

Identification d'espèces cryptiques par l'utilisation combinée des approches phylogénétiques et de génétique des populations

Jean-Dominique Durand, UMR 5119 ECOLAG, IRD Dakar

La systématique emploie principalement les caractères morphométriques pour identifier les espèces et déterminer leurs relations phylogénétiques. Pourtant, la variabilité morphométrique ne reflète pas forcément les processus évolutifs qui déterminent les divergences au sein d'un groupe d'organismes, et l'absence de différences morphométriques ne témoigne pas nécessairement d'une homogénéité génétique. Ce problème est devenu particulièrement évident avec le développement de la biologie moléculaire et des méthodes d'analyse statistique en génétique des populations, en fournissant un accès direct à la variabilité génétique. De nombreuses espèces cryptiques ont ainsi récemment été identifiées au sein d'organismes qui ne présentent pas de différences morphométriques notables, en particulier dans le milieu marin où l'apparente absence de barrière physique constituerait un frein à l'isolement génétique et aux processus de spéciation.

La famille des Mugilidae est l'une des familles de poissons côtiers les plus représentée dans les mers du globe et constitue une ressource halieutique capitale pour de nombreux pays du sud. Pourtant, la systématique de cette famille demeure incertaine du fait de la faible variabilité morphométrique des mugilidés. La nomenclature fait toujours l'objet d'un débat intense tout comme le statut taxonomique de certaines espèces en particulier du mulot *Mugil cephalus*, car présent dans la quasi totalité des milieux côtiers de par le monde. Afin de fournir un nouvel aperçu de la phylogénie et de la systématique de cette famille et de déterminer l'existence d'espèces cryptiques chez *Mugil cephalus* en particulier, une double approche a été employée : d'une part la reconstruction des liens phylogénétiques à l'aide de la variabilité de séquences de gènes mitochondriaux (cytochrome oxydase I [COI], cytochrome b, ARNr 16S) et d'autre part l'estimation des flux de gènes entre certaines lignées mitochondriales de *Mugil cephalus*, à l'aide de marqueurs microsatellites.

Si les reconstructions phylogénétiques démontrent que les caractères morphométriques sont largement insuffisants pour fournir une image cohérente des liens phylogénétiques au sein des Mugilidae, toutes soulignent la proximité génétique des individus identifiés comme *M. cephalus*. A l'échelle mondiale cette espèce est composée de grandes lignées mitochondriales généralement très structurées géographiquement. En Afrique de l'Ouest, de la Mauritanie à l'Angola, une seule lignée mitochondriale a été identifiée parmi la douzaine de lignées mitochondriales observées mondialement. Alors que ces lignées présentent des distributions fortement allopatrique, dans le Nord Ouest Pacifique, 3 lignées peuvent être présentes en sympatrie. Si les niveaux de divergences observés entre toutes ces lignées mitochondriales (+ de 2% sur le COI) questionnent le statut taxonomique de ces lignées, ils ne constituent pas la preuve définitive pour l'existence d'espèces cryptiques. Pour répondre à cette question, une approche de génétique des populations a été menée dans le Nord Ouest Pacifique. 643 individus ont ainsi été génotypés à l'aide de 8 loci microsatellites et d'un marqueur mitochondrial (COI). La structure des populations a été explorée à l'aide de la méthode d'assignation de Pritchard et al. (2000), méthode qui cherche à regrouper les individus quelque soit leur origine géographique en minimisant le déséquilibre de Hardy Weinberg et en maximisant l'équilibre de liaison entre les loci au sein des groupes. A partir uniquement des données microsatellites, l'ensemble des individus a été assigné à 3 populations correspondant à l'une des trois lignées mitochondriales. Ce résultat souligne l'absence de flux génique entre les individus de lignées mitochondriales différentes et donc que ces lignées sont des espèces cryptiques au sein de *M. cephalus*. Une réflexion sur l'origine et le maintien de ces espèces sera menée.