

République Algérienne Démocratique et Populaire



Université Abdelhamid Ibn  
Badis-Mostaganem  
Faculté des Sciences de la  
Nature et de la Vie

جامعة عبد الحميد بن باديس  
مستغانم  
كلية علوم الطبيعة والحياة



DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE

MÉMOIRE DE FIN D'ÉTUDES

Présenté par

**BOUDRAF CHAIMA**

Pour l'obtention du diplôme de

**MASTER EN SCIENCES BIOLOGIQUES**

**Spécialité : Génétique fondamentale et appliquée**

THÈME

**Étude phylogéographique et de la diversité génétique  
du crabe bleu *Portunus segnis* (Forskål, 1775)**

Soutenu le : 30/06/2025

DEVANT LE JURY COMPOSÉ DE :

Présidente	DAHMANI Chahinez Amira	MCA	U. Mostaganem
Encadrant	MANSOURI Toufik	MAA	U. Mostaganem
Examinatrice	BRAHAMI Nabila	MCA	U. Mostaganem

Année universitaire 2024/2025

## *Remerciements*

Je rends grâce à **Dieu** tout-puissant pour m'avoir accordé la force, la patience et la persévérance nécessaires à l'accomplissement de ce travail. Sans sa volonté, rien de tout cela n'aurait été possible.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à toutes les personnes qui, de près ou de loin, ont contribué à la réalisation de ce mémoire de master. Mes remerciements les plus sincères s'adressent tout particulièrement à :

Madame **DAHMANI Chahinez Amira**, **Maître de Conférences "A"** au département de **Biologie**, qui me fait l'honneur de présider ce jury. Qu'elle trouve ici l'expression de ma respectueuse reconnaissance.

Madame **BRAHAMI Nabila**, **Maître de Conférences "A"** au département de **Biologie**, qui, malgré de nombreuses responsabilités, a bien voulu examiner ce mémoire. Je lui témoigne toute ma gratitude pour l'attention qu'elle y a portée.

Monsieur **MANSOURI Toufik**, encadrant de ce travail et **chef de département** de Biologie, dont la rigueur scientifique, les conseils avisés et la grande disponibilité ont été déterminants dans l'accomplissement de cette étude. Je lui suis profondément reconnaissante pour la richesse de ses orientations, la confiance qu'il m'a accordée, et l'intérêt constant qu'il a manifesté pour la réussite de ce modeste mémoire de Master. Qu'il trouve ici l'expression de mon estime et de ma reconnaissance les plus sincères.

## *Dédicaces*

À celle qui a veillé sur mes nuits, priée pour moi sans relâche, À celle qui m'a appris l'amour inconditionnel et le don sans retour... À ma chère mère, symbole de tendresse et de force, je te dédie ce travail, fruit de ta patience, de tes sacrifices et de ton amour infini.

À celui qui a été mon appui dans toutes les épreuves, À celui qui m'a enseigné la rigueur et la persévérance, à mon père bien-aimé, je te remercie du fond du cœur, en espérant être toujours à la hauteur de tes attentes.

À ma famille, mes frères et sœurs, Merci pour votre amour, votre soutien et votre présence constante. Votre confiance a été ma force dans les moments les plus difficiles.

À mes enseignants, qui ont partagé avec nous leur savoir et leur expérience, je vous adresse tout mon respect et ma profonde gratitude.

À mes camarades du Master Génétique, merci pour ces années riches en partage, en solidarité et en belles amitiés.

Et tout particulièrement, À Monsieur Toufik Mansouri, je vous dédie cette étape importante de mon parcours. Votre soutien constant, vos conseils éclairés et votre écoute bienveillante ont été une véritable source de motivation. Merci d'avoir cru en moi et de m'avoir accompagnée avec patience et professionnalisme.

À toutes les personnes qui m'ont soutenue, encouragée ou simplement crue en moi, je vous dédie ce travail comme signe de reconnaissance et de profonde gratitude.

## Résumé

---

*Portunus segnis*, ou crabe bleu nageur, est une espèce invasive originaire de l'Indo-Pacifique, qui colonise progressivement les côtes méditerranéennes, notamment la Tunisie, Malte et plus récemment l'Algérie. Ce mémoire a pour objectif de retracer l'origine des populations méditerranéennes à travers des analyses phylogénétiques et haplotypiques basées sur le gène mitochondrial COI. Les résultats phylogénétiques montrent une claire séparation entre les populations indopacifiques et celle de l'Iran et la mer méditerranée, et révèlent une forte proximité génétique entre les individus d'Iran, de Tunisie et de Malte, suggérant une origine probable en Iran, suivie d'une expansion vers l'ouest de la Méditerranée. Les analyses de diversité génétique confirment cette structure : les populations originaires de l'Indo-Pacifique présentent une diversité relativement élevée et une déviation significative de l'équilibre neutre, indiquant une expansion démographique récente ou une sélection purifiante. À l'inverse, les populations de l'Iran et méditerranéennes montrent une diversité plus modérée et des signes d'évolution neutre, ce qui pourrait refléter une introduction récente, mais avec un effectif fondateur conséquent ou des introductions multiples. Cette étude met en évidence la dynamique d'expansion de cette espèce marine invasive et souligne l'importance de sa surveillance biologique et écologique, compte tenu de ses impacts potentiels sur la biodiversité locale et sur les activités socio-économiques côtières.

**Mots clés :** Crabe bleu, espèce invasive, phylogénie, diversité génétique, Méditerranée.

---

## Abstract

*Portunus segnis*, also known as the blue swimming crab, is an invasive species native to the Indo-Pacific region that is progressively colonizing Mediterranean coasts, notably in Tunisia, Malta, and more recently Algeria. This thesis aims to trace the origin of Mediterranean populations through phylogenetic and haplotypic analyses based on the mitochondrial COI gene. Phylogenetic results show a clear separation between Indo-Pacific populations and those from Iran and the Mediterranean Sea, and reveal a strong genetic proximity among individuals from Iran, Tunisia, and Malta, suggesting a probable origin in Iran followed by a westward expansion across the Mediterranean. Genetic diversity analyses support this structure: Indo-Pacific populations exhibit relatively high diversity and a significant deviation from neutrality, indicating either a recent demographic expansion or purifying selection. In contrast, Iranian and

Mediterranean populations show more moderate diversity and signs of neutral evolution, which could reflect a recent introduction, potentially involving a substantial founding population or multiple introduction events. This study highlights the expansion dynamics of this invasive marine species and underlines the importance of continued biological and ecological monitoring, given its potential impacts on local biodiversity and coastal socio-economic activities.

**Key words:** blue swimming crab, invasive species, phylogenetics, haplotypes, genetic diversity, Mediterranean Sea

---

## الملخص

*Portunus segnis*، المعروف باسم السلطعون الأزرق السباح، هو نوع غازي موطنه الأصلي منطقة الهندو-باسيفيك، وقد بدأ في استعمار السواحل المتوسطية تدريجياً، لاسيما في تونس ومالطا ومؤخراً في الجزائر. يهدف هذا البحث إلى تتبع أصل هذه التجمعات في البحر الأبيض المتوسط من خلال تحاليل فيلوجينية وتحاليل الأنماط الفردانية، استناداً إلى جين COI الميتوكوندري. أظهرت النتائج الفيلوجينية فصلاً واضحاً بين التجمعات القادمة من منطقة المحيط الهندي الهادي وتلك القادمة من إيران ومنطقة البحر الأبيض المتوسط، كما كشفت عن تقارب وراثي كبير بين الأفراد من إيران وتونس ومالطا، مما يشير إلى أصل محتمل في إيران، تلاه انتشار نحو غرب البحر المتوسط. تدعم تحاليل التنوع الوراثي هذه البنية؛ حيث أظهرت التجمعات الأصلية من الهندي الهادي تنوعاً وراثياً مرتفعاً وانحرافاً مهماً عن التوازن الحيادي، مما يدل على توسع سكاني حديث أو اختيار تنقيحي. في المقابل، أظهرت تجمعات إيران والبحر الأبيض المتوسط تنوعاً معتدلاً ومؤشرات على تطور حيادي، ما قد يعكس إدخالاً حديثاً مع عدد مؤسس كبير أو إدخالات متعددة. تسلط هذه الدراسة الضوء على ديناميكية انتشار هذا النوع البحري الغازي، وتؤكد على ضرورة مراقبته بيولوجياً وبيئياً، نظراً لتأثيراته المحتملة على التنوع البيولوجي المحلي والأنشطة الاقتصادية الساحلية.

**الكلمات المفتاحية:** نوع غازي، السرطان الأزرق السباح، فيلوجينية، التنوع الوراثي، البحر الأبيض المتوسط

---

# Sommaire

<b>Introduction</b> .....	<b>1</b>
<b>CHAPITRE 01 : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE</b> .....	<b>2</b>
<b>(PARTIE 01)</b> .....	<b>2</b>
<b>I. QUELQUES CONCEPTS DE BASE EN BIOLOGIE EVOLUTIVE</b> .....	<b>2</b>
I.1. <i>Espèce</i> .....	2
I.2. <i>Dérive génétique</i> .....	3
I.3. <i>Spéciation</i> .....	3
I.3.1. Modes de spéciation .....	3
I.4. <i>La migration en milieu marin</i> .....	5
<b>II. ESPECE INVASIVE</b> .....	<b>6</b>
II.1. <i>Causes de l'invasion des espèces marines</i> .....	6
II.2. <i>Situation en Méditerranée</i> .....	7
II.3. <i>Conséquences sur la biodiversité et les espèces autochtones</i> .....	7
II.4. <i>Les Portunidés</i> .....	7
II.4.1. Taxonomie de la famille <i>Portunidae</i> (Rafinesque, 1815).....	8
II.4.2. <i>Portunus segnis</i> (Forskål, 1775).....	8
<b>III. DYNAMIQUE D'INVASION DE <i>PORTUNUS SEGNIS</i> EN MEDITERRANEE</b> .....	<b>10</b>
III.1. <i>Voies d'invasion et distribution historique</i> .....	10
<b>CHAPITRE 01 : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE</b> .....	<b>16</b>
<b>(PARTIE 02)</b> .....	<b>16</b>
<b>I. BANQUES DE DONNEES BIOLOGIQUES</b> .....	<b>15</b>
<b>II. ALIGNEMENT DE SEQUENCES</b> .....	<b>15</b>
II.1. <i>Alignement global</i> .....	15
II.2. <i>Alignement local</i> .....	15
II.3. <i>Modèle d'évolution moléculaires</i> .....	16
<b>CHAPITRE 02 : MATERIELS ET METHODES</b> .....	<b>17</b>
<b>I. LA MEDITERRANEE</b> .....	<b>17</b>
I.1. <i>Description géographique des divers bassins</i> .....	17
I.2. <i>Description hydrodynamique</i> .....	18
<b>II. MATERIEL ET METHODES</b> .....	<b>20</b>
II.1. <i>Problématique et objectif de l'étude</i> .....	20
II.2. <i>Acquisition des séquences d'ADN</i> .....	21
II.3. <i>Alignement des séquences</i> .....	22
II.4. <i>Sélection du modèle de substitution</i> .....	23
II.5. <i>Construction de l'arbre phylogénétique</i> .....	23
II.6. <i>Analyse des haplotypes</i> .....	23
II.7. <i>Analyse phylogénétique</i> .....	23
<b>CHAPITRE 03 : RESULTATS ET DISCUSSIONS</b> .....	<b>26</b>
<b>CONCLUSION</b> .....	<b>30</b>
<b>REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES</b> .....	<b>32</b>

# Liste des figures

FIGURE 1 : REPRESENTATION SCHEMATIQUE DES MODES DE SPECIATION EN FONCTION DU CONTEXTE SPATIAL ....	5
FIGURE 2 : SCHEMA D'UN CYCLE DE VIE BENTHO-PELAGIQUE .....	6
FIGURE 3 PORTUNUS SEGNIS DU GOLFE ARABO-PERSIQUE OCCIDENTAL (GIRALDES ET AL., 2016). (A–D) MALES, (E–H) FEMELLES. ÉCHELLE : 1 CM (A–H).....	9
FIGURE 4 INVASION DE P. SEGNIS DE LA MER MEDITERRANEE. SOURCE : SEANOE: OFFICE DE L'ENVIRONNEMENT DE LA CORSE.....	10
FIGURE 5: COURBE CUMULATIVE DES OCCURRENCES DE P. SEGNIS EN MEDITERRANEE, AVEC INDICATION DES TROIS PHASES DU PROCESSUS D'INVASION : ARRIVEE, ETABLISSEMENT ET EXPANSION (CASTRIOTA ET AL., 2022). L'ASTERISQUE (*) MARQUE LA PREMIERE OCCURRENCE ENREGISTREE EN MEDITERRANEE EN 1898.....	11
FIGURE 6: DISTRIBUTION DE PORTUNUS SEGNIS EN MER MEDITERRANEE ACCOMPAGNEE DE LA CARTE CUMULATIVE DE DENSITE PAR NOYAU (CASTRIOTA ET AL., 2022).....	12
FIGURE 7: RESULTATS DE L'ANALYSE DES POINTS CHAUDS (GETIS–ORD Gi) ET DE L'ANALYSE DES CLUSTERS ET DES VALEURS ABERRANTES (ANSELIN LOCAL MORAN'S I) SUR LES OCCURRENCES DE PORTUNUS SEGNIS EN MER MEDITERRANEE (CASTRIOTA ET AL., 2022). ....	13
FIGURE 8: PREMIER SIGNALEMENT DE P. SEGNIS SUR LA COTE ALGERIENNE (PLAGE AOUKA ET BAZOUL, WILAYA DE JIJEL). GOOGLE EARTH 2025. ....	13
FIGURE 9: A : DOMMAGES CAUSES AUX ENGINES DE PECHE PAR LE CRABE BLEU ; B : DOMMAGES CAUSES PAR P. SEGNIS AUX CAPTURES DE LA PECHE ARTISANALE DANS LE GOLFE DE GABES (FILETS CALES ET FILETS MAILLANTS) ; C : BLESSURES PROVOQUEES PAR LES PINCES DES CRABES ; D : ÉCRASEMENT DU CRABE A L'AIDE D'UN TYPE DE MARTEAU PILON. (SOUISSI ET AL., 2024). ....	14
FIGURE 10: BATHYMETRIE EN KILOMETRE DE LA MER MEDITERRANEE (KESSOURI, 2015).....	17
FIGURE 11 : BASSINS ET SOUS BASSINS DE LA MER MEDITERRANEE. (MILLOT AND TAUPIER-LETAGE, 2005).....	18
FIGURE 12 : SCHEMA SIMPLIFIE DE LA CIRCULATION EN 3 COUCHES DE LA MEDITERRANEE, LE LONG D'UNE RADIALE DU DETROIT DE GIBRALTAR, A LA MER LEVANTINE (KESSOURI, 2015). ....	19
FIGURE 13: CIRCULATION GENERALE DE SURFACE DANS LA MER (MILLOT AND TAUPIER-LETAGE, 2005). ....	20
FIGURE 14: TELECHARGEMENT DES SEQUENCES DE L'ADN MITOCHONDRIAL COI DE P. SEGNIS DEPUIS LE NCBI SOUS FORMAT FASTA.....	21
FIGURE 15: ALIGNEMENT DES SEQUENCES DE P. SEGNIS PAR LE LOGICIEL BIOEDIT. ....	22
FIGURE 16: ARBRE PHYLOGENETIQUE DE P. SEGNIS PAR LA METHODE DE MAXIMUM DE VRAISEMBLANCE.....	26
FIGURE 17: RESEAU D'HAPLOTYPE DE P. SEGNIS. ....	27

