monomorphe et diagnostique pour *M. cephalus*. ME-1 monomorphe et il ne s'exprime que chez *M. cephalus* et ME-2 monomorphe avec 4 allèles, alors que Papatotiropoulos *et al.* (2001) a identifié ME-1 polymorphe chez les 5 espèces avec 2 allèles par espèce et ME-2 avec le même nombre d'allèle qu'on a trouvé mais polymorphe chez *M. cephalus* et *L. ramada*. Les différences constatées pour certains locus en commun entre la présente étude et les résultats de Papatotiropoulos *et al.* (2001) peuvent être dûs à l'origine géographique différente, ou/et aux variations techniques propres à chaque laboratoire.

L'estimation du degré de divergence entre les 5 espèces, est obtenue par calcul de la distance génétique D de Nei (1972) à partir des fréquences alléliques. La plus petite valeur ($D = 0,42$) sépare *L. ramada* et *L. aurata*, alors que la plus grande valeur ($D = 1,7$) est obtenue entre *M. cephalus* et *C. labrosus*. La distance entre les genres *Chelon*, *Mugil*, et *Liza* est comprise entre 0,76 et 1,7. Alors qu'à l'intérieur du genre *Liza* la distance entre les trois espèces est comprise entre 0,42 et 0,76. On constate que les distances génétiques trouvées intra et inter-genre sont légèrement supérieures à celles proposées par Papatotiropoulos *et al.* (2001), ce dernier définit un intervalle de 0.666 à 1.171 au niveau inter-genre et de 0.249 à 0.530

Tableau I.—Fréquences alléliques des 12 locus enzymatiques analysés. N: nombre de spécimens par espèce. Les locus MDH-m1, LDH-f sont identiques chez les cinq espèces.

Table I.—Allelic frequencies of the 12 enzymatic loci analysed. N: number of specimens for each species. The locus MDH-m1, LDH-f were identical in the five species.

Locus	Allèles	<i>M. cephalus</i>	<i>C. labrosus</i>	<i>L. saliens</i>	<i>L. aurata</i>	<i>L. ramada</i>
N		60	61	73	60	61
<i>IDH-m</i>	100	1	0	0	0	0
	125	0	1	0	1	1
	160	0	0	1	0	0
<i>IDH-f</i>	60	0	1	0	0	0
	80	1	0	0	0	0
	100	0	0	1	1	1
<i>MDH-m2</i>	120	0	0	0	0	0
	100	1	0	0	0	0
	166	0	1	1	1	1
<i>ME-1</i>	nul	0	1	1	1	1
	100	1	0	0	0	0
<i>ME-2</i>	70	0	0	0	1	1
	90	0	0	1	0	0
	100	1	0	0	0	0
<i>sAAT</i>	110	0	1	0	0	0
	100	1	0	1	1	1
	125	0	1	0	0	0
<i>LDH-m</i>	80	0	0	1	1	1
	90	0	1	0	0	0
	100	1	0	0	0	0
<i>αGPD</i>	72	0	0	0	0,15	0
	90	0	0	0	0,85	0
	100	1	0	0	0	0
	110	0	0	0,109	0	0
	125	0	0	0	0	0,742
	130	0	1	0	0	0
<i>GPI-1</i>	140	0	0	0	0	0,258
	150	0	0	0,891	0	0
	80	0	0,92	1	0	0
	86	0	0,08	0	0	0
	100	1	0	0	1	0
	110	0	0	0	0	1
<i>GPI-2</i>	66	0	0,92	0	0	0
	75	0	0,08	0	0	0
	80	0	0	1	1	0
	93	0	0	0	0	1
	100	1	0	0	0	0
He		—	0,1483	0,1928	0,255	0,398
Ho		—	0,0968	0,1662	0,1667	0,2258

à l'intra-genre, nos valeurs de distance génétique élevées peuvent être en relation avec les différents locus examinés, à des différences au niveau des procédures expérimentales, ou attribuables à la taille petite des échantillons des espèces comparées.

