

Impact de l'élevage sur la structure génétique des populations méditerranéennes de *Dicentrarchus labrax*

Lilia Bahri-Sfar¹, Christophe Lemaire², Béatrice Chatain³, Pascal Divanach⁴, Oum Kalthoum Ben Hassine¹ et François Bonhomme^{2,a}

¹ Laboratoire de Biologie et Parasitologie marines, Faculté des Sciences de Tunis, Campus Universitaire, 2092 Tunis, Tunisie

² Laboratoire Génome, Populations, Interactions, Adaptation, UMR 5171, CNRS-IFREMER-Université de Montpellier 2, Station méditerranéenne de l'Environnement littoral, 1 quai de la Daurade, 34200 Sète, France

³ Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (Ifremer), Station expérimentale de Palavas, Chemin de Maguelone, 34250 Palavas-Les-Flots, France

⁴ Institute of Marine Biology of Crete, PO Box 2214, 71003 Héraklion, Grèce

Reçu le 8 avril 2004 ; Accepté le 7 octobre 2004

Résumé – Une analyse phylogéographique de quinze échantillons de *Dicentrarchus labrax* dont cinq sont originaires de Méditerranée occidentale, sept de Méditerranée orientale et trois échantillons d'élevage en provenance de trois piscicultures françaises a été effectuée à partir du polymorphisme de six locus microsatellites. Parmi les échantillons orientaux, trois ne se regroupent pas en fonction de leur origine géographique, mais plutôt avec le groupe occidental. Ces échantillons présentent également une diversité allélique légèrement réduite, indiquant qu'ils proviennent d'un nombre limité de géniteurs d'origine occidentale. Parmi les stocks d'élevage, un seul montre une réduction significative de la variabilité génétique, ce qui indique que ces cheptels sont ouverts et font largement appel à des géniteurs sauvages. L'utilisation d'alevins d'origine occidentale pour ensemercer les premières fermes d'élevage du bassin oriental remonte au plus tard au début des années 80. Ceci soulève la question des mécanismes biologiques expliquant le maintien de poissons d'origine occidentale dans un contexte oriental pendant au moins deux ou trois générations.

Abstract – Impact of aquaculture on the genetic structure of Mediterranean populations of *Dicentrarchus labrax*. A phylogeographic analysis based on 6 polymorphic microsatellites was performed on 15 sea bass samples, five from Western Mediterranean, seven from Eastern Mediterranean and three coming from French aquaculture stocks. Among the eastern samples, three did not cluster according to their geographic origin but rather with the occidental group. Furthermore, a somewhat lower allelic diversity was observed within these particular samples, indicating that they originated from a limited number of progenitors of foreign origin. Among the aquaculture stocks, only one revealed a significant reduction of genetic variability, indicating that these stocks are largely outbred and open to wild fishes. The fact that the use of occidental fingerlings to seed broodstocks in the eastern basin facilities dates back to the early 80s at the latest poses the question of the biological mechanisms explaining the maintenance of fish from occidental origin within an oriental context for two or three generations.

Key words: Molecular marker / Escapes / Farmed populations / *Dicentrarchus labrax*

1 Introduction

L'impact de l'élevage sur les populations naturelles, et celui de la pisciculture en particulier, est une question d'actualité, car le nombre d'individus relâchés ou échappés dans le milieu naturel peut être relativement grand comparé aux effectifs sauvages. Les questions fréquemment posées depuis plus de dix ans (Skaala et al. 1990) ont trait à l'incidence génétique des mélanges qui peuvent en résulter (on trouve fréquemment employé le terme de « pollution » génétique) et

à leurs conséquences phénotypiques, voire adaptatives. Une abondante littérature existe sur les salmonidés tels que la truite ou le saumon, où les interactions entre individus d'élevage et sauvages peuvent être intentionnelles (reempoisonnements souvent massifs pour la truite mais aussi pour le saumon) ou accidentelles (échappés d'élevages pour le saumon).

Chez la truite commune, des phénomènes d'introgression génétique plus ou moins importants ont été mis en évidence depuis une vingtaine d'année (Guyomard 1989 ; Weiss et al. 2001), la tendance générale qui émerge de ces études est la faible pénétration génétique des génotypes d'élevage à l'intérieur des populations naturelles comparativement aux effectifs

