

ETUDE SYSTÉMATIQUE, PHYLOGÉNÉTIQUE ET PHYLOGÉOGRAPHIQUE DE QUELQUES ESPÈCES DE PATELLES

Zoheir Bouzaza ^{1*} and Karim Mezali ¹

¹ Faculté des sciences Exactes et Sciences de la Nature et de la Vie - riskemall@yahoo.fr

Abstract

Une étude phylogénétique et phylogéographique sur quelques espèces de Gastéropodes prosobranches a été réalisée sur la côte algérienne afin de comprendre le patron de connectivité entre leurs populations, en expliquant par les données paléontologiques les causes de leur divergence. Ceci nous a donné une idée sur la plasticité morphologique des patelles étudiées puisque l'aspect morphologique ne pouvait pas toujours être un critère de rapprochement intraspécifique. Aussi, nous avons pu constater que la divergence et la répartition géographique entre les espèces de patelles étudiées concordait avec certains bouleversements paléontologiques, ce qui pourrait être la cause des divergences des espèces étudiées.

Keywords: Biogeography, Algerian Sea

Introduction: le but de ce travail est d'étudier la phylogénie et la phylogéographie de deux gastéropodes Prosobranches [*Patella rustica* (Pr) et *Patella ferruginea* (Pf)] pour comprendre les modèles de connectivité entre leurs populations, en expliquant, par les données paléontologiques, les causes de leurs différences, leur répartition et leurs réponses aux changements environnementaux.

Matériel et méthodes: l'échantillonnage a été fait dans quelques stations de la côte Algérienne. Après avoir identifié les espèces morphologiquement, nous avons effectué le travail moléculaire (extraction d'ADN, PCR, séquençage de l'ADN ...) en utilisant le marqueur mitochondrial « COI ». Les résultats de séquences de l'ADN mitochondrial obtenus ont été traités à l'aide de quelques logiciels tel que « codon code Aligner 3.7.1 » disponible en (<http://www.codoncode.com/aligner>) pour l'alignement de séquence, "MEGA 5.03" (Tamura et al., 2011) pour la construction d'un arbre phylogénétique suivant la méthode du maximum de vraisemblance "ML" en utilisant le modèle de "Juke-Cantor (1969)" et « Network 4.6 » (Polzin & Daneschmand, 2011) pour la construction d'un réseau d'haplotypes en utilisant le procédé « Median Joining ». Nous avons utilisé le modèle de « l'horloge détendue » avec une distribution log-normale du taux de substitution en utilisant deux valeurs différentes (0,6% et 1,2% par million d'années "MA") Hellberg & Vacquier (1999).

Résultats et discussion: les données génétiques nous ont montré que certains individus morphologiquement identifiés autant que *Patella rustica* appartiennent en fait à l'espèce *Patella caerulea* (Pc) (Fig. 1).

ferruginea (Rouxii et Lamarkii)

(J. Christiaens, 1973) sont situées dans un même clade avec des morphotypes appartenant à la même espèce. Le réseau d'haplotypes (Fig. 2) montre qu'il existe une distribution en étoile des espèces étudiées qui peut être expliquée par une récente explosion démographique après le dernier maximum glaciaire.

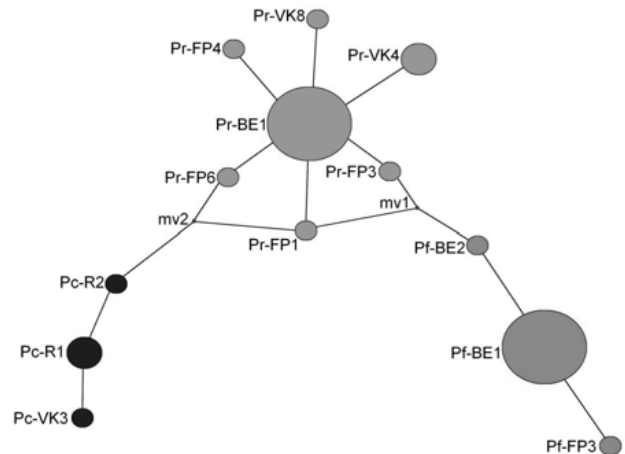


Fig. 2. Réseaux d'haplotypes représentant les espèces de patelles étudiées. Pf, *Patella ferruginea* ; Pr, *Patella rustica* ; Pc, *Patella caerulea*.

La divergence entre les espèces *Patella ferruginea* et *Patella rustica* étudiées se situe entre 8,25 et 4,125 MA, cela aurait pu être produit pendant l'ère Messinien où le niveau de la mer avait diminué considérablement, ce qui a donné lieu à un isolement génétique créant une spéciation allopatrique.

References

- Christiaens J. 1973. Révision du genre *Patella* (Mollusca, Gastropoda). *Bulletin du Muséum National d'Histoire Naturelle (Sér 3)*, 182 :1305-1392.
- Hellberg M. E. & Vacquier V. D. 1999. Rapid evolution of fertilization selectivity and lysine DNA sequences in teguline gastropods. *Molecular Biology and Evolution*, 16 : 839–848.
- Jukes T.H. & Cantor C.R. 1969. Evolution of protein molecules. In: Munro HN, editor, *Mammalian Protein Metabolism*, Academic Press, New York, pp. 21-132.
- Polzin T. & Daneschmand S. V. 2011. NetWork 4.6. Copyright (2004–2011), Fluxus technology Ltd., disponible sur : www.fluxus-technology.com.
- Tamura K., Peterson D., Stecher G., Nei M., Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis. Software version 5.03, *Bioinformatics*. <http://www.megasoftware.net/>



Fig. 1. Arbre phylogénétique des espèces étudiées établi par la méthode « ML » avec un nombre de répliques bootstrap de 100.

L'arbre phylogénétique (Fig. 1) nous montre que les deux formes de *Patella*