## Liste des tableaux

Tableau 1 : Acronymes, localités d'échantillonnage, et couleurs utilisées pour les haplotypes des individus de *P. segnis*.....22

Tableau 2 : Résultats des analyses de diversité génétique pour les deux groupe G01 et G02. N : nombre de séquences, S : Nombre de sites polymorphes, Eta : Nombre total de mutations,  $\pi$  : diversité nucléotidique et Theta ( $\theta$ ) : diversité attendue sous neutralité.....29

# Introduction

Les invasions biologiques marines représentent aujourd'hui l'une des principales menaces pour la biodiversité des écosystèmes côtiers. L'introduction d'espèces exotiques dans des zones hors de leur aire de répartition naturelle, souvent facilitée par les activités humaines telles que le transport maritime, peut avoir des conséquences écologiques, économiques et sociales majeures. Ces espèces dites "invasives" entrent souvent en compétition avec les espèces indigènes pour les ressources, peuvent modifier les habitats naturels, et engendrer des déséquilibres dans les chaînes trophiques locales. Sur le plan économique, certaines invasions marines affectent directement la pêche artisanale et industrielle, provoquent des pertes économiques importantes, et nécessitent des coûts de gestion élevés. Dans ce contexte, la détection précoce et la compréhension des voies d'introduction et des dynamiques de dispersion de ces espèces invasives sont essentielles pour anticiper les risques et mettre en place des mesures de gestion efficaces.

C'est dans cette optique que s'inscrit la présente étude sur l'espèce invasive *Portunus segnis*, un crabe bleu largement distribué dans l'océan Indien et récemment signalé dans différentes régions du bassin méditerranéen, notamment en Tunisie, à Malte, et plus récemment en Algérie. En s'appuyant sur des séquences du gène mitochondrial COI (Téléchargées depuis le NCBI), nous avons exploré la structuration génétique de populations issues de plusieurs régions à travers le monde (Pakistan, Singapour, Iran, Tunisie et Malte), afin de déterminer les relations phylogénétiques entre ces populations et d'identifier l'origine probable des individus méditerranéens.

**Chapitre 01 : Synthèse  
Bibliographique  
(Partie 01)**

## I. Quelques concepts de base en biologie évolutive

### I.1. Espèce

L'espèce représente une unité fondamentale de la classification biologique et de l'évolution. Sa définition a fait l'objet de nombreux débats et dépend des concepts mobilisés. Selon le concept biologique de l'espèce, proposé par (Mayr, 1942), une espèce est définie comme « un groupe de populations naturelles, réellement ou potentiellement interfécondes, qui sont reproductivement isolées d'autres groupes similaires ». Ce modèle met l'accent sur l'isolement reproductif comme critère principal de distinction entre espèces. Toutefois, cette définition montre ses limites lorsqu'il s'agit d'organismes asexués, fossiles ou dont les barrières reproductives sont incomplètes.

Face à ces limites, plusieurs autres concepts ont été proposés. Le concept phylogénétique de l'espèce, formulé par (Cracraft, 1983), définit l'espèce comme « le plus petit groupe de populations diagnosticables partageant un ancêtre commun », et met l'accent sur la monophylie et les caractères distinctifs hérités. Ce modèle est particulièrement utilisé dans les approches cladistiques et les analyses génétiques modernes. Le concept écologique de (Van Valen, 1976) propose quant à lui qu'une espèce corresponde à un ensemble d'organismes exploitant une même niche écologique, soulignant ainsi l'importance de l'adaptation aux environnements dans la spéciation. Enfin, selon le concept évolutif de (Simpson, 1961), une espèce est considérée comme une lignée évolutive ayant sa propre tendance évolutive et son propre destin historique, une approche utile notamment en paléontologie.

Dans les recherches actuelles, notamment en systématique intégrative, l'espèce est souvent appréhendée comme une entité dynamique, dont la reconnaissance repose sur la convergence de plusieurs critères : morphologiques, moléculaires, écologiques et comportementaux (Dayrat, 2005). Cette approche pluraliste permet de mieux refléter la complexité biologique et évolutive des organismes, en particulier dans les cas de spéciation récente ou cryptique. Ainsi, la délimitation des espèces repose aujourd'hui sur une démarche intégrative combinant différentes sources de données, chacune apportant un éclairage complémentaire sur l'individualité évolutive des groupes étudiés.

### I.2. Dérive génétique

La dérive génétique est un mécanisme évolutif aléatoire qui entraîne des fluctuations des fréquences alléliques au sein d'une population, indépendamment de la sélection naturelle. Elle est particulièrement influente dans les petites populations, où elle peut conduire à la fixation ou à la perte d'allèles, réduisant ainsi la diversité génétique (Fraïsse, 2014). La dérive génétique joue un rôle primordial dans certains scénarios de spéciation, notamment lorsqu'elle agit en contexte d'isolement reproductif (Fraïsse, 2014). L'un des cas les plus emblématiques est celui de la spéciation péripatrique, où un petit groupe d'individus colonise un nouvel habitat. Ce phénomène est appelé effet fondateur, défini comme la situation dans laquelle une petite population issue d'une population mère transporte avec elle un échantillon réduit de la diversité génétique initiale, ce qui peut provoquer des changements aléatoires importants dans les fréquences alléliques (Fraïsse, 2014). Ces changements, dus à la dérive génétique, peuvent rapidement entraîner une divergence génétique significative, indépendamment de toute pression de sélection. Ainsi, lorsque ces divergences sont renforcées par l'isolement géographique et éventuellement la sélection locale, cela peut conduire à l'apparition d'une nouvelle espèce (Fraïsse, 2014).

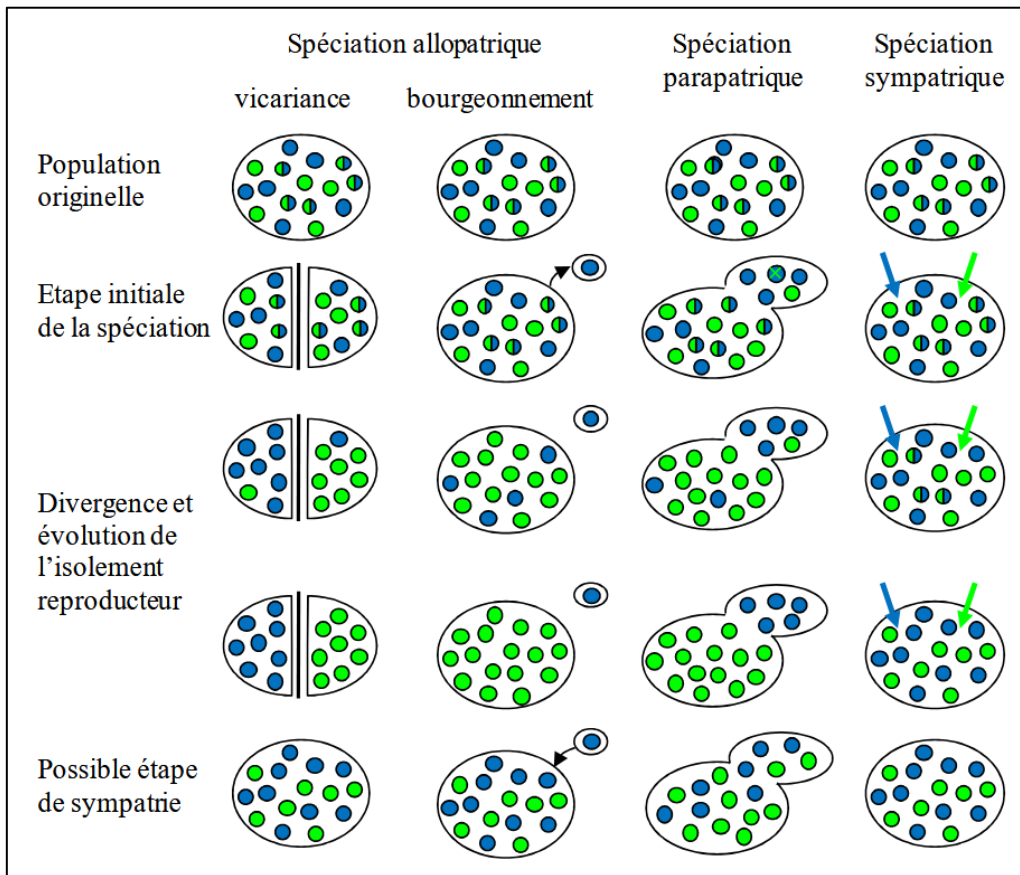
### I.3. Spéciation

La spéciation est le phénomène selon lequel une espèce donne naissance à deux ou plusieurs espèces distinctes appelées espèces sœurs. Ce processus est également appelé cladogenèse. La spéciation engendre non seulement de nouvelles espèces, mais également de nouveaux groupes, et toute l'histoire de l'évolution et de l'apparition des différents phylums est le résultat de cette spéciation (Lévêque and Agnèse, 1999).

#### I.3.1. Modes de spéciation

Les modes de spéciation sont traditionnellement classés selon le degré de divergence géographique des aires de distribution des taxa en formation, ce qui a l'avantage d'en faciliter la représentation graphique (Coyne and Orr, 2004) [Figure 01]. On différencie ainsi la spéciation allopatrique, où l'origine des différentes espèces résulte de l'évolution divergente de populations qui sont géographiquement isolées l'une de l'autre, de la spéciation sympatrique, où des barrières reproductives entre individus évoluent à l'intérieur d'une seule et même région géographique. Ces deux modes de spéciation se différencient donc par la géographie et par la

possibilité de flux de gènes entre les taxa durant le processus de spéciation. La spéciation parapatrique est un intermédiaire entre ces deux modes de spéciation : dans ce cas, l'isolement reproducteur évolue entre des populations dont les aires de distribution sont adjacentes et entre lesquelles les échanges de gènes sont possibles, mais limités. La spéciation par « divergence avec flux de gènes » regroupe l'ensemble des intermédiaires entre spéciation sympatrique et spéciation allopatrique et semble être le processus de divergence le plus fréquent, avec la spéciation allopatrique stricte (Fitzpatrick et al., 2008). Dans le processus de spéciation allopatrique, on distingue souvent selon la taille relative des populations impliquées (Coyne and Orr, 2004) la spéciation par vicariance de la spéciation par « bourgeonnement » (également appelée spéciation péripatrique (Funk and Omland, 2003), [Figure 01]). Dans le premier cas, l'isolement reproducteur évolue après la division de l'aire de distribution d'une espèce en deux nouveaux groupes isolés, mais de tailles importantes. Dans le second cas, l'un des nouveaux groupes est de taille bien plus réduite que l'autre : le plus petit groupe peut être la conséquence de l'isolement géographique d'une petite population ou de la migration de quelques individus vers un habitat isolé.



**Figure 1 :** Représentation schématique des modes de spéciation en fonction du contexte spatial : spéciation allopatrique (par vicariance et par bourgeonnement), parapatrique et sympatrique (Tellier, 2009). Les deux populations sont représentées en vert et en bleu, les individus sont symbolisés par des cercles (cercle bicolore : individu hybride). Dans le cas de la spéciation sympatrique, les flèches indiquent l'action de la sélection divergente. Une telle sélection peut également contribuer à la divergence en allopatrie et en parapatrie, mais n'est pas indispensable : l'action de la dérive et l'apparition de mutations peuvent suffire pour qu'il y ait évolution d'isolement reproducteur.

#### I.4. La migration en milieu marin

En zone côtière tempérée, 70% des invertébrés benthiques présentent un cycle de vie de type benthopélagique (Thorson, 1950). La phase larvaire constitue la phase dispersive et est donc censée assurer la connectivité entre les populations (Figure 02). Selon une relation simple, plus la phase larvaire dure longtemps et plus la connectivité entre populations distantes est supposée importante. Dit autrement, l'homogénéisation entre populations du fait de la dispersion larvaire est supposée en relation avec la durée de cette phase larvaire.