^a Auteur correspondant : bonhomme@crit.univ-montp2.fr

souvent énormes relâchés dans la nature (Poteaux et al. 1999 ; Berrebi et al. 2000 ; Hansen et al. 2000). Les mêmes constatations ont été rapportées pour le saumon (Martinez et al. 2001). Chez cette espèce, en plus du repêchage, on compte 2 millions de saumons atlantiques qui s'échappent tous les ans dans l'Atlantique Nord (McGinnity 2003). Ces échappés sont capables de se reproduire dans le milieu naturel (Volpe et al. 2001 ; McGinnity et al. 1997). De ce fait, de nombreuses études se sont intéressées à l'impact de la salmoniculture sur les différents stocks naturels (McGinnity et al. 1997 ; Fleming et al. 2000 ; McGinnity et al. 2003). Toutes ont confirmé que l'introduction de saumons d'élevage pouvait provoquer, quand elle était massive, des changements génétiques (réduction de la diversité des populations naturelles) démographiques (baisse du succès reproductif à cause de déficiences comportementales), physiologiques (réduction du taux de survie et de la croissance des hybrides dans le milieu naturel) témoignant d'une compétition pour les ressources.

En ce qui concerne les poissons strictement marins, nous disposons de beaucoup moins de recul (Skaala et al. 1990) car (i) la diffusion des techniques de pisciculture marine est encore assez récente, (ii) la connaissance des populations naturelles est encore incomplète pour beaucoup d'espèces. Cependant, au moins un cas fait exception, celui du loup commun (ou bar), *Dicentrarchus labrax*. Pour cette espèce en effet, les techniques aquicoles sont bien maîtrisées depuis plus de vingt ans et ont donné lieu au développement de nombreuses fermes piscicoles situées principalement autour de la Méditerranée. Par ailleurs, une série de travaux récents permet de donner une image assez précise de la structuration des populations naturelles à travers l'aire de répartition de cette espèce (Allegrucci et al. 1997 ; Naciri et al. 1999 ; Bahri-Sfar et al. 2000).

Il semblait donc possible pour cette espèce, d'essayer de répondre aux questions suivantes : i) les pratiques piscicoles impriment-elles des caractéristiques génétiques propres aux cheptels d'élevage ? ii) Si oui, ces caractéristiques permettent-elles d'identifier des individus échappés ou relâchés en mer et de mesurer l'impact de leur descendance en cas de reproduction ?

C'est ce à quoi nous nous sommes attachés dans le présent travail où nous caractérisons génétiquement les cheptels reproducteurs de trois piscicultures du littoral méditerranéen et des animaux prélevés dans le milieu naturel en Méditerranée occidentale et orientale.

2 Matériel et méthodes

2.1 Echantillonnage

Les échantillons de l'espèce *Dicentrarchus labrax* que nous avons utilisés dans notre étude sont les suivants :

- Huit échantillons de Méditerranée analysés par Bahri-Sfar et al. (2000) qui représentent la diversité génétique des populations naturelles de Méditerranée occidentale (4 échantillons) et orientale (4 échantillons) et qui nous servent de référence.
- Deux échantillons réputés issus du milieu naturel provenant du golfe de Tunis (TGTU), de la lagune de Bardawil en Egypte (YEGL).

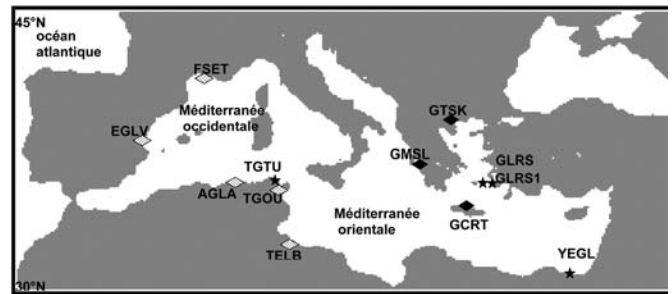


Fig. 1. Localisation géographique des échantillons.

Fig. 1. Geographical origin of samples.

- Deux échantillons de l'île de Leros (archipel des Sporades du sud, Grèce), l'un capturé dans le milieu naturel dans la région (GLRS1) et l'autre (GLRS2) capturé non loin des cages d'élevage, installées en mer dans cette même île (Fig. 1). Nous savons également que l'élevage installé dans l'île de Leros a été initié en 1980 avec des alevins provenant des côtes françaises de la Méditerranée occidentale (Palavas).
- Trois échantillons d'élevage en provenance de trois piscicultures française de la côte méditerranéenne. Les individus de ces échantillons constituent les stocks de géniteurs utilisés pour la production d'alevins en éclosier.

L'ensemble de ces échantillons (Tab. 1) a été analysé pour les 6 mêmes locus microsatellites et avec les mêmes techniques que celles présentées par Bahri-Sfar et al. (2000).

