

Sci. Rep. Port-Cros natl. Park, 26: 265-268 (2012)

Etude génétique de la structure de la population de Rorquals communs présente en mer Ligure entre 2006 et 2010

**Thierry LEGAVRE¹, Denis ODY, Ronan RIVALLAN¹,
Amandine EYNAUDI², Aurélie TASCOTTI²,
Fabienne DELACOURTIE², Ange-Marie RISTERUCCI¹**

¹CIRAD, UMR AGA P; INRA, Sup-Agro, Université Montpellier 2, CIRAD - France

²WWF, 6 rue des Fabres, 13001 Marseille

*Contact : thierry.legavre@cirad.fr

En été, la population de rorquals communs présente dans le bassin nord occidental de la Méditerranée est estimée autour de 1800 individus (Notarbartolo-Di-Sciara *et al.*, 2003) dont environ 715 en mer Ligure (Gannier, 2006). Une question se pose toujours concernant cette population : est-ce une population ligurienne résidente de cette partie du bassin ou bien plusieurs sous populations qui se réunissent en mer Ligure pour l'occasion ?

L'utilisation à grande échelle de marqueurs moléculaires neutres permet d'obtenir des informations nouvelles sur la structuration de populations d'animaux sauvages, sur la diversité au sein d'une espèce. Ces informations permettent de reformuler des hypothèses sur les groupes la constituant, leur origine, leur migration, leur reproduction, etc. Cette question est fondamentale en conservation des espèces puisque la mise en évidence d'un brassage génétique entre les groupes fournit une garantie de « robustesse » d'une population donnée face à une épizootie par exemple.

Avec les outils moléculaires, il est aussi possible de déterminer le sexe des animaux. L'accès à cette information est important pour les analyses de génétique des populations et les études comportementales.

Les informations moléculaires sur les animaux biopsiés au cours des campagnes de 2006 à 2010 réalisées par le WWF-France (soit au total 150 individus) vont permettre de mieux caractériser la population estivale de rorquals communs en mer Ligure.

L'ensemble des analyses génétiques a été réalisée à partir de l'ADN extrait d'un fragment de peau de biopsie selon Risterucci *et al.*, (2005).

L'identification du sexe qui repose sur l'amplification des fragments d'ADN spécifiques du gène ZF-X (porté par le chromosome X) et du gène ZF-Y (porté par le chromosome Y) a été réalisée selon Bérubé et Palsboll (1996) sur la plateforme de génotypage du CIRAD (<http://umr-dap.cirad.fr/media/plateformes/genotypage> et robotique). Les résultats sont présentés ci-dessous.

	2006	2007	2008	2009	2010
Nb de biopsies	18	9	10	39	74
Femelle	45%	78%	50%	51%	47%
Mâle	55%	22%	50%	49%	53%

Le sex-ratio sur l'ensemble des campagnes 2006, 2008, 2009 et 2010 est globalement à l'équilibre, tandis qu'en 2007 il est largement en faveur des femelles mais avec un effectif faible assez peu représentatif.

L'identification génétique qui repose sur l'amplification de fragments d'ADN microsatellites spécifiques d'un locus donné et présentant du polymorphisme (plusieurs formes alléliques) a été réalisée selon Bérubé *et al.*, (1999) et Palsboll *et al.*, (1997).

Les données alléliques de huit locus microsatellites (soient 78 allèles) ont permis de dresser une carte d'identité génétique pour chaque individu. Ces cartes d'identités ont été confrontées entre elles permettant de mettre en évidence la recapture de plusieurs animaux à quelques mois d'intervalle, d'une année sur l'autre ou à quelques années d'intervalle. En effet, un animal a été biopsié en mai et en octobre 2006 tandis qu'un autre animal a été biopsié en août 2007 et en septembre 2009, un autre en septembre 2008 et en septembre 2009 et encore un autre en août 2008 et en septembre 2010.

Cette information confirme une certaine fidélité des animaux à ce site de mer Ligue.

Des analyses de Neighbor-Joining (NJ) ont été réalisées avec le logiciel DARwin (<http://darwin.cirad.fr/darwin/Home.php>). Cette méthode de NJ consiste à calculer des matrices successives de distances qui prennent en compte les divergences moyennes de chacune des unités taxonomiques opérationnelles avec les autres. Un arbre est alors construit en reliant les plus proches unités taxonomiques opérationnelles par des nœuds qui représentent un ancêtre commun.

L'arbre correspondant à l'intégration des données alléliques de huit microsatellites provenant des individus de 2006, 2007, 2008, 2009 est présenté figure 1.

Chaque individu « recapturé » sort sur une même branche avec une probabilité que l'homologie soit vraie de 100%.

La structuration de cet arbre est nette et met en évidence un classement des animaux en trois groupes.