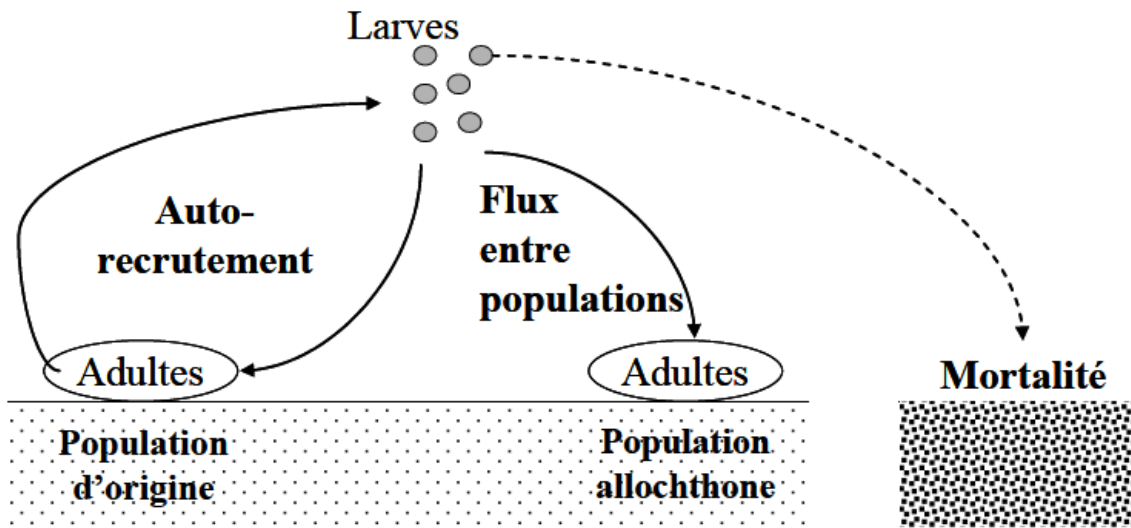


Figure 2 : Schéma d'un cycle de vie benthopélagique

**Figure 02 :** Schéma d'un cycle de vie benthopélagique : la rétention de larves assure la pérennité des populations locales tandis que la dispersion assure la connectivité entre populations éloignées. Les larves peuvent également recruter dans un habitat défavorable et disparaître (Muths, 2006).

## II. Espèce invasive

Une espèce invasive désigne un organisme vivant (animal, plante ou micro-organisme) introduit, volontairement ou accidentellement, dans un écosystème qui ne constitue pas son habitat d'origine. Lorsqu'elle rencontre des conditions propices à son développement, elle se propage rapidement, colonise le milieu et entre en compétition avec les espèces indigènes, altérant ainsi l'équilibre écologique. Au-delà de son impact sur la biodiversité, une espèce invasive peut engendrer des conséquences environnementales et économiques significatives.

### II.1. Causes de l'invasion des espèces marines

L'introduction et la prolifération des espèces invasives résultent principalement d'activités humaines, favorisant leur dispersion à grande échelle :

- **Transport maritime** : Les eaux de ballast des navires contiennent souvent des organismes qui peuvent coloniser de nouveaux milieux, facilitant ainsi la dispersion des espèces invasives (Katsanevakis et al., 2013);

- **Aquaculture et pêche** : Certaines espèces exotiques sont introduites volontairement dans les élevages, mais elles peuvent s'échapper et coloniser l'environnement naturel (Occhipinti-Ambrogi, 2007);
- **Ouverture du canal de Suez** : Ce passage a permis l'arrivée d'espèces lessepsiennes venant de la mer Rouge, modifiant profondément les écosystèmes méditerranéens (Galil, 2008) ;
- **Changements climatiques** : L'augmentation des températures favorise l'installation d'espèces tropicales qui s'adaptent aux nouvelles conditions marines (Zenetos et al., 2012).

### II.2. Situation en Méditerranée

La Méditerranée est l'une des régions les plus touchées par les invasions biologiques marines. Plus de 1000 espèces exotiques y ont été recensées, modifiant la biodiversité et les chaînes trophiques locales (Zenetos et al., 2012). La partie orientale est particulièrement affectée, notamment par les espèces lessepsiennes provenant du canal de Suez. Les zones portuaires et les lagunes constituent également des foyers majeurs d'introduction (Katsanevakis et al., 2013).

### II.3. Conséquences sur la biodiversité et les espèces autochtones

L'introduction d'espèces invasives entraîne des perturbations écologiques majeures. Certaines espèces invasives éliminent les espèces indigènes, modifiant ainsi la dynamique des populations (Occhipinti-Ambrogi, 2007). Dans d'autres situations, des espèces envahissantes comme des algues invasives colonisent les fonds marins, empêchant la croissance des espèces locales (Katsanevakis et al., 2013). Ajoutant à cela, la pêche et l'aquaculture sont affectées par la prolifération d'espèces non désirées, entraînant des pertes financières (Zenetos et al., 2012).

### II.4. Les Portunidés

Les Portunidés (*Portunidae*) constituent une famille de crabes nageurs appartenant à l'ordre des Décapodes, reconnue pour la modification de leur dernière paire de pattes en palettes natatoires, leur conférant une grande agilité dans l'eau. Avec plus de 300 espèces réparties principalement dans les océans Atlantique, Pacifique et Indien, ces crustacés occupent une grande diversité de milieux, allant des zones côtières et estuariennes aux fonds marins plus profonds. Leur morphologie est adaptée à la nage grâce à un corps généralement aplati et des pinces robustes, leur permettant de capturer des proies variées.

#### II.4.1. Taxonomie de la famille *Portunidae* (Rafinesque, 1815)

**Règne** : Animalia

**Embranchement** : Arthropoda

**Sous-embranchement** : Crustacea

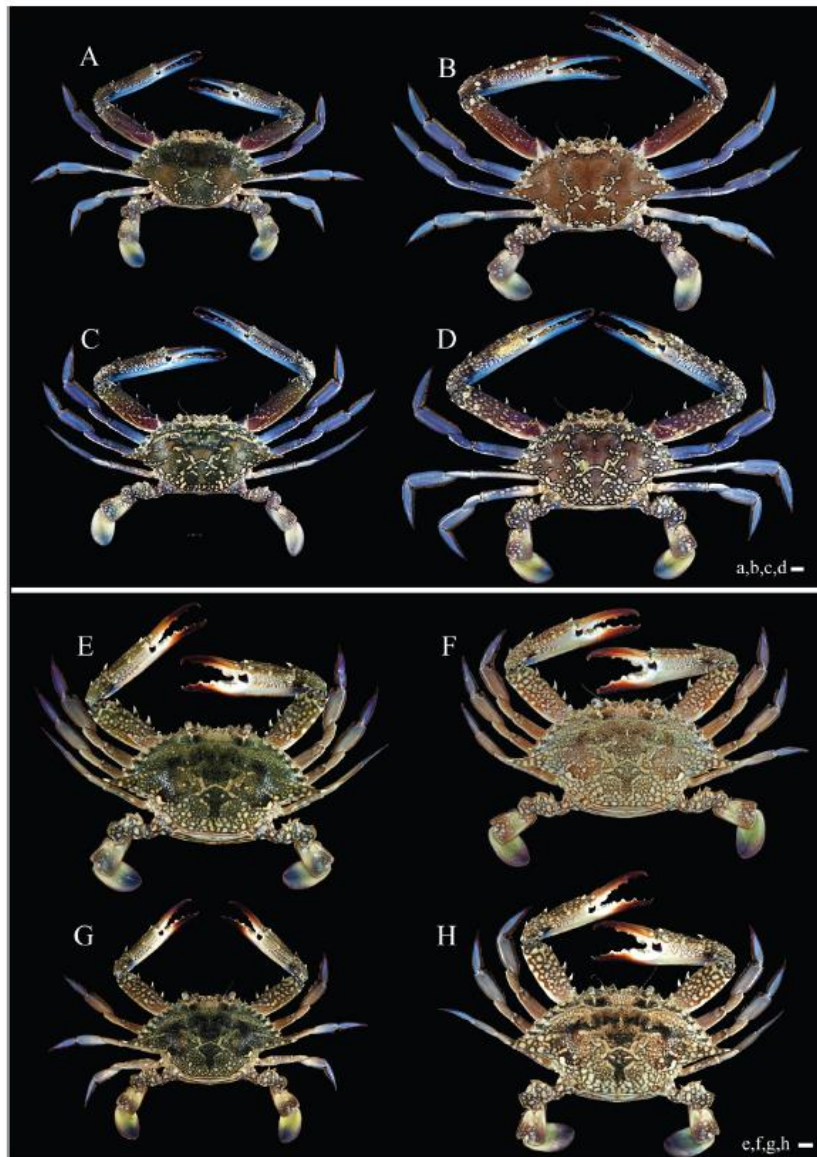
**Classe** : Malacostraca

**Ordre** : Decapoda

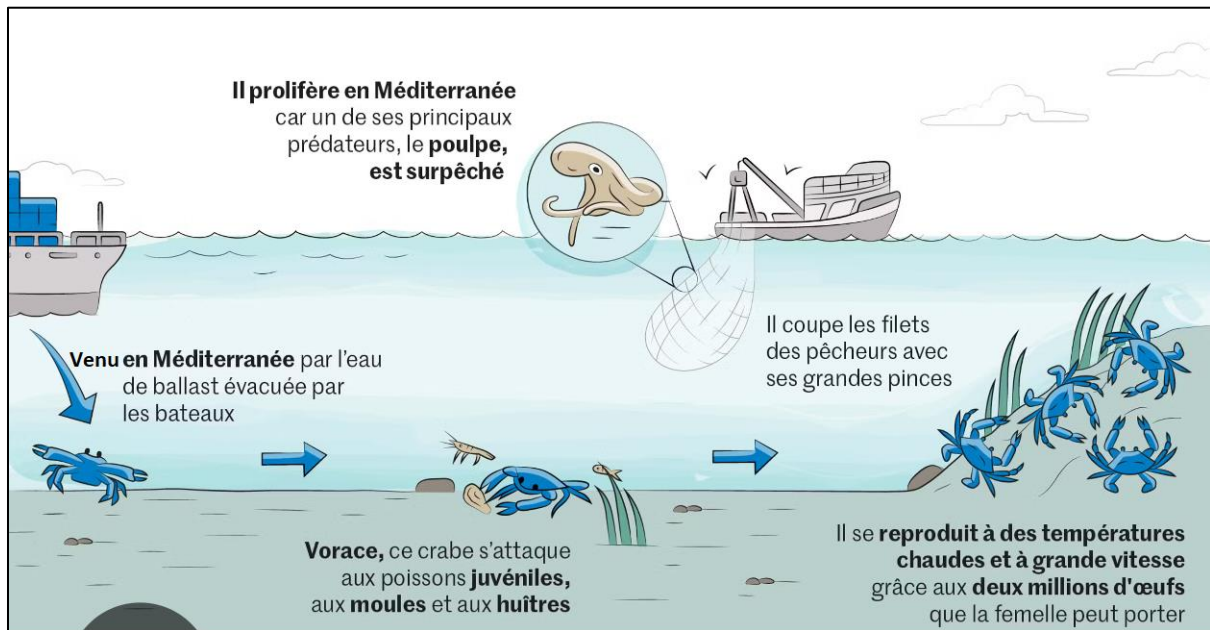
**Famille** : Portunidae

#### II.4.2. *Portunus segnis* (Forskål, 1775)

*Portunus segnis*, communément appelé crabe bleu nageur, est une espèce de crustacé appartenant à la famille des Portunidés et au genre *Portunus* (Ng et al., 2008) [Figure 03]. Originaire de l'Indo-pacifique, cette espèce a été introduite en Méditerranée via le canal de Suez, où elle est désormais considérée comme invasive (Castriota et al., 2022) [Figure 04]. Sur le plan morphologique, les mâles présentent une carapace bleu vert foncée ornée de taches blanches, tandis que les femelles arborent des extrémités de pattes rougeâtres (Lai et al., 2010) [Figure 03]. Son régime alimentaire est opportuniste et varie selon les saisons. Il se compose principalement de crustacés, poissons et mollusques, bien que des annélides et des cnidaires aient également été observés dans son estomac (Spiridonov et al., 2014). La période de reproduction de *P. segnis* s'étend tout au long de l'année, avec des pics en mai, juillet et octobre-novembre, mais elle diminue significativement en hiver, influencée par la température et les conditions environnementales (Mancinelli et al., 2017). En Méditerranée, cette espèce a connu une expansion rapide, notamment en Tunisie, où elle s'étend vers le nord et l'est, modifiant les écosystèmes locaux et entrant en compétition avec les espèces indigènes (Castriota et al., 2022). Son impact sur la biodiversité et les activités halieutiques nécessite une gestion adaptée pour limiter sa prolifération et ses effets écologiques (Zenetos et al., 2012).



**Figure 3 :** *Portunus segnis* du Golfe arabo-persique occidental (Giraldes et al., 2016). (A–D) mâles, (E–H) femelles. Échelle : 1 cm (A–H).