2.2 Analyse phylogénétique

L'analyse de données a consisté à positionner les nouveaux échantillons sur l'arbre des distances génétiques de Reynolds et al. (1983) construit selon la méthode du Neighbor-Joining (Saitou et Nei 1987) grâce au logiciel PHYLIP v. 3.6 (Felsenstein 1993). La robustesse des nœuds est testée par la procédure de bootstrap telle que proposée dans PHYLIP. La matrice des distances génétiques ainsi que les valeurs de *Fst* par paire d'échantillons sont calculées grâce au logiciel GENETIX 4.02 (Belkhir et al. 2001).

Une analyse de la diversité génétique, mesurée par le nombre moyen d'allèles par locus a également été conduite.

2.3 Diversité génétique

La diversité de chacun des échantillons présentant des caractéristiques particulières (échantillons d'élevage ou populations non conformes à leur origine géographique supposée) a été comparée à l'attendu, sous l'hypothèse de leur appartenance à la métapopulation globale. Pour ce faire, nous avons considéré un échantillon regroupant les 4 populations de Méditerranée occidentale de l'étude précédente (Bahri-Sfar et al. 2000) (AGLA, FSET, EGLV, TGOU). Par tirage aléatoire d'individus dans cet échantillon global, représentant le pool génique de Méditerranée occidentale, nous obtenons la distribution du nombre d'allèles attendu sous l'hypothèse de l'appartenance à une population sauvage pour chaque taille d'échantillon.

Tableau 1. Caractéristiques et localisation des échantillons analysés. *: F2 de géniteurs sauvages.**Table 1.** Characteristics and geographical origins of samples. *: F2 from wild progenitors.

Origine géographique	Echantillons	Code	N	Provenance	Fournisseur	Année de capture	Réf.
<i>Méditerranée occidentale :</i>							
Golfe du Lion	Sète	FSET	26	Milieu naturel	F. Garcia de Leon	1994	a
Golfe de Valence	Valence	EGLV	37	Milieu naturel	F. Garcia de Leon	1994	a
Golfe de Tunis	Goulette	TGOU	32	Milieu naturel	L. Bahri-Sfar	1997	b
Golfe d'Annaba	Golfe d'Annaba	AGLA	34	Milieu naturel	H. Kara	1994	a
<i>Méditerranée orientale :</i>							
Golfe de Gabès	Lagune d'El Biban	TELB	63	Milieu naturel	L. Bahri-Sfar	1996	b
Mer Ionienne	Messolongi*	GMSL	33	Milieu naturel	T. Patarnello	1996	b
Mer Egée	Crète (Iraklion)	GCRT	6	Milieu naturel	P. Divanach via T. Patarnello	1992	b
Mer Egée	Thessaloniki	GTSK	30	Milieu naturel	F. Bonhomme	1997	b
<i>Echantillons particuliers</i>							
	Golfe de Tunis	TGTU	11	Marché au poissons		1995	np
	Ile de Leros (mer Egée)	GLRS1	11	Milieu naturel	P. Divanach	1998	np
	Ile de Leros (mer Egée)	GLRS2	30	Milieu naturel	P. Divanach	1998	np
	Lagune de Bardawil (Egypte)	YEGL	30	Milieu naturel	V. Sbordoni	1991	b
	Pisciculture B	FEED	30	Pisciculture	B. Chatain	1997	np
	Pisciculture C	FEED	64	Pisciculture	B. Chatain	1997	np
	Pisciculture F	FPAC	33	Pisciculture	B. Chatain	1993	np

N : Effectif ; Réf. a : Garcia de Leon et al. (1997) ; b : Bahri-Sfar et al. (2000) ; np : données non publiées.

3 Résultats

L'arbre phylogénétique de la Figure 2 montre une topologie particulière du fait que trois échantillons récoltés à l'est du bassin oriental (île de Leros : GLRS1 et GLRS2 et lagune de Bardawil : YEGL) ne se regroupent pas avec les échantillons provenant du même bassin, mais avec ceux du bassin occidental, quelle que soit la provenance de ces derniers. Quant aux trois échantillons des piscicultures, deux d'entre eux se regroupent avec la Méditerranée-ouest, et le troisième apparaît intermédiaire entre le groupe Méditerranée-ouest et le groupe Méditerranée-est.

Le nœud qui sépare le groupe formé par les échantillons de loups occidentaux (incluant Leros1 et 2 et Bardawil) de celui des loups orientaux n'est pas très robuste (44 %) dans cette analyse, mais il prend la valeur de 65,4 % si on enlève les échantillons de pisciculture, pour atteindre 67 % si l'on se restreint aux seuls 8 échantillons de référence. Dans l'étude initiale sur un échantillonnage plus important des deux bassins (Bahri-Sfar et al. 2000), le nœud séparant les deux groupes avait une robustesse de 88 %.