Les données de distance génétique sont cohérentes avec la taxonomie classique, en rapprochant les trois espèces du genre *Liza*, et respecte l'unité taxonomique «genre» au sein de ce groupe, et consolide le rôle diagnostique de ces locus allozymiques dans la détermination des cinq espèces.

Ho est compris entre 0,09 et 0,22, He est supérieure à Ho chez les 4 espèces polymorphes, ce qui montre un déficit en hétérozygotes, ces valeurs basses de H ont aussi été retrouvées par d'autres chercheurs chez plusieurs espèces de mugilidés (Menezes *et al.*, 1992; Rossi *et al.*, 1998; Papisotiropoulos *et al.*, 2001). Papisotiropoulos *et al.* (2001) suggèrent que les différentes valeurs de H retrouvée dans les différents travaux seraient dues à une dynamique différente des populations, car il a souvent été montré que les organismes appartenant à une large population ont une Ho élevée, par rapport à ceux vivant dans de petites populations (Gyllensten, 1985). Dans la présente étude les valeurs faibles d'hétérozygotie observées sont peut être dues aux tailles petites des populations étudiées, ou le résultat d'un goulot d'étranglement dû par exemple à une surpêche.

Le choix des allozymes comme marqueurs diagnostiques est essentiel dans ce groupe, en raison de la grande similitude morphologique et écologique des cinq espèces dont les stades juvéniles sont parfois indissociables, de même l'utilisation de l'organe pharyngo-branchial ou les otolithes n'ont pas montré une meilleure efficacité. Nos investigations ont permis l'identification des cinq espèces en utilisant des locus allozymiques et spécialement α GPD, Les données de distance génétique basées sur les allozymes sont cohérentes avec le statut taxonomique actuel de chaque espèce, et consolide d'avantage le rôle diagnostique de ces locus allozymiques dans la détermination des cinq espèces.

BIBLIOGRAPHIE

- BELKHIR, K.; BORSA, P.; CHIKHI, L.; GOUDET, J. & BONHOMME, F. 1996-2007. Genetix version 4, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, UPR CNRS 9060, Université Montpellier-2, France.
- GYLLENSTEN, U. 1985. The genetic structure of fish differences in the intraspecific distribution of biochemical genetic variation between marine, anadromous and freshwater species. *Journal of Fish Biology*, 26: 691-699.
- HARRIS, H. & HOPKINSON, D.A. 1976. *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. North Holland Publishing Company. Amsterdam. 176 pp.

- MENEZES, M.R.; MARTIN, M. & NAIK, S. 1992. Interspecific genetic divergence in grey mullets from the Goa region. *Aquaculture*, 105: 117.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106: 283-292.
- PAPA, R.; MARZANO, F.N.; ROSSI, V. & GANDOLFI, G. 2003. Genetic diversity and adaptability of two species of Mugilidae (Teleostei: Perciformes) of the Po river delta coastal lagoons. *Oceanology Acta*, 26: 121-128.
- PAPASOTIROPOULOS, V.; KLOSSA-KILIA, E.; KILIAS, G. & ALAHOTIS, S. 2001. Genetic divergence and phylogenetic relationships in grey mullets (Teleostei: Mugilidae) using allozyme data. *Biochemical Genetics*, 39: 155-168.
- PASTERUR, N.; PASTERUR, G.; BONHOMME, F.; CATALAN, J. & BRITTON-DAVIDIAN, J. 1988. Practical isozyme genetics. Halsted Press. News York. 215 pp.
- ROSSI, A.R.; CAPULA, M.; CROSETTI, D.; CAMPTON, D.E. & SOLA, L. 1988. Genetic divergence and phylogenetic inferences in five species of Mugilidae (Pisces: Perciformes). *Marine Biology*, 131: 213-218.