**Figure 4 :** Invasion de *P. segnis* de la mer méditerranée. Source : SEANOE : Office de l'environnement de la Corse.

### III. Dynamique d'invasion de *Portunus segnis* en Méditerranée

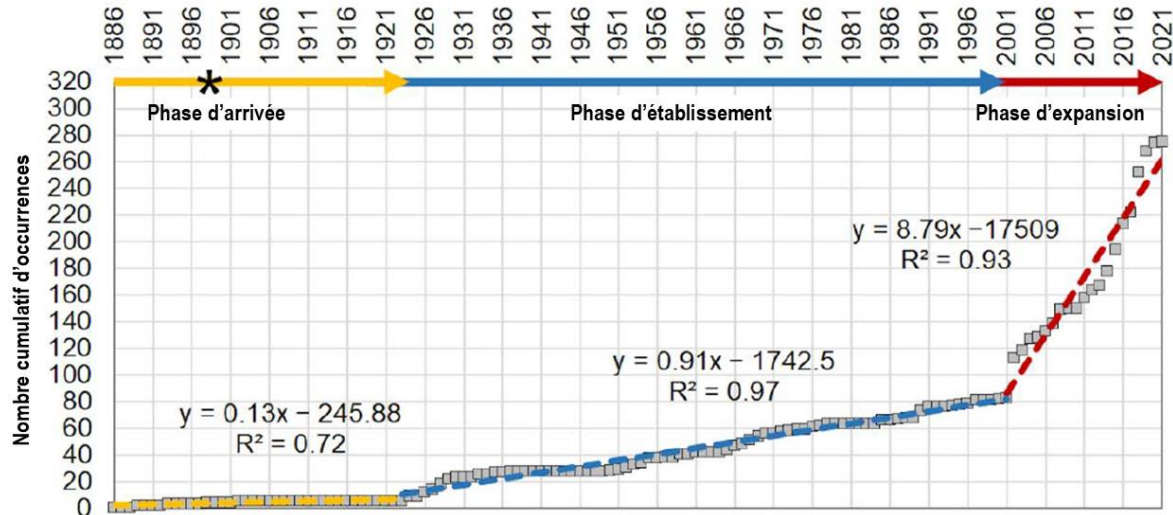
L'étude de (Castriota et al., 2022) a proposé une analyse approfondie de la dynamique d'invasion, des effets écologiques et économiques ainsi que des stratégies de gestion du crabe bleu nageur *Portunus segnis* en Méditerranée. Cette espèce a franchi le canal de Suez depuis 1886 et, après une phase d'implantation prolongée, connaît une expansion accélérée depuis 2002 (**Figure 05**). L'étude s'est appuyée sur une revue systématique de la littérature et une modélisation spatio-temporelle intégrant des indicateurs écologiques et des analyses géographiques assistées par SIG (Système d'information géographique).

#### III.1. Voies d'invasion et distribution historique

Selon (Castriota et al., 2022) l'invasion de *P. segnis* se divise en trois phases (**Figure 05**) :

- **Phase d'arrivée (1886–1923)** : Premières occurrences signalées dans le canal de Suez, avec une première observation en Méditerranée à Port-Saïd en 1898 (la pente = 0.13).
- **Phase d'établissement (1924–2001)** : progression lente vers la mer Levantine, Ionienne et la Sicile (la pente = 0.91).

- **Phase d'expansion (2002–2021)** : accélération de la dispersion avec des foyers majeurs en Tunisie, Sicile et Malte (la pente = 8.79).

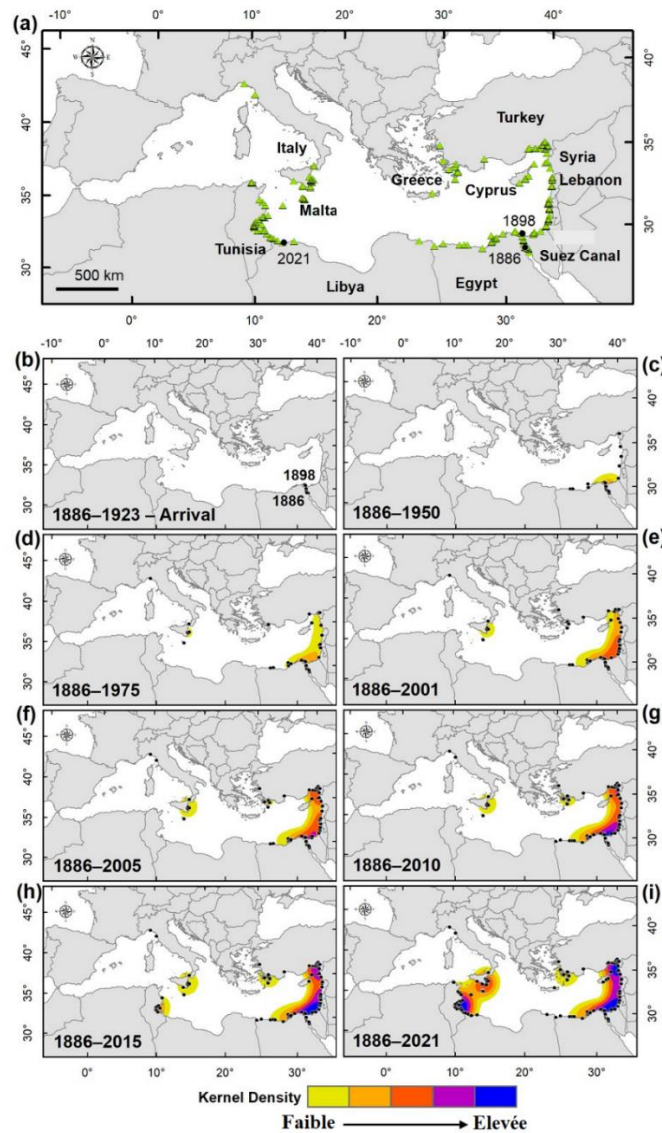


**Figure 5:** Courbe cumulative des occurrences de *P. segnis* en Méditerranée, avec indication des trois phases du processus d'invasion : arrivée, établissement et expansion (Cagriota et al., 2022). L'astérisque (\*) marque la première occurrence enregistrée en Méditerranée en 1898.

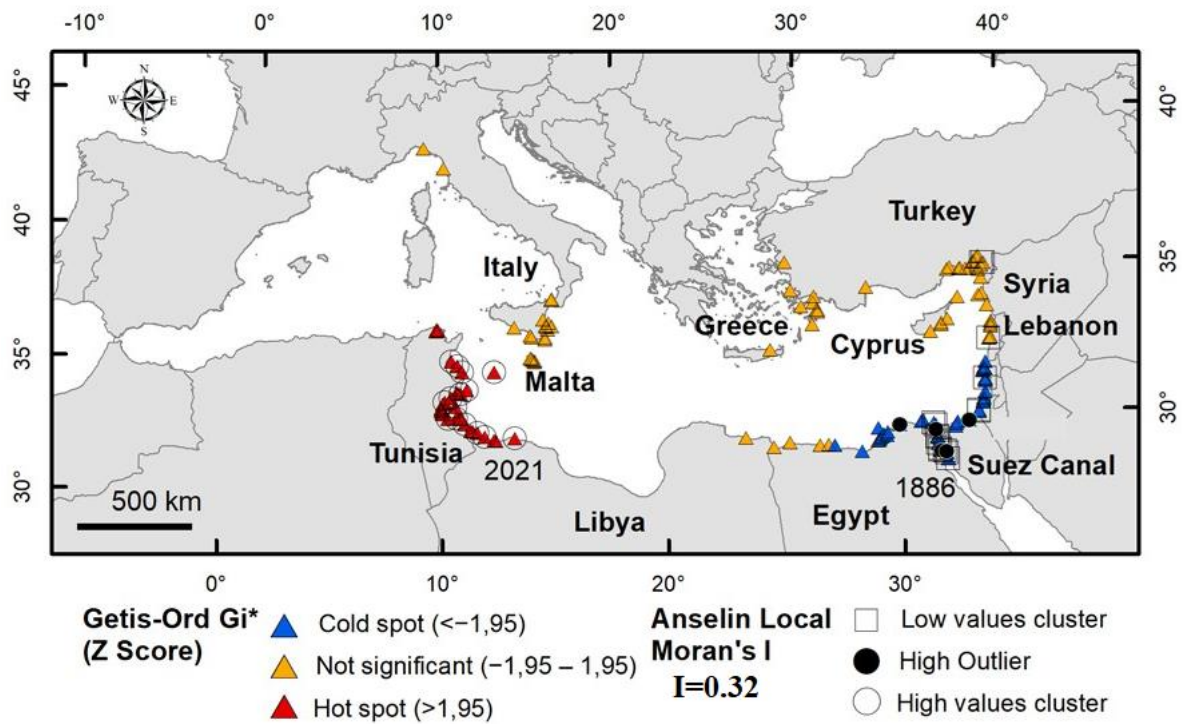
L'estimation de densité par noyau [EDN] ("Kernel Density") est une méthode utilisée pour analyser la répartition spatiale des occurrences des espèces dans une région donnée (**Figure 06**). Cette méthode permet de visualiser les zones de forte concentration des occurrences et d'identifier les points chauds écologiques où l'espèce s'est établie durablement. Les résultats obtenus via EDN montrent une distribution hétérogène, avec des zones à forte densité d'occurrences qui correspondent aux principaux points d'expansion de l'espèce. Les cartes de distribution réalisées par (Cagriota et al., 2022) révèlent une densification progressive des occurrences et l'apparition de nouvelles zones de colonisation (**Figure 06**). L'analyse spatiale confirme que *P. segnis* suit un schéma de dispersion orienté de l'est vers l'ouest, influencé par des facteurs environnementaux tels que la température et la salinité (**Figure 06**).

L'analyse d'autocorrélation spatiale (Morans I = 0.32) révèle une dynamique de distribution évolutive dans le temps (**Figure 07**). Ainsi, l'analyse des clusters et de valeurs aberrantes ("Getis-Ord Gi" et "Anselin Local Morans I") identifient des foyers persistants (points chauds) en Tunisie, tandis que les plus anciens clusters (points froids) se situent le long des côtes égyptiennes, palestiniennes, libanaises et syriennes (**Figure 07**). Dans l'analyse Getis-Ord Gi, un score Z supérieur à 1.95 indique une zone de forte concentration statistiquement significative (Point chaud : "hot spot"), alors qu'un score Z strictement inférieur à -1.95 marque un point

froid "cold spot", où la densité d'occurrences est significativement faible. Les zones de haute densité de *Portunus segnis*, représentées par des points chauds, montrent une propagation active et une forte implantation écologique, notamment en Tunisie et en Sicile (**Figure 07**). À l'inverse, les points froids, situés principalement en Égypte et en Palestine, révèlent des barrières environnementales ou écologiques qui semblent limiter son expansion vers l'est (**Figure 07**). Il est à noter que *Portunus segnis* a été signalée pour la première fois sur la côte Algérienne, plus précisément à Jijel par (Bouraoui et al., 2023) [**Figure 08**].



**Figure 6:** Distribution de *Portunus segnis* en mer Méditerranée accompagnée de la carte cumulative de densité par noyau (Castriota et al., 2022).



**Figure 7:** Résultats de l'analyse des points chauds (Getis–Ord Gi) et de l'analyse des clusters et des valeurs aberrantes (Anselin local Moran's I) sur les occurrences de *Portunus segnis* en mer Méditerranée (Cagriota et al., 2022).



**Figure 8:** Premier signalement de *P. segnis* sur la côte algérienne (Plage Aouka et Bazoul, wilaya de Jijel). Google Earth 2025.

#### IV. *Portunus segnis* : un défi écologique et une opportunité économique

L'introduction de *Portunus segnis* dans les eaux tunisiennes, notamment depuis 2014, a entraîné des perturbations écologiques importantes. En tant qu'espèce prédatrice opportuniste, ce crabe interfère avec les chaînes alimentaires locales, exerce une compétition trophique avec des espèces autochtones, et endommage les filets de pêche, ce qui affecte indirectement les captures d'espèces commerciales traditionnelles (Castriota et al., 2022) [Figure 04 & 09].



**Figure 9:** A : Dommages causés aux engins de pêche par le crabe bleu ; B : Dommages causés par *P. segnis* aux captures de la pêche artisanale dans le golfe de Gabès (filets calés et filets maillants) ; C : Blessures provoquées par les pinces des crabes ; D : Écrasement du crabe à l'aide d'un type de marteau pilon. (Souissi et al., 2024).

La prolifération rapide de cette espèce dans des zones comme le golfe de Gabès a été favorisée par les conditions environnementales locales, et pose une menace pour l'équilibre des écosystèmes côtiers (Castriota et al., 2022; Mancinelli et al., 2017). Sur le plan économique, l'espèce a d'abord été perçue comme une nuisance majeure pour la pêche artisanale, causant des pertes économiques et opérationnelles. Toutefois, à partir de 2015, la Tunisie a commencé à structurer une filière d'exploitation de *P. segnis*, avec la mise en place d'unités de transformation et d'exportation, en particulier vers les marchés asiatiques (Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida et al., 2019a; Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida et al., 2019b; Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida et al., 2022; Castriota et al., 2022). Ce retournement de situation a généré de nouvelles opportunités économiques, bien qu'une surexploitation ait été observée récemment, suggérant l'urgence d'une gestion durable de cette ressource (Castriota et al., 2022; Spiridonov et al., 2014). Ainsi, l'espèce illustre une dynamique paradoxale : à la fois envahissante et économiquement valorisable, elle nécessite une régulation rigoureuse pour limiter ses impacts négatifs tout en exploitant ses avantages potentiels.

**Chapitre 01 : Synthèse  
Bibliographique  
(Partie 02)**

### I. Banques de données biologiques

Une banque de données biologiques (ou base de données biologiques) est une collection organisée d'informations biologiques, généralement accessibles en ligne, permettant le stockage, la gestion, la consultation et l'analyse de données issues de la recherche en biologie moléculaire, comme les séquences d'ADN, d'ARN, de protéines ou les structures 3D ([Baxevanis and Ouellette, 2005](#)). Le NCBI ("National Center for Biotechnology Information") est l'une des principales institutions mondiales fournissant des bases de données publiques en biologie moléculaire, telles que GenBank (séquences d'ADN), PubMed (publications biomédicales), BLAST (outil d'alignement), et RefSeq (séquences de référence).