L'analyse des valeurs de F_{st} par paire d'échantillons (Tab. 2) montre des valeurs très significatives entre YEGL, GLRS1, GLRS2 et les autres échantillons prélevés en Méditerranée orientale (moyenne $F_{st} = 0,055$). Ces valeurs sont plus fortes que celles observées entre ces trois échantillons eux-mêmes (moyenne $F_{st} = 0,032$) ainsi qu'entre les 4 échantillons de référence de Méditerranée orientale (moyenne $F_{st} = 0,030$) malgré l'appartenance de ces échantillons à des mers différentes : mer Ionienne pour GMSL, mer Egée Nord pour GTSK, mer Egée Sud pour GCRT et Grande Syrte pour TELB. Ceci est en accord avec les regroupements observés sur l'arbre de la Figure 2.

3.1 Cas de l'échantillon du golfe de Tunis II

Quoique très différencié des autres échantillons, l'échantillon du golfe de Tunis II (TGTU) est composé d'individus d'origine occidentale. En effet, les valeurs de F_{st} entre cet échantillon et les échantillons golfe de Tunis I (TGOU), Sète (FSET), Valence (EGLV) et golfe d'Annaba (AGLA) sont toutes inférieures à 0,1 (moyenne par paire = 0,065), ce qui n'est pas le cas avec ceux du bassin oriental (valeurs toutes supérieures à 0,10, moyenne par paires = 0,12). Néanmoins, les valeurs de différenciation entre TGTU et les autres échantillons restent fortes, ce qui se traduit sur l'arbre par une longue branche (Fig. 2).

TGTU est le seul échantillon qui montre un excès en hétérozygotes très significatif (F_{is} multilocus = $-0,215$ $p < 0,001$) alors que tous les autres présentent un déficit (F_{is} moyen = 0,051, Tab. 3). Comme cela a déjà été signalé dans les précédentes études (Garcia de Leon et al. 1997 ; Naciri et al. 1999 ; Bahri-Sfar et al. 2000) c'est le locus Labrax 6 qui est le principal responsable de ce déficit en hétérozygotes, probablement parce qu'il possède un allèle nul. Son élimination du jeu de données rétablit l'équilibre pour l'ensemble des autres échantillons (F_{is} sans Labrax 6 = 0,0059 N.S.). Néanmoins, même au locus Labrax 6, TGTU présente un excès d'hétérozygote ($F_{is} = -0,134$) tout à fait notable.

3.2 Nombre moyen d'allèles par locus

Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 5,66 (6 individus) à 17,67 (63 individus). D'après la distribution du nombre d'allèles attendus par tirage aléatoire dans une population sauvage globale représentant la métapopulation de Méditerranée occidentale, le nombre moyen d'allèles

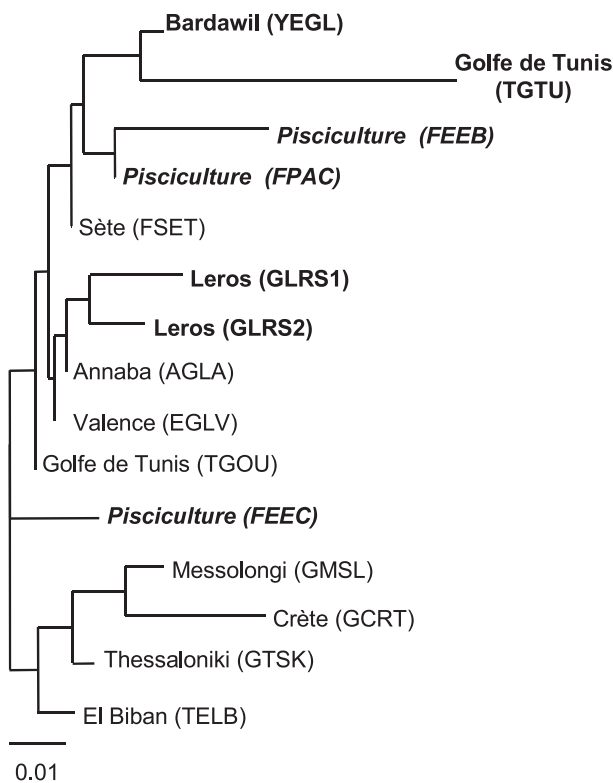


Fig. 2. Arbre phylogénétique de Neighbor-joining pour les 15 échantillons analysés basé sur la distance génétique de Reynolds (Reynolds et al. 1983); les sites marqués en gras correspondent aux échantillons d'élevage ainsi que ceux ayant des particularités des populations d'élevage.