Références

- BERUBE M. and PALSROLL P.J. (1996). - Identification of sex in Cetaceans by multiplexing with three ZFX and ZFY specific primers *Molecular Ecology* 1996, 5, 283–287.
- BÉRUBÉ M., JORGENSEN H., ROSS MCEWING R. and PALSROLL P.J. (1999). - Polymorphic di-nucleotide microsatellite loci isolated from the humpback whale, *Megaptera novaeangliae* *Molecular Ecology*, 9, 2155–2234.
- GANNIER A. (2006). - Summer cetacean population in the Pelagos Marine Sanctuary (northwest Mediterranean): distribution and abundance. *Mammalia* 2006: 17–27.
- NOTARBARTOLO DI SCIARA G, ZANARDELLI M, JAHODA M, PANIGADA S, AIROLDI S. 2003. - The fin whale, *Balaenoptera physalus*. (L. 1758), in the Mediterranean Sea. *Mammal Review* 33: 105–150.
- PALSROLL P.J., BÉRUBÉ M., LARSEN A.H. and JORGENSEN H. (1997). - Primers for the amplification of tri- and tetramer microsatellite loci in baleen whales. *Molecular Ecology* 6, 893–895.
- RISTERUCCI A.M., DUVAL M.F., ROHDE W., BILLOTTE N. (2005). - Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. *Molecular ecology notes* 5:745-748.

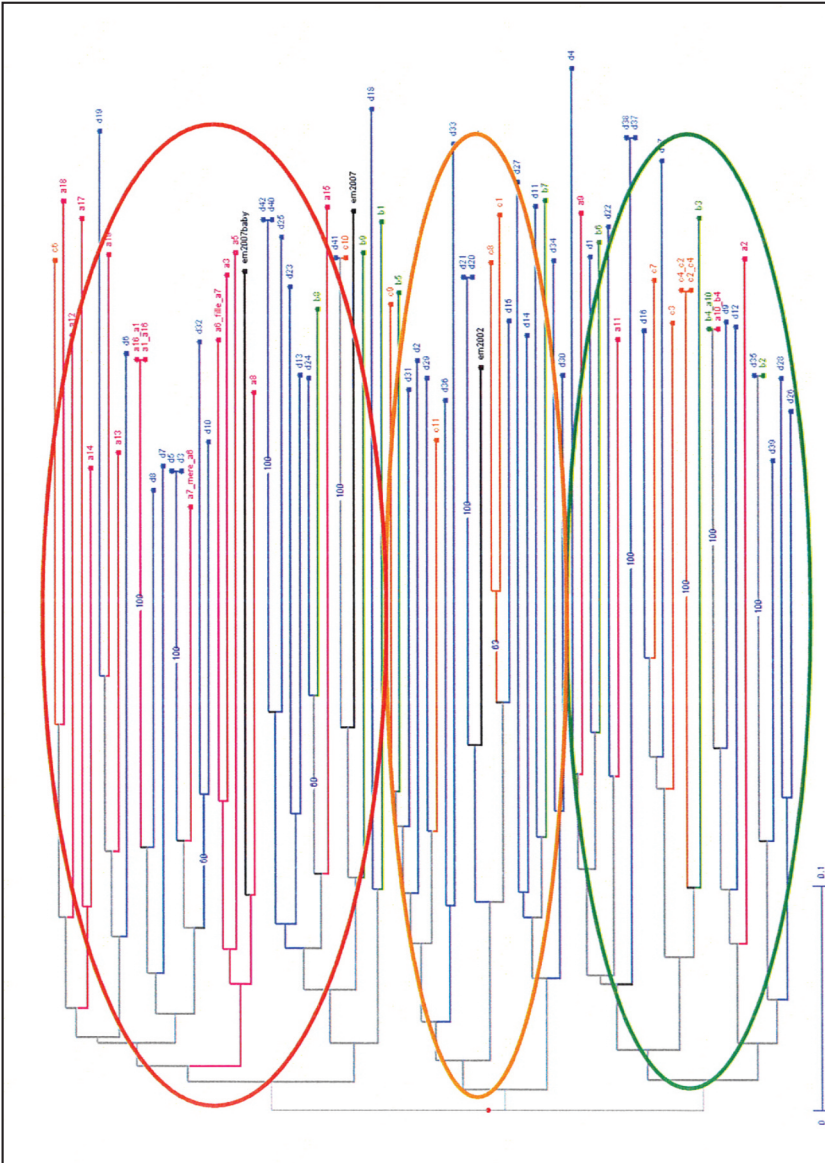


Figure 1. Représentation arborée de l'analyse de Neighbor-Joining basée sur les données de génotypage des individus biopsiés de 2006 (rose), 2007 (vert), 2008 (orange), 2009 (bleu) et échoués.