### II. Alignement de séquences

L'alignement de séquences est une méthode clef en bio-informatique pour comparer des séquences d'ADN, en mettant en évidence les régions similaires et divergentes ([Jammali, 2022](#); [Rohmer, 2023](#)). Il repose sur des techniques visant à maximiser un score d'alignement, le meilleur étant qualifié d'optimal. Ce procédé est particulièrement utile pour l'étude de séquences homologues, autrement dit, issues d'un ancêtre commun, qui partagent souvent des segments conservés aux fonctions similaires ([Jammali, 2022](#); [Rohmer, 2023](#)). Comparer ces séquences permet ainsi de localiser des gènes, prédire des fonctions ou structures conservées, ou encore reconstituer des relations évolutives. Dans la majorité des cas, cette comparaison s'effectue par l'alignement des séquences ([Jammali, 2022](#); [Rohmer, 2023](#)).

#### II.1. Alignement global

L'alignement global consiste à aligner deux séquences biologiques sur toute leur longueur, de l'extrémité 5' à l'extrémité 3', en tenant compte de tous les caractères, y compris les régions peu conservées ([Needleman and Wunsch, 1970](#)). Il est particulièrement adapté à la comparaison de séquences de longueur similaire et fortement homologues ([Needleman and Wunsch, 1970](#)).

#### II.2. Alignement local

L'alignement local cherche à identifier les régions les plus similaires entre deux séquences, sans nécessairement aligner l'ensemble des séquences ([Smith and Waterman, 1981](#)). Il est plus adapté lorsque seules certaines portions des séquences sont homologues, comme c'est souvent le cas avec des séquences de tailles ou d'origines différentes ([Smith and Waterman, 1981](#)).

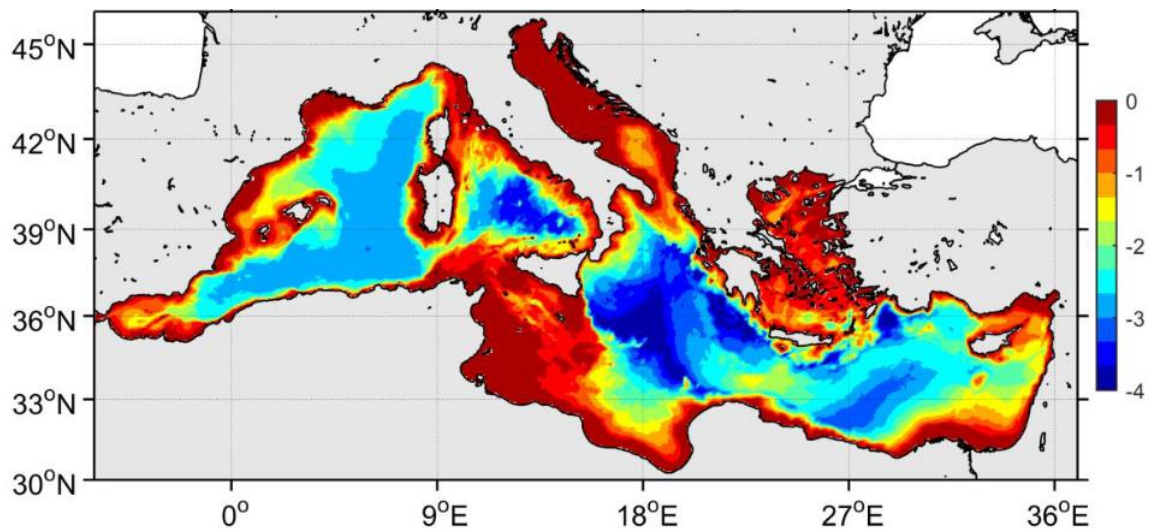
### II.3. Modèle d'évolution moléculaires

Un modèle d'évolution moléculaire décrit comment les nucléotides changent au fil du temps dans des séquences d'ADN. Ces modèles sont essentiels en phylogénie moléculaire pour reconstruire des arbres évolutifs fiables, calculer des distances génétiques, et estimer les taux de mutation. Plusieurs modèles ont été proposés en fonction des hypothèses biologiques sous-jacentes et de la complexité du système modélisé. Le modèle de Jukes et Cantor (1969), dit JC69, suppose une égalité des fréquences nucléotidiques et des taux de substitution entre toutes les paires de bases (Jukes and Cantor, 1969). Le modèle de Kimura à deux paramètres (K80) introduit une distinction entre transitions et transversions (Kimura, 1980). Le modèle HKY85, proposé par Hasegawa, Kishino et Yano (1985), généralise K80 en tenant compte de fréquences inégales des bases (Hasegawa et al., 1985). Le modèle de Tajima-Nei (1984) affine encore cette approche pour mieux représenter les distances évolutives dans des séquences présentant un biais de composition (Tajima and Nei, 1984). Enfin, le modèle GTR (General Time Reversible), fondé sur les travaux de (Tavaré, 1986), est le plus complet. Il autorise six taux de substitution différents et des fréquences nucléotidiques variables, tout en respectant la réversibilité du processus évolutif (Tavaré, 1986). Le choix du modèle dépend du type de données, de la question biologique posée et du niveau de précision requis pour l'analyse phylogénétique.

# **Chapitre 02 : Matériels et Méthodes**

## I. La Méditerranée

La Méditerranée s'est formée entre trois continents il y a de cela 50 à 60 millions d'années entre le bloc africain et le bloc eurasiatique (**Figure 10**). La mer Méditerranée représente une des régions les plus riches au monde de par sa diversité naturelle et multiculturelle ([Kessouri, 2015](#)). La richesse de cette mer et de ses rivages est d'ordre géographique, historique, environnementale, géopolitique ou encore climatique ([Kessouri, 2015](#)). La Mer Méditerranée comporte des caractéristiques dynamiques et biologiques très variées que l'on retrouve dans le mécanisme global de l'océan mondial ([Kessouri, 2015](#)).



**Figure 10:** Bathymétrie en kilomètre de la Mer Méditerranée ([Kessouri, 2015](#)).

### I.1. Description géographique des divers bassins

La mer Méditerranée se répartit en plusieurs sous bassins. Ce découpage naturel géographique a été géostratégique pour les anciens peuples. La répartition s'est organisée autour d'un grand nombre d'îles et de détroits. La **figure 11** présente les différents bassins et détroits en Méditerranée. Les deux détroits les plus connus sont le détroit de Gibraltar qui représente la porte entre la Méditerranée et l'océan Atlantique, et le détroit de Sicile qui sépare les deux bassins occidental et oriental. Tout d'abord le bassin occidental est constitué, du bassin nord (comprenant la Ligurie (LIG), les mers des Baléares, le bassin Provençal et le Golfe du Lion), au sud, le bassin Algérien et la mer d'Alboran et à l'Est, la très accidentée mer Tyrrhénienne et le sous-bassin de Sicile. Dans le bassin oriental, on trouve la seconde partie du sous-bassin de Sicile ainsi que les deux grands bassins Ionien et Levantin. Au nord du bassin Levantin, l'arc égéen sépare le bassin Levantin de la mer Égée. Dans la mer Égée, le détroit des Dardanelles

sépare la Méditerranée et la Mer Noire. A la limite entre le bassin nord-ionien et nord-levantin, on trouve la fosse la plus profonde de Méditerranée (4600 m de profondeur) au large du Cap Matapan. Enfin le détroit d'Otrante sépare le bassin Ionien de la mer Adriatique.

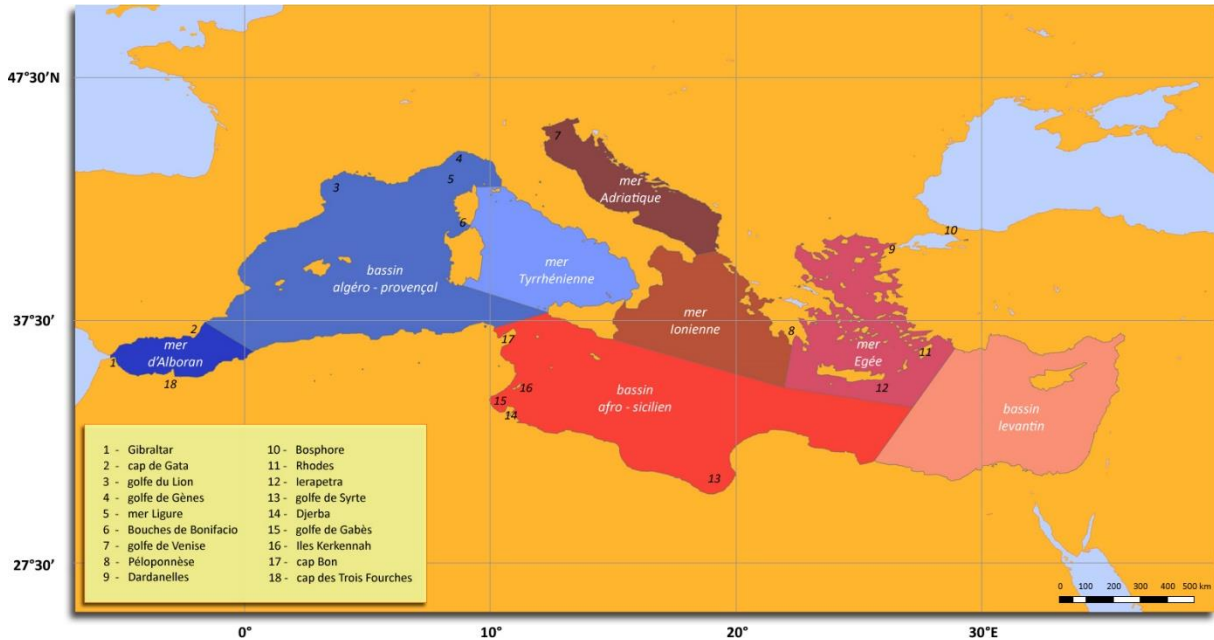
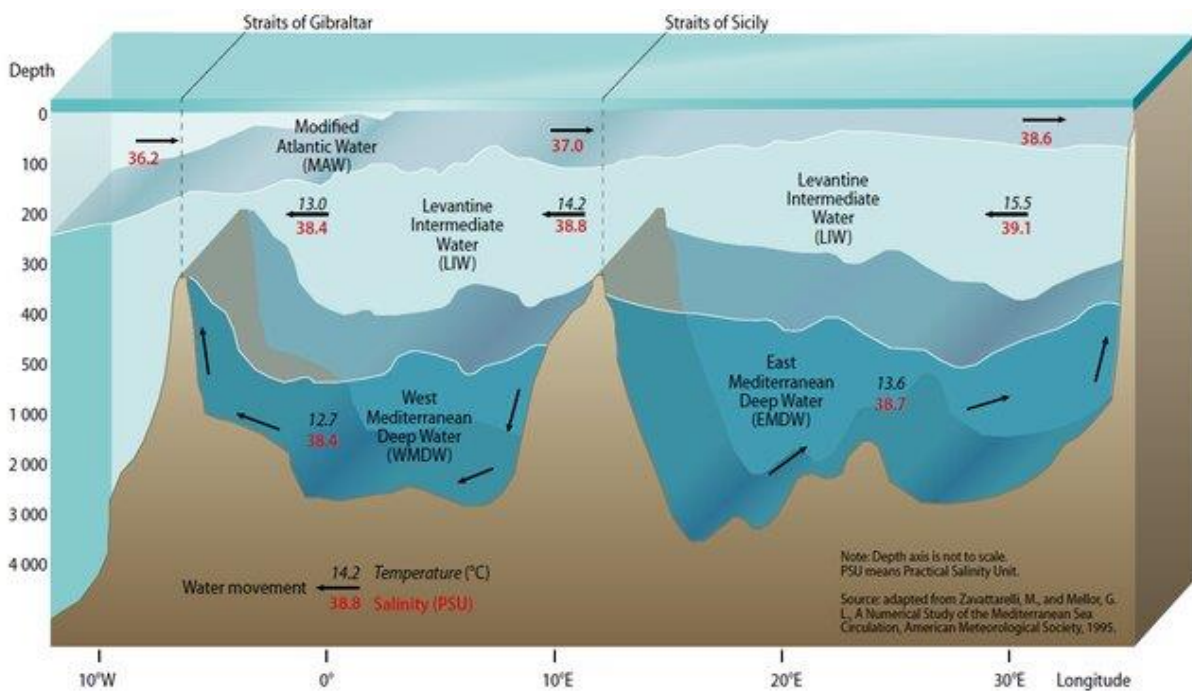


Figure 11 : Bassins et sous bassins de la mer Méditerranée. (Millot and Taupier-Letage, 2005)

## I.2. Description hydrodynamique

Le schéma (Figure 12) montre la répartition des masses d’eaux principales qui composent la Méditerranée et leurs propriétés hydrologiques moyennes (Kessouri, 2015). Dans l’ensemble de sa partie pélagique, cette mer est constituée de trois couches distinctes. La couche supérieure est très sensible et constamment exposée aux forçages atmosphériques. Cette couche contient une sous-couche dans laquelle la densité est homogène, c’est la couche de mélange. Au-dessus de cette couche, on trouve la très fine couche de surface qui est très sensible en termes de réchauffement ou refroidissement temporaire (Figure 12). Au-dessous de la couche de mélange, on trouve les pycnoclines saisonnière et principale. La pycnocline saisonnière est présente seulement durant la saison estivale. Elle disparaît sous l’action des forçages atmosphériques dans la période hivernale. Dans la couche supérieure circule l’eau d’origine Atlantique, nommée Modified Atlantic Water (MAW) [Figure 12]. La seconde couche correspond à la Levantine Intermediate Water (LIW), originaire de l’activité convective intermédiaire dans le bassin Levantin (Figure 12). Cette masse d’eau est salée et chaude. Le bassin Levantin subissant une forte évaporation est en effet caractérisé par la salinité la plus élevée de toute la Méditerranée. La couche intermédiaire du bassin occidental est constituée de

toutes les eaux formées dans le bassin Levantin, Crétois et Egéen qui se mélangent au détroit de Sicile lors du passage vers le bassin occidental (**Figure 12**). (Millot, 2013) suggère d'appeler cette masse d'eau Eastern Intermediate Water (EIW). Enfin, on trouve une couche profonde plus dense (masse volumique  $> 1029 \text{ kg.m}^{-3}$ ), à l'est constituée suivant les périodes, d'eau formée dans l'Adriatique Sud ou de la Cretan Deep Water (CDW), originaire du bassin Crétois, et à l'ouest constituée de la Western Mediterranean Deep Water (WMDW) originaire du nord-ouest du bassin Provençal.