Fig. 2. Neighbor-joining phylogenetic tree bases on Reynolds (Reynolds et al. 1983) genetic distance; Aquaculture stocks and samples showing some feature from aquaculture origin are in bold characters. FSET, AGLA, EGLV, TGOU are wild samples from the western basin, GMSL, GCRT, GTSK, TELB wild samples from the oriental basin. YEGL is from Egypt, and GLRS from Aegean sea, corresponding to probable escapees (see text).

de chaque échantillon particulier (YEGL, GLRS1, GLRS2, TGTU) semble significativement inférieur à ce qui est attendu dans un échantillon sauvage de même taille (Fig. 3). Quant aux populations d'élevage, seul l'élevage B (FEEB) présente une diversité génétique inférieure à ce qui est attendu ($Am_{33} = 8,5$; Am_{33} attendu = $15,96 \pm 0,49$).

4 Discussion et conclusion

4.1 Échantillons d'élevage

La caractérisation génétique des trois échantillons d'élevage provenant de piscicultures françaises méditerranéennes montre que les géniteurs ayant participé à la constitution des deux stocks FEEB et FPAC semblent avoir une origine occidentale puisqu'ils se regroupent sur l'arbre phylogénétique avec ceux de la Méditerranée occidentale. En revanche, l'échantillon FEEC semble intermédiaire entre les deux groupes méditerranéens occidental et oriental probablement à cause d'une origine mixte du stock.

Deux de ces populations d'élevage (FPAC et FEEB) ne semblent pas avoir perdu leur polymorphisme allélique ce qui nous laisse penser que ces échantillons proviennent de cheptels très ouverts faisant fréquemment appel à des géniteurs issus de populations naturelles. En revanche, l'échantillon de la pisciculture B (FEEB) présente un polymorphisme allélique moins important que les autres populations d'élevage ou naturelles (Fig. 3).

Deux hypothèses non mutuellement exclusives pourraient expliquer un tel résultat :

- un phénomène de goulot d'étranglement dû à un faible nombre d'individus fondateurs de ce stock ; la descendance serait alors le résultat de la reproduction d'un nombre très limité de géniteurs qui expliquerait la perte de polymorphisme liée au tri des génotypes ;
- un processus sélectif ; en effet, les géniteurs ayant alimenté l'écloserie B proviennent d'une ferme de grossissement utilisant de l'eau de mer dessalée (environ 5‰). Ils auraient donc pu être la cible d'une sélection (résistance différentielle à la baisse de salinité) (Allegrucci et al. 1997) qui aurait provoqué une baisse de leur diversité génétique.

Cependant, nous ne disposons pas de renseignements suffisants concernant la constitution du cheptel de l'écloserie B ou son mode de gestion (réintroduction ou non d'individus issus du milieu naturel) qui nous permettraient d'opter pour l'une des deux hypothèses, quoique la plus simple est celle du goulot d'étranglement.

Pour ce qui concerne l'échantillon particulier du golfe de Tunis II (TGTU) : il est clairement rattaché au groupe occidental mais présente néanmoins un faible niveau de variabilité se traduisant par une longue branche sur l'arbre phylogénétique. Ces résultats suggèrent qu'il ait une origine piscicole et non naturelle. Cette hypothèse est étayée par le fait que les deux échantillons du golfe de Tunis ; (TGTU) et (TGOU) ont été obtenus auprès de pêcheurs professionnels (respectivement en 1995 et 1997), et donc supposés avoir été pêchés au niveau du même site, or il existe au même endroit un marché de poissons d'élevage.

4.2 Échantillons occidentaux prélevés dans le milieu naturel oriental

La position particulière dans l'arbre phylogénétique des échantillons prélevés en Méditerranée orientale GLRS1, GLRS2 et YEGL indique qu'il pourrait s'agir d'échappés de piscicultures dont les stocks auraient été constitués à partir de poissons d'origine occidentale. Ceci serait corroboré par le fait que ces échantillons présentent une diversité allélique faible (Fig. 3), qui indiquerait sans doute l'utilisation d'un nombre limité de géniteurs.

Cette origine occidentale n'est pas surprenante car les premières exploitations piscicoles pratiquant l'élevage du loup se sont installées sur la rive Nord de la Méditerranée occidentale dans les années 70 (Barnabé 1971 ; Barnabé et René 1972) et il est notoire que des géniteurs de cette région aient été échangés un peu partout en Méditerranée. C'est le cas par exemple pour l'élevage de Leros, dont nous savons qu'il a été initié en 1980 avec des alevins provenant des côtes françaises de la

Tableau 2. Matrice de *Fst* selon Weir et Cockerham (1984). Les valeurs soulignées correspondent aux valeurs significatives après la correction de Bonferroni séquentielle (Rice 1989).**Table 2.** Matrix of pairwise *Fst* values according to Weir and Cockerham (1984). Underlined values are those that remain significant after the sequential Bonferroni correction.

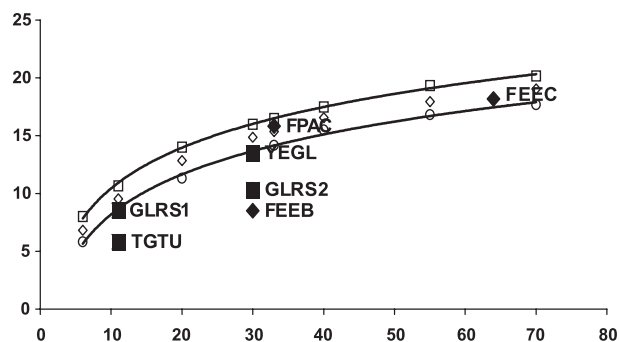
	Méditerranée orientale			Méditerranée occidentale								Pisciculture		
	GMSL	GCRT	GTSK	FSET	EGLV	TGOU	AGLA	TGTU	GLRS1	GLRS2	YEGL	FEEB	FEEC	FPAC
TELB	<u>0,029</u>	0,046	<u>0,016</u>	<u>0,014</u>	0,015	0,013	0,011	<u>0,099</u>	0,029	<u>0,045</u>	<u>0,039</u>	<u>0,059</u>	<u>0,036</u>	<u>0,029</u>
GMSL		0,031	0,026	<u>0,031</u>	<u>0,030</u>	<u>0,030</u>	<u>0,030</u>	<u>0,117</u>	<u>0,056</u>	0,063	<u>0,053</u>	<u>0,068</u>	<u>0,031</u>	<u>0,046</u>
GCRT			0,031	0,050	0,044	0,040	0,048	<u>0,148</u>	0,094	0,076	<u>0,077</u>	0,072	0,054	0,052
GTSK				0,020	<u>0,023</u>	0,011	0,014	<u>0,118</u>	0,038	0,048	<u>0,050</u>	<u>0,063</u>	0,021	<u>0,030</u>
FSET					-0,0003	-0,002	0,001	<u>0,053</u>	0,031	0,018	0,016	<u>0,033</u>	0,017	0,007
EGLV						0,002	-0,002	<u>0,067</u>	0,021	0,015	<u>0,020</u>	<u>0,036</u>	<u>0,024</u>	0,012
TGOU							-0,001	<u>0,074</u>	0,019	0,015	<u>0,032</u>	<u>0,041</u>	<u>0,020</u>	0,012
AGLA								<u>0,068</u>	0,013	0,016	<u>0,017</u>	<u>0,042</u>	<u>0,027</u>	<u>0,014</u>
TGTU									<u>0,094</u>	0,065	<u>0,059</u>	<u>0,081</u>	<u>0,094</u>	<u>0,074</u>
GLRS 1										0,026	0,033	<u>0,072</u>	<u>0,048</u>	0,035
GLRS 2											0,039	<u>0,049</u>	<u>0,044</u>	<u>0,028</u>
YEGL												<u>0,048</u>	<u>0,046</u>	<u>0,028</u>
FEEB													<u>0,051</u>	<u>0,027</u>
FEEC														<u>0,019</u>

Tableau 3. Valeurs de l'estimateur *f* du *Fis* selon Weir et Cockerham (1984), *Fis* multilocus et *Fis* multilocus sans Labrax 6. Les valeurs soulignées correspondent aux valeurs significatives après la correction de Bonferroni séquentiel (Rice 1989).**Table 3.** Values of the *f* estimator of *Fis* according to Weir and Cockerham (1984), multilocus *Fis*, and multilocus *Fis* without Labrax 6. Underlined values are those that remain significant after the sequential Bonferroni correction.

	<i>f</i>	
	Multilocus	Multilocus sans Labrax 6
Sète (FSET)	0,038	-0,029
Valence (EGLV)	0,046	0,041
Golfe de Tunis I (TGOU)	<u>0,087</u>	0,019
Golfe d'Annaba (AGLA)	0,028	-0,043
Lagune El Biban (TELB)	<u>0,076</u>	0,042
Messolongi (GMSL)	<u>0,036</u>	0,004
Crète (GCRT)	0,128	0,075
Thessaloniki (GTSK)	0,014	-0,069
Golfe de Tunis II (TGTU)	<u>-0,215</u>	<u>-0,231</u>
Leros (GLRS1)	-0,013	-0,065
Leros (GLRS2)	0,094	0,022
Lagune Bardawil (YEGL)	0,073	-0,055
Pisciculture B (FEEB)	-0,017	0,004
Pisciculture C (FEEC)	<u>0,108</u>	0,040
Pisciculture F (FPAC)	0,018	0,016

Méditerranée occidentale (Palavas). La question qui se pose maintenant est donc de savoir si les échantillons que nous avons observés proviennent d'échappés récents ou bien s'ils correspondent à des individus nés en mer de géniteurs introduits qui se seraient naturalisés.