**Figure 12** : Schéma simplifié de la circulation en 3 couches de la Méditerranée, le long d'une radiale du détroit de Gibraltar, à la mer Levantine (Kessouri, 2015).

La circulation générale en Méditerranée est souvent qualifiée de méridienne, anticyclonique en surface et cyclonique en profondeur, structurée autour de mouvements est-ouest dans les différentes couches d'eau (**Figure 13**). En surface, les eaux atlantiques peu salées pénètrent par le détroit de Gibraltar et circulent d'ouest en est à travers tout le bassin (Pinardi and Masetti, 2000) [Figure 13]. Ces eaux subissent un réchauffement et une augmentation de salinité en chemin, avant de plonger dans la couche intermédiaire à l'est du bassin, formant la Levantine Intermediate Water (LIW) (Millot and Taupier-Letage, 2005). Cette eau intermédiaire retourne ensuite vers l'ouest à des profondeurs moyennes, en passant par le détroit de Sicile. En hiver, dans certaines régions spécifiques comme le Golfe du Lion ou la mer Adriatique, des eaux très

denses se forment en surface et plongent pour former la couche profonde (Group, 1970; Testor and Gascard, 2005). Enfin, une sortie d'eaux profondes et intermédiaires méditerranéennes se fait par le détroit de Gibraltar, équilibrant l'entrée des eaux atlantiques en surface. Ce système en trois couches superposées constitue un circuit thermohalin fermé influencé par les forçages climatiques, l'évaporation et la morphologie du bassin (Robinson et al., 2001).

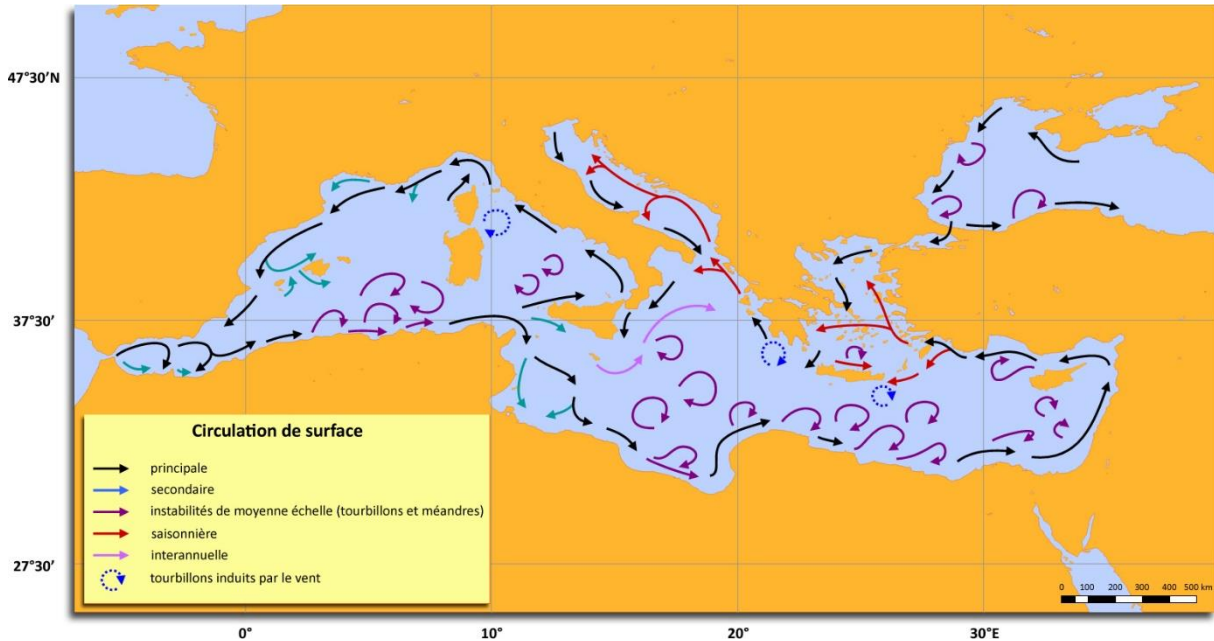


Figure 13: Circulation générale de surface dans la mer (Millot and Taupier-Letage, 2005).

## II. Matériel et Méthodes

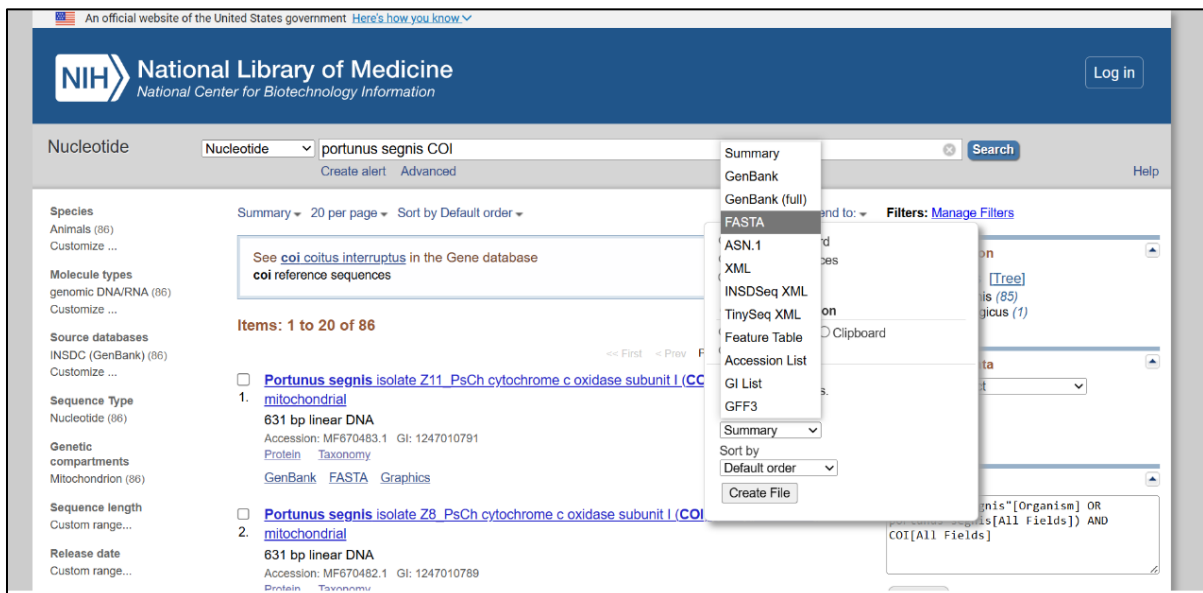
### II.1. Problématique et objectif de l'étude

Le crabe bleu *Portunus segnis* (Forskål, 1775), espèce indigène de l'océan Indien, fait aujourd'hui l'objet d'une attention croissante en raison de son expansion rapide dans le bassin méditerranéen, où elle est considérée comme invasive. Sa présence a été récemment signalée sur la côte Est algérienne, notamment dans la région de Jijel, soulevant des interrogations quant à son origine, ses voies d'introduction et sa dynamique de dispersion dans cette zone. Dans ce contexte, la compréhension des relations phylogénétiques et de la connectivité entre les populations méditerranéennes et celles de l'aire d'origine constitue une étape cruciale pour retracer les voies de colonisation de cette espèce. L'analyse de séquences du gène mitochondrial COI d'individus provenant de différentes régions (Pakistan, Iran, Singapour, Tunisie et Malte) permet d'explorer les affinités génétiques entre ces populations et d'identifier les haplotypes partagés ou distincts. En couplant des approches phylogénétiques et des réseaux d'haplotypes, il devient possible de proposer des hypothèses sur l'origine probable des populations

méditerranéennes et d'évaluer le degré de connectivité génétique entre elles. La présente étude vise à déterminer l'origine potentielle des populations de *P. segnis* récemment établies en Algérie, en particulier dans la région de Jijel, et à évaluer leur relation avec les populations de l'océan Indien et des autres localités méditerranéennes.

## II.2. Acquisition des séquences d'ADN

Les séquences du gène mitochondrial cytochrome c oxydase sous-unité I (COI) de *Portunus segnis* ont été extraites de la base de données du NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) et téléchargées sous format FASTA (Figure 14). Ces séquences correspondent à des individus prélevés dans différentes régions du monde. Le tableau 01 synthétise les localités d'échantillonnage ainsi que les acronymes attribués à chaque individu de *P. segnis*.



**Figure 14:** Téléchargement des séquences de l'ADN mitochondrial COI de *P. segnis* depuis le NCBI sous format Fasta.

**Tableau 1 :** Acronymes, localités d'échantillonnage, et couleurs utilisées pour les haplotypes des individus de *P. segnis*.

Code	Signification	Couleur haplotype
PSP	<i>Portunus segnis</i> Pakistan	●
PSS	<i>Portunus segnis</i> Singapour	●
PSI	<i>Portunus segnis</i> Iran	●
PST	<i>Portunus segnis</i> Tunisie	●
PSM	<i>Portunus segnis</i> Malte	●

### II.3. Alignement des séquences

L'alignement multiple des séquences a été réalisé à l'aide du logiciel BioEdit (version 7.7.1). Cette étape est cruciale pour identifier les régions homologues entre les séquences et détecter les variations nucléotidiques, telles que les substitutions, les insertions et les délétions, qui sont essentielles pour les analyses phylogénétiques ultérieures (**Figure 15**). L'alignement final a abouti à une matrice de séquences alignées, de 587 paires de base (pb).



**Figure 15:** Alignement des séquences de *P. segnis* par le logiciel BioEdit.

#### II.4. Sélection du modèle de substitution

Le logiciel MEGA ("Molecular Evolutionary Genetics Analysis", version 11) a été utilisé pour déterminer le modèle de substitution nucléotidique le plus approprié pour les données alignées. La sélection du modèle s'est basée sur le critère d'information bayésien (BIC), qui permet d'identifier le modèle offrant le meilleur compromis entre complexité et ajustement des données. Il est à noter que le modèle HKY+G (Hasegawa, Kishino et Yano + Gamma distribution) a présenté la valeur BIC la plus petite et par conséquent, il a été choisi comme le meilleur modèle pour la construction de l'arbre phylogénétique.

#### II.5. Construction de l'arbre phylogénétique

L'arbre phylogénétique a été construit en utilisant la méthode du Maximum de Vraisemblance (Maximum Likelihood, ML) implémentée dans le logiciel MEGA. Cette méthode est reconnue pour sa robustesse dans l'inférence des relations évolutives entre les espèces. L'arbre obtenu a été évalué par un test de bootstrap avec 1000 répliques pour estimer la fiabilité des branches. L'arbre phylogénétique a été enraciné en utilisant le crabe vert (*Carcinus maenas*) comme groupe externe.

#### II.6. Analyse des haplotypes

L'analyse des haplotypes a été réalisée à l'aide du logiciel Network (version 10), en utilisant la méthode du "Median-Joining". Cette méthode permet de visualiser les relations entre les différentes variantes génétiques (haplotypes) au sein d'une population. Cette approche est essentielle pour comprendre la structure génétique et la diversité au sein de *P. segnis*, ainsi que pour inférer les relations évolutives entre les haplotypes identifiés. Les couleurs utilisées pour les différentes régions d'échantillonnage de *P. segnis* sont portés dans le **tableau 01**.

#### II.7. Analyse phylogénétique

L'analyse de la diversité génétique de l'espèce invasive *P. segnis* a été réalisée à partir de séquences non codantes alignées d'une région de 587 pb. Deux groupes géographiquement distincts ont été considérés : G01 (comprenant des individus originaires du Pakistan et de Singapour, voir chapitre résultats et discussions) et G02 (comprenant des individus originaires d'Iran, de Tunisie et de Malte, voir chapitre résultats et discussion). Les analyses ont été effectuées à l'aide du logiciel DnaSP v5, qui permet d'estimer divers paramètres de diversité nucléotidique ainsi que des tests de neutralité. Pour chaque groupe, les indices suivants ont été calculés : le nombre de sites polymorphes (S), le nombre total de mutations (Eta), la diversité

nucléotidique ( $\pi$ ), la diversité attendue sous neutralité Thêta ( $\theta$ ), et le test de D de Tajima. Sachant que :

- Le nombre de sites polymorphes (ou sites de ségrégation), noté "S", correspond au nombre de positions dans l'alignement de séquences où au moins deux nucléotides différents sont observés (variation entre les séquences). Par conséquent, c'est un indicateur de la diversité génétique ; plus "S" est élevé, plus il y a de variations dans le groupe étudié.
- "Eta" désigne le nombre total de mutations observées dans l'ensemble des séquences. Contrairement à "S", "Eta" prend en compte chaque événement muté, même si plusieurs mutations ont lieu sur un même site. Alors, elle donne une estimation plus fine du niveau de mutation dans un groupe.
- "Theta" ( $\theta$ ) est une estimation de la diversité génétique attendue sous le modèle neutre, calculée à partir du nombre de mutations observées (ou des sites polymorphes). Elle permet d'évaluer si la diversité observée correspond à celle attendue sous l'hypothèse de neutralité (pas de sélection).
- La diversité nucléotidique ( $\pi$ ) représente la probabilité moyenne que deux séquences choisies au hasard dans l'échantillon diffèrent par un ou plusieurs nucléotides. Elle est calculée comme la moyenne du nombre de différences nucléotidiques par site entre toutes les paires de séquences. Elle est calculée comme la moyenne du nombre de différences nucléotidiques par site entre toutes les paires de séquences.

$$\pi = \frac{1}{\binom{n}{2}} \sum_{i < j} \frac{d_{ij}}{L}$$

Où  $d_{ij}$  est le nombre de différences entre les séquences  $i$  et  $j$ , et  $L$  est la longueur de la séquence. Signification :

Plus  $\pi$  est élevé, plus la diversité génétique est importante au niveau des séquences nucléotidiques.