Dans le cas de la lagune de Bardawil (YEGL), il semble que l'introduction remonte à plusieurs générations car un début d'aquiculture de cette espèce avait été pratiqué dans cette lagune à partir d'échantillons d'origine française avant la restitution du Sinaï à l'Égypte au début des années 1980.

**Fig. 3.** Distribution du nombre moyen d'allèles en fonction de la taille des échantillons.

La distribution représentée par les deux courbes montre les valeurs maximales et minimales obtenues lors de 100 tirages aléatoires dans une urne constituée des 4 échantillons sauvages occidentaux regroupés en un seul.

Fig. 3. Distribution of mean number of alleles as a function of sample size; The upper and lower curves show the maximal and minimal values obtained among 100 random samples drawn from an urn constituted of the 4 occidental wild samples grouped together.

□ Nombre moyen d'allèles maximal.

Maximal mean number of alleles.

◇ Nombre moyen d'allèles.

Mean number of alleles.

○ Nombre moyen d'allèles minimal.

Minimal mean number of alleles.

◆ Échantillons de pisciculture.

Aquaculture samples.

■ Échantillons particuliers.

Particular samples.

Quant aux échantillons de Leros (GLRS1 et GLRS2), ils démontrent qu'il est parfaitement concevable qu'un stock d'élevage puisse « fonctionner » pratiquement en circuit fermé bien que les éleveurs fassent appel à chaque génération à un certain pourcentage de géniteurs issus du milieu naturel, ce

qui est pratique courante pour éviter la consanguinité. L'échantillon GLRS1 avait été capturé en mer pour fournir des géniteurs « sauvages » pour enrichir le cheptel local, mais en fait, il a une origine génétique très voisine de ceux capturés près des cages (GLRS2). Il est donc probable que les poissons autochtones originaires de Méditerranée orientale ont peu contribué au stock d'élevage qui a été maintenu pendant plus de dix ans à Leros. Ces résultats montrent, ce qui n'est pas très surprenant, que des poissons peuvent s'échapper et grossir en mer non loin des installations d'élevage dont ils sont issus. Ce phénomène a été décrit chez le saumon où les fuites peuvent atteindre de 20 à 40 % du stock pêché en mer (Fergusson et al. 1995 ; McGinnity et al. 1997 et Volpe et al. 2001).

Quant à l'échantillon de la lagune de Bardawill (YEGL), nos données témoignent donc très probablement d'une reproduction *in situ*. Si l'existence d'une telle reproduction est confirmée, ceci serait la preuve d'un mécanisme biologique intéressant. En effet, bien qu'il n'existe pas *a priori* de barrière reproductive entre stocks domestiques et stocks sauvages en Méditerranée, la persistance dans la nature pendant plusieurs générations de stocks d'origine génétique occidentale dans un milieu peuplé par des loups orientaux est en faveur de l'existence de mécanismes assurant un certain degré d'homogamie. Si tel n'était pas le cas, on devrait assister en quelques générations à la perte de spécificité génétique des populations introduites si le nombre d'individus échappés atteignant le stade de la reproduction reste faible par rapport à celui des reproducteurs autochtones. Ces mécanismes favorisant la limitation du flux génique entre échappés et résidents pourraient être de nature comportementale (homogamie favorisant les croisements entre individus d'une même origine) ou physiologique, l'hypothèse d'un décalage de la période de reproduction n'étant pas exclue. En effet, rien ne dit que la biologie reproductive des *Dicentrarchus labrax* orientaux et occidentaux soit exactement identique, puisqu'il existe entre eux une différenciation génétique faible mais nette (Bahri-Sfar et al. 2000).