- **Test de D de Tajima** : il compare deux estimations de la diversité génétique :
  - $\pi$  (diversité observée)
  - $\theta$  (diversité attendue sous neutralité)

**Formule :**

$$D = \frac{\pi - \theta}{\text{écart-type de la différence}}$$

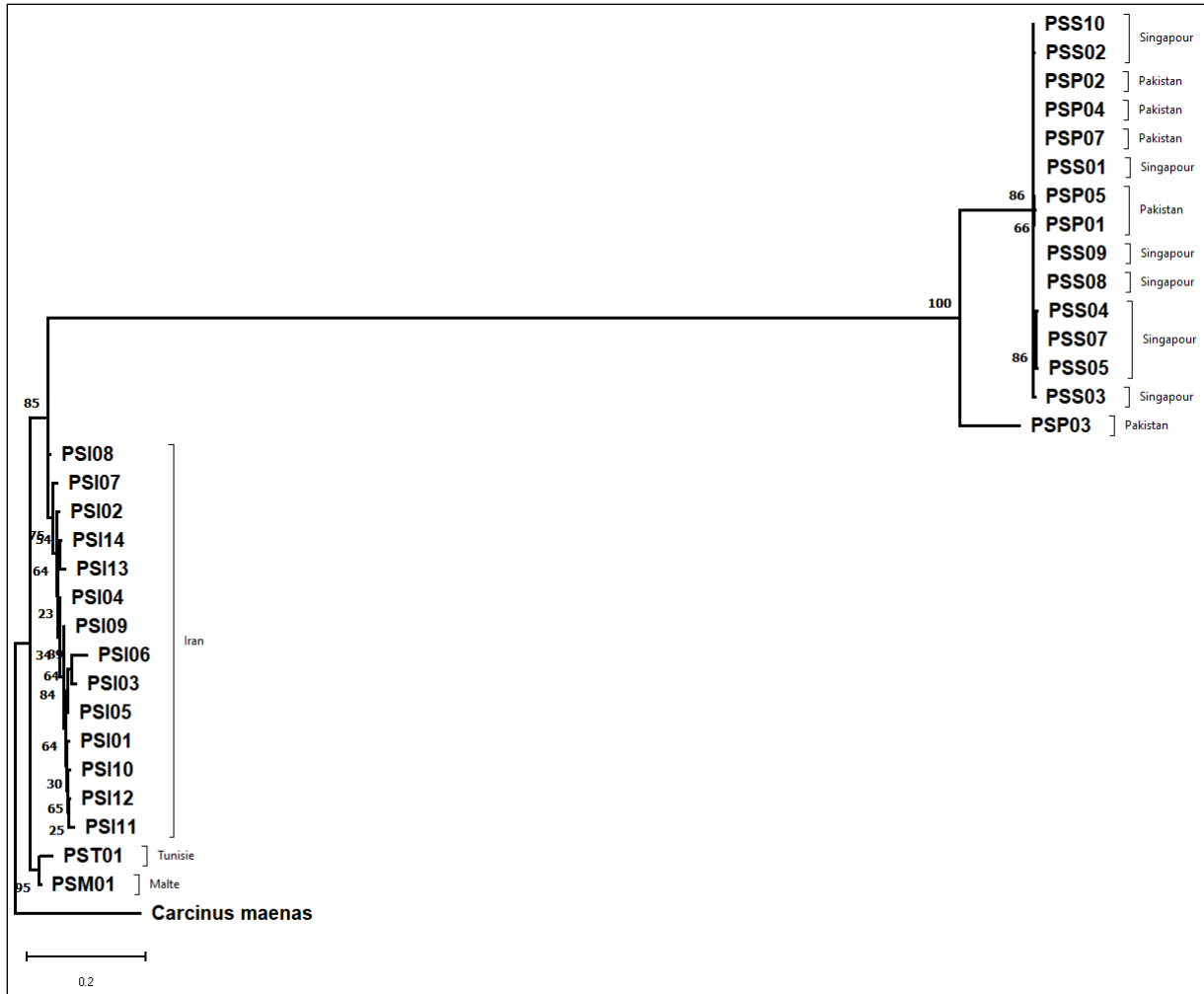
**D ≈ 0** → Neutralité (pas de sélection, population stable).

**D < 0** → Excès de mutations rares → expansion démographique ou sélection purifiante.

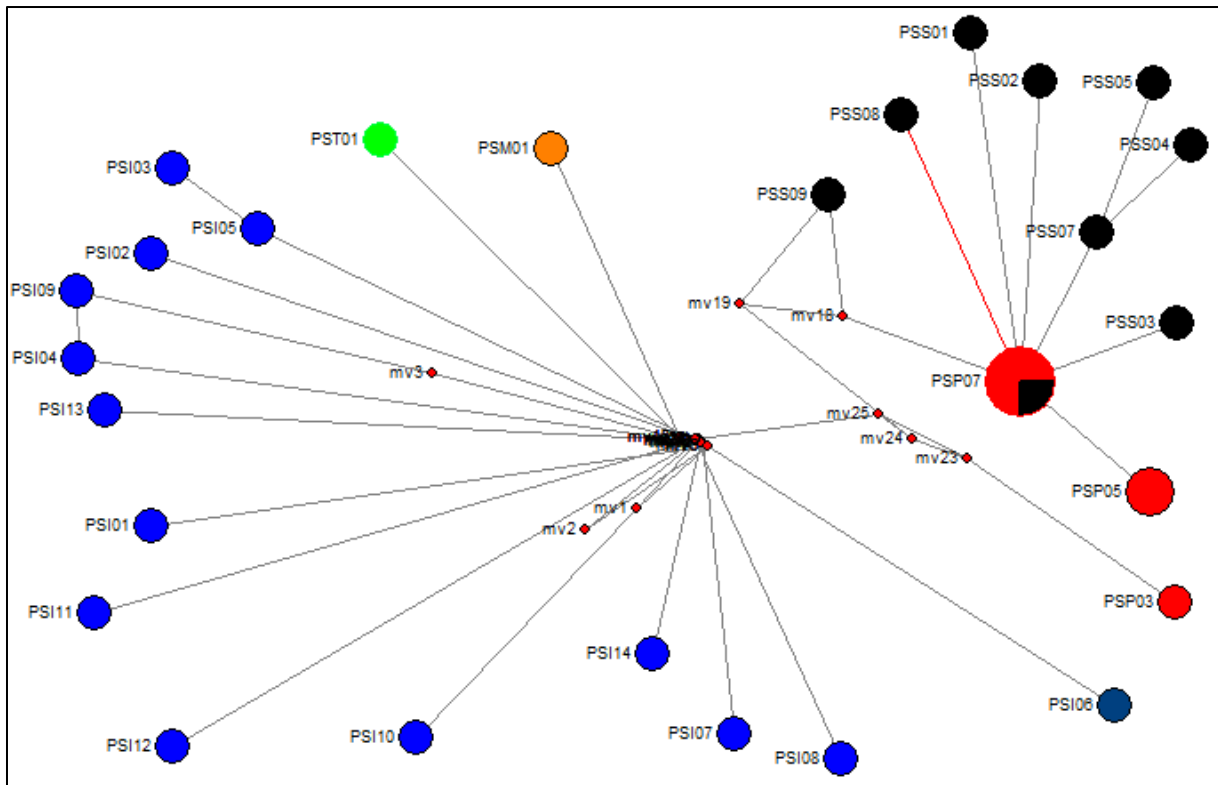
**D > 0** → Excès de mutations fréquentes → réduction de population ou sélection balancée.

**Signification statistique :** souvent testée avec une valeur P, et on note le seuil de significativité (ex.  $P < 0.05$ ,  $P < 0.01$ ).

# **Chapitre 03 : Résultats et Discussions**



**Figure 16:** Arbre phylogénétique de *P. segnis* par la méthode de Maximum de vraisemblance. L'analyse phylogénétique réalisée à partir des séquences du gène mitochondrial COI chez *Portunus segnis* a mis en évidence une structuration génétique clairement différenciée selon les zones géographiques d'origine des individus. L'arbre obtenu révèle la présence de deux clades majeurs, reflétant une divergence évolutive potentiellement associée à des barrières géographiques et/ou écologiques (**Figure 16**). Le premier clade regroupe exclusivement des individus issus des régions indopacifiques, en l'occurrence du Pakistan et de Singapour (**Figure 16**). Ce groupe se distingue par un fort soutien statistique (valeur de bootstrap de 100), traduisant une homogénéité génétique marquée malgré l'éloignement géographique relatif des sites d'échantillonnage (**Figure 16**). L'arborescence interne de ce clade révèle plusieurs sous-structures génétiques bien définies (bootstrap compris entre 66 et 86), suggérant une diversité intra-clade non négligeable, mais également une connectivité génétique forte entre les deux régions (Pakistan & Singapour) [**Figure 16**].



**Figure 17:** Réseau d'haplotype de *P. segnis*.

L'absence totale d'individus méditerranéens dans ce clade suggère que cette lignée ne constitue pas la source d'introduction des populations actuellement établies dans le bassin méditerranéen (**Figure 16**). En revanche, un second clade regroupe la majorité des séquences obtenues en provenance de l'Iran, ainsi que les deux individus méditerranéens inclus dans cette étude, à savoir ceux provenant de la Tunisie (PST01) et de la Malte (PSM01) [**Figure 16**]. Même si le soutien statistique au sein de ce groupe est plus variable (bootstrap de 25 à 85), la proximité génétique évidente entre ces trois origines géographiques suggère fortement l'existence d'un lien évolutif direct (**Figure 16**). Les individus tunisiens et maltais ne forment pas de groupes distincts, mais apparaissent intégrés au sein de la variabilité iranienne, situé dans le nord-ouest de l'océan Indien, en particulier au niveau des côtes iraniennes. Parallèlement à l'analyse phylogénétique, le réseau d'haplotypes basé sur les séquences du COI a révélé une structuration génétique concordante avec les résultats précédemment obtenus (**Figure 17**). Le réseau met en évidence une séparation claire entre les individus méditerranéens (Tunisie et Malte), iraniens, et indopacifiques (Pakistan, Singapour). Les haplotypes iraniens (en bleu) apparaissent largement diversifiés et majoritairement uniques (haplotypes privés), indiquant une diversité génétique élevée dans cette région (**Figure 17**). En revanche, les individus de Tunisie (vert) et Malte (orange) se positionnent au sein du même agrégat que les séquences iraniennes, suggérant une affiliation génétique directe à ce réservoir originel (**Figure 17**). À l'opposé, les individus

du Pakistan et de Singapour (en rouge et noir) forment un noyau haplotypique distinct, caractérisé par un haplotype central dominant partagé par plusieurs individus (notamment PSP07), entouré de dérivés proches, ce qui est typique d'une expansion récente à partir d'un haplotype ancestral commun (**Figure 17**). En outre, l'étude de ([Bouraoui et al., 2023](#)) signale la toute première observation officielle de *Portunus segnis* en Algérie, précisément sur la côte de la wilaya de Jijel, dans deux sites bien localisés (Plage de Aouka & plage de Bazoul). Ces observations ont été faites en août 2022 et reposent sur des captures réalisées par des pêcheurs artisanaux, puis confirmées par une analyse morphologique comparative des spécimens collectés. Ce signalement constitue ainsi le premier enregistrement scientifique officiel de l'espèce sur les côtes algériennes. Cette découverte s'inscrit pleinement dans la dynamique d'expansion décrite par ([Castriota et al., 2022](#)) [voir **chapitre I**], et correspond à une prolongation géographique vers l'ouest au-delà des foyers déjà établis en Tunisie, en Sicile et à Malte. Elle confirme la phase d'expansion rapide (2002–2021) et suggère que cette dynamique se poursuit désormais vers l'Algérie, avec Jijel comme nouveau point de colonisation. Les résultats de ([Castriota et al., 2022](#)), fondés sur des méthodes d'analyse spatiale telles que l'estimation de densité par noyau (EDN), l'autocorrélation spatiale (Moran's I) et les tests de cluster (Getis-Ord Gi), avaient identifié les régions de l'Est tunisien comme des points chauds. L'observation algérienne, bien que récente, étend ces foyers potentiels en validant une projection ouest-méditerranéenne cohérente. De plus, les conditions environnementales similaires entre les côtes tunisiennes et la région de Jijel (température, salinité, courants) renforcent la plausibilité écologique de cette expansion, et appellent à actualiser les cartes de risque d'invasion en y intégrant la façade algérienne. Dans ce contexte, et compte tenu de la récente détection de *P. segnis* sur la côte est algérienne (région de Jijel), il est scientifiquement pertinent de formuler des hypothèses quant à l'origine des populations établies dans cette zone. L'absence actuelle de séquences algériennes dans les bases de données publiques (telles que le NCBI) ainsi que dans l'arbre phylogénétique généré dans le cadre de cette étude limite les conclusions directes. Néanmoins, les proximités phylogénétiques observées entre les individus méditerranéens (Tunisie et Malte) et les individus iraniens permettent de proposer, à titre d'hypothèse, que les populations récemment observées en Algérie pourraient dériver de la même lignée. Cette hypothèse est par ailleurs consolidée par l'analyse du réseau d'haplotypes, qui ne révèle aucun lien haplotypique direct entre les populations méditerranéennes (Tunisie & Malte) et celles du groupe indopacifique (Pakistan & Singapour). Une telle configuration génétique soutient ainsi davantage le scénario d'une introduction méditerranéenne via la région iranienne, plutôt qu'une dispersion directe depuis le Pakistan ou Singapour. Deux mécanismes

d'introduction non exclusifs peuvent ainsi être envisagés. Le premier repose sur une dispersion secondaire à partir de foyers méditerranéens déjà établis (notamment en Tunisie ou à Malte), via des processus de transport passif tels que la dérive larvaire ou les activités maritimes régionales (trafic de navires, transport d'organismes par ballast). Le second scénario postule une introduction primaire indirecte depuis l'Iran, ayant potentiellement transité par plusieurs étapes de colonisation dans l'Est méditerranéen, avant d'atteindre les côtes algériennes. Ce mode de dispersion pourrait avoir été facilité par les voies maritimes internationales, les échanges halieutiques, ou encore les modifications environnementales favorisant l'établissement de cette espèce opportuniste.