Références

- Allegrucci G., Fortunato C., Sbordoni V., 1997, Genetic structure and allozyme variation of sea bass (*Dicentrarchus labrax* and *D. punctatus*) in the Mediterranean sea. *Mar. Biol.* 128, 347-358.
- Bahri-Sfar L., Lemaire C., Ben Hassine O.K., Bonhomme F., 2000, Fragmentation of sea bass populations in the western and eastern Mediterranean as revealed by microsatellite polymorphism. *Proc. R. Soc. Lond. B* 267, 929-935.
- Barnabé G., René F., 1972, Reproduction contrôlée du loup *Dicentrarchus labrax* (Linné) et production en masse d'alevins. *C.R. Acad. Sci. Paris D* 275, 2741-2744.
- Barnabé G., 1971, Premiers résultats sur l'induction de la ponte de *Dicentrarchus labrax*. *Rapp. CNEXO*, Brest, pp. 1-10.
- Belkhir K., Borsa P., Goudet J., Chikhi L., Bonhomme F., 2001, Genetix v. 4.02. Logiciel sous Windows TM pour la génétique des Populations. Montpellier, France : Laboratoire Génome et Populations, Université de Montpellier 2.
- Berrebi P., Povz M., Jesensek D., Cattaneo-Berrebi G., Crivelli A.J., 2000a, The genetic diversity of native, stocked and hybrid populations of marble trout in the Soca river, Slovenia. *Heredity* 85, 277-287.
- Felsenstein J., 1993, Phylip 3.6, phylogeny inference package. Seattle, WA: University of Washington.
- Ferguson A., Taggart J.B., Prodohl P.A., McMeel O., Thompson C., Stone C., McGinnity P., Hynes R.A., 1995, Population and conservation: The application of molecular markers to the study and the conservation of fish populations, with special reference to salmon. *J. Fish Biol.* 47 (Suppl. A), 103-126.
- Fleming I.A., Hindar K., Mjølnerod I.B., Jonsson B., Balstad T., Lamberg A., 2000, Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proc. R. Soc. Lond. B* 267 (1452), 1517-1523.
- Garcia De Leon F.J., Chikhi L., Bonhomme F., 1997, Microsatellite polymorphism and population subdivision in natural populations of European sea bass *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758). *Mol. Ecol.* 6, 51-62.
- Guyomard R., 1989, Diversité génétique de la truite commune. *Bull. Fr. Pêche Piscic.* 314, 118-135.
- Hansen M., Ruzzante D.E., Nielsen E.E., Mensberg K.D., 2000, Microsatellite and mitochondrial DNA polymorphism reveals life-history dependent interbreeding between hatchery and wild brown trout (*Salmo trutta* L.). *Mol. Ecol.* 9, 583-594.
- Martinez J.L., Dumas J., Beall E., Vazquez E.G., 2001, Assessing introgression of foreign strains in wild Atlantic salmon populations: Variation in microsatellites assessed in historic scale collections. *Freshwater Biol.* 46, 835-844.
- McGinnity P., Stone C., Taggart J.B., Cooke D., Cotter D., Hynes R., McCamley C., Cross T., Ferguson A., 1997, Genetic impact of escaped farmed Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) on native populations: Use of DNA profiling to assess freshwater performance of wild, farmed, and hybrid progeny in a natural river environment. *ICES J. Mar. Sci.* 54, 998-1008.
- McGinnity P., Prodo P., Ferguson A., Hynes R., Maoile'idigh N., Baker N., Cotter D., O'Hea B., Cooke D., Rogan G., Taggart J., Cross T., 2003, Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. *Proc. R. Soc. Lond. B* 270, 2443-2450.
- Naciri M., Lemaire C., Borsa P., Bonhomme F., 1999, Genetic study of the Atlantic/Mediterranean transition in sea bass (*Dicentrarchus labrax*). *J. Hered.* 90, 591-596.
- Poteaux C., Bonhomme F., Berrebi P., 1999, Microsatellite polymorphism and genetic impact of restocking in Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* L.). *Heredity* 82, 645-653.
- Reynolds J., Weir B., Cockerham C., 1983, Estimation of the coancestry coefficient, basis for a short term genetic distance. *Genetics* 105, 767-779.
- Rice W., 1989, Analysis tables of statistical tests. *Evolution* 43, 223-225.
- Saitou N., Nei M., 1987, The neighbor-joining method: A new method for reconstruction phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4, 406-425.
- Skaala O., Dahle G., Jorstad K.E., Naevdal G., 1990, Interactions between natural and farmed fish populations: Information from genetic markers. *J. Fish Biol.* 36, 449-460.
- Volpe J. P., Taylor E.B., Rimmer D.W., Glickman B.W., 2001, Evidence of natural reproduction of aquaculture-escaped Atlantic salmon in a coastal British Columbia river. *Conserv. Biol.* 14, 899-903.
- Weir B., Cockerham C., 1984, Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358-1370.
- Weiss S., Schlötterer C., Waidbacher H., Jungwirth M., 2001, Haplotype (mt DNA) diversity of brown trout *Salmo trutta* in tributaries of the Austrian Danube: Massive introgression of Atlantic basin fish by man or nature? *Mol. Ecol.* 10, 1241-1246.