**Tableau 2 :** Résultats des analyses de diversité génétique pour les deux groupes G01 et G02. N : nombre de séquences, S : Nombre de sites polymorphes, Eta : Nombre total de mutations,  $\pi$  : diversité nucléotidique et Theta ( $\theta$ ) : diversité attendue sous neutralité.

Groupe	Origine géographique	N	S	Eta	$\pi$	Theta ( $\theta$ )	D de Tajima (P value)
G01	Pakistan, Singapour	15	111	115	0.028	0.062	-2.38 (***)
G02	Iran, Tunisie, Malte	16	74	78	0.032	0.040	-0.82 (n.s.)

En complément des approches phylogénétiques et de réseau d'haplotypes, les analyses de diversité génétique menées sur les clades G01 et G02 de *Portunus segnis* ont mis en évidence des différences notables dans les dynamiques évolutives entre les zones géographiques de deux groupes (**Tableau 02**). Le groupe G01, représentatif de la région de Pakistan et Singapour, présente un niveau élevé de diversité génétique ( $\pi = 0.028$ ;  $\theta = 0.062$ ) et une valeur de D de Tajima fortement négative et significative ( $-2.38$ ,  $P < 0.001$ ), suggérant une expansion démographique récente ou une sélection purifiante (**Tableau 02**). En revanche, le groupe G02 (Iran, Malte et la Tunisie) montre une diversité modérée ( $\pi = 0.032$  ;  $\theta = 0.040$ ) et une valeur non significative de D de Tajima ( $-0.82$ ), indiquant une évolution proche de la neutralité (**Tableau 02**). Ces résultats soutiennent l'hypothèse selon laquelle l'invasion de la Méditerranée par *P. segnis* pourrait résulter d'un événement de colonisation récent à partir d'une population source asiatique, suivi d'un établissement progressif. La réduction de diversité attendue dans les populations "envahissantes" (G02) n'est pas fortement marquée ici, ce qui pourrait refléter une introduction multiple ou un effectif fondateur non négligeable.

# Conclusion

L'étude phylogénétique et haplotypique de *Portunus segnis* a permis de mettre en évidence les relations évolutives entre différentes populations mondiales et méditerranéennes. L'absence de liens génétiques directs entre les populations méditerranéennes et celles du Pakistan ou de Singapour, ainsi que la forte proximité entre les séquences de Tunisie, Malte et Iran, suggèrent que les populations établies en Méditerranée proviennent probablement d'un réservoir génétique situé sur les côtes iraniennes.

Ces observations sont par ailleurs soutenues par les analyses de diversité génétique comparant les groupes G01 (Pakistan/Singapour) et G02 (Iran, Tunisie, Malte). Le groupe G01 présente une diversité génétique relativement élevée ( $\pi = 0.028$  ;  $\theta = 0.062$ ) et un déséquilibre significatif du test de Tajima ( $D = -2.38$  ;  $P < 0.001$ ), indiquant une expansion démographique récente ou une sélection purifiante. En revanche, le groupe G02 présente une diversité modérée ( $\pi = 0.032$  ;  $\theta = 0.040$ ) et une valeur de D de Tajima non significative ( $D = -0.82$ ), reflétant une dynamique plus stable et conforme à une évolution neutre. La réduction attendue de diversité dans les populations du groupe (G02), pourrait refléter soit une introduction multiple, soit un effectif fondateur relativement élevé.

L'observation récente de *P. segnis* sur la côte algérienne (Jijel), rapportée pour la première fois en 2023, s'inscrit ainsi dans une dynamique d'expansion géographique ouest-méditerranéenne. Elle renforce l'hypothèse d'une dispersion secondaire à partir de foyers déjà établis en Tunisie ou à Malte, probablement facilitée par la dérive larvaire, les courants marins, ou encore les activités maritimes telles que le trafic de navires. La similarité environnementale entre les zones colonisées (température, salinité, structure des habitats) pourrait également avoir favorisé le succès de l'installation de cette espèce opportuniste.

Ces résultats soulignent l'importance de mettre en place une surveillance génétique continue des populations envahissantes dans toute la région méditerranéenne, ainsi qu'une mise à jour régulière des cartes de risque d'invasion. La présence croissante de *Portunus segnis*, crabe bleu nageur appartenant à la famille des *Portunidae*, représente une menace sérieuse pour les écosystèmes marins indigènes, notamment par la compétition avec les espèces locales, la prédation sur certaines ressources halieutiques, et les modifications potentielles des chaînes trophiques. Par ailleurs, les retombées économiques peuvent être significatives, en particulier pour les pêcheries artisanales déjà vulnérables.

Dans ce contexte, il devient urgent de formuler et d'appliquer des stratégies de gestion adaptées, intégrant des approches de biovigilance, des plans de contrôle ciblé, ainsi que des campagnes

de sensibilisation. En fin de compte, cette étude met en lumière l'apport décisif de l'approche phylogénétique et populationnelle dans la compréhension des dynamiques d'invasion biologique, fournissant une base scientifique solide pour orienter les politiques de conservation et de gestion durable des ressources marines en Méditerranée.

# Références Bibliographiques

## Références Bibliographiques

- Baxevanis, A. D., and Ouellette, B. F. F. (2005). "Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins," 3/Ed. Wiley-Interscience.
- Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida, O., Ben Hadj Hamida, N., Ammar, R., Chaouch, H., and Missaoui, H. (2019a). Feeding habits of the blue swimming crab *Portunus segnis* (Forskål, 1775) (Brachyura: Portunidae) in the Mediterranean. *Journal of the Marine*.
- Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida, O., Ben Hadj Hamida, N., Chaouch, H., and Missaoui, H. (2019b). Allometry, condition factor and growth of the swimming blue crab *Portunus segnis* in the Gulf of Gabes, southeastern Tunisia (central Mediterranean). *Mediterranean Marine Science* **20**, 566-576.
- Ben Abdallah-Ben Hadj Hamida, O., Ben Hadj Hamida, N., Chaouch, H., Nafkha, B., Ben Ali, N., Abidi, D., and Missaoui, H. (2022). Reproductive biology of the blue swimming crab *Portunus segnis* (Forskål, 1775) (Brachyura: Portunidae) in the Gulf of Gabes (southeastern Tunisia, central Mediterranean Sea). *African Journal of Marine Science*.
- Bouraoui, F. C., Cheniti, R., Benayad, M. N., Haj, S. B., Bentahar, I., and Kahlessenane, S. (2023). First record of the blue crab *Portunus segnis* (Crustacea, Decapoda, Portunidae), a non-indigenous species along the eastern Algerian coast. *Ecologia Mediterranea* **49**.
- Castriota, L., Falautano, M., Maggio, T., and Perzia, P. (2022). The Blue Swimming Crab *Portunus segnis* in the Mediterranean Sea: Invasion Paths, Impacts and Management Measures. *Biology* **11**, 1473.
- Coyne, J. A., and Orr, H. A. (2004). "Speciation," Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Cracraft, J. (1983). Species concepts and speciation analysis. In "Current Ornithology", Vol. 1, pp. 159-187.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society* **85**, 407-415.
- Fitzpatrick, B. M., Fordyce, J. A., and Gavrilets, S. (2008). What, if anything, is sympatric speciation? *Journal of Evolutionary Biology* **21**, 1452-1459.
- Fraïsse, C. (2014). Génétique de l'adaptation et de la spéciation : théorie et analyse de données de séquençage haut-débit dans le complexe d'espèces *Mytilus edulis*, Université Montpellier II, Montpellier.
- Funk, D. J., and Omland, K. E. (2003). Species-level paraphyly and polyphyly: Frequency, causes, and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA. *Annual Review of Ecology and Systematics* **34**, 397-423.
- Galil, B. S. (2008). Alien species in the Mediterranean Sea – which, when, where, why? *Hydrobiologia* **606**, 105-116.
- Giraldes, B. W., Al-Maslamani, I., Al-Ashwel, A., Chatting, M., and Smyth, D. (2016). Basic assessment of *Portunus segnis* (Forskål, 1775) – A baseline for stock management in the Western Arabian Gulf. *Egyptian Journal of Aquatic Research* **42**, 111-119.
- Group, M. (1970). Observations of formation of deep water in the Mediterranean Sea. *Nature* **227**, 1037-1040.

- Hasegawa, M., Kishino, H., and Yano, T. A. (1985). Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution* **22**, 160-174.
- Jammali, S. (2022). Modélisation et comparaison de la structure de gènes, Université de Sherbrooke.
- Jukes, T. H., and Cantor, C. R. (1969). Evolution of protein molecules. In "Mammalian protein metabolism" (H. N. Munro, ed.), pp. 21-132. Academic Press.
- Katsanevakis, S., Zenetos, A., Belchior, C., and Cardoso, A. C. (2013). Invading European seas: assessing pathways of introduction of marine aliens. *Ocean & Coastal Management* **76**, 64-74.
- Kessouri, F. (2015). Biogeochemical cycles of the Mediterranean Sea: Processes and Budgets Cycles biogéochimiques de la Mer Méditerranée : Processus et bilans, Université Toulouse III Paul Sabatier.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* **16**, 111-120.
- Lai, J. C. Y., Ng, P. K. L., and Davie, P. J. F. (2010). A revision of the genus *Portunus* (Crustacea: Brachyura: Portunidae) based on molecular and morphological characters, with the recognition of four new genera. *The Raffles Bulletin of Zoology* **58**, 217-245.
- Lévêque, C., and Agnèse, J. F. (1999). La diversité des poissons africains: L'héritage de l'évolution. In "Les Poissons des Eaux Continentales Africaines: Diversité, Écologie, Utilisation par L'homme", pp. 89-104.
- Mancinelli, G., Cerri, J., and Scalici, M. (2017). Assessing the invasion of *Portunus segnis* in the Mediterranean Sea: First evidence from the western basin. *Marine Biodiversity* **47**, 23-27.
- Mayr, E. (1942). "Systematics and the Origin of Species," Columbia University Press, New York.
- Millot, C. (2013). Levantine Intermediate Water characteristics: An astounding general misunderstanding! *Scientia Marina* **77**, 217-232.
- Millot, C., and Taupier-Letage, I. (2005). Circulation in the Mediterranean Sea. In "The Mediterranean Sea" (A. Saliot, ed.), pp. 29-66. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- Muths, D. (2006). Structures génétique et démographique des populations de deux espèces d'ophiures aux caractéristiques biologiques contrastées, *Acrocnida brachiata* et *Ophiothrix fragilis*, an Atlantique Nord-Est.
- Needleman, S. B., and Wunsch, C. D. (1970). A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *Journal of Molecular Biology* **48**, 443-453.
- Ng, P. K. L., Guinot, D., and Davie, P. J. F. (2008). Systema Brachyurorum: Part I. An annotated checklist of extant brachyuran crabs of the world. *The Raffles Bulletin of Zoology* **17**, 1-286.
- Occhipinti-Ambrogi, A. (2007). Global change and marine communities: Alien species and climate change. *Marine Pollution Bulletin* **55**, 342-352.

- Pinardi, N., and Masetti, E. (2000). Variability of the large scale general circulation of the Mediterranean Sea from observations and modelling: a review. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* **158**, 153-173.
- Rohmer, C. (2023). Alignement multiple et séquençage de troisième génération. Algorithme et structure de données, Université de Lille.
- Simpson, G. G. (1961). "Principles of Animal Taxonomy," Columbia University Press, New York.
- Smith, T. F., and Waterman, M. S. (1981). Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology* **147**, 195-197.
- Souissi, J. B., Ghanem, R., Rjiba, W., Ben, K. O., Amor, F. N., Hafsia, I. B., and Alaya, S. (2024). "Managing the explosion of the blue swimming crab *Portunus segnis* (Forskål, 1775) in Tunisia."
- Spiridonov, V., Neretina, T. V., and Schepetov, D. (2014). Morphology, evolution and classification of swimming crabs (Crustacea: Brachyura: Portunidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* **172**, 68-95.
- Tajima, F., and Nei, M. (1984). Estimation of evolutionary distance between nucleotide sequences. *Molecular Biology and Evolution* **1**, 269-285.
- Tavaré, S. (1986). Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences. In "Lectures on Mathematics in the Life Sciences", Vol. 17, pp. 57-86.
- Tellier, F. (2009). Etude des processus de spéciation associés à une zone de transition biogéographique : exemple de l'algue brune *Lessonia nigrescens*, Université Pierre et Marie Curie - Paris VI.
- Testor, P., and Gascard, J.-C. (2005). Deep water formation in the northwestern Mediterranean: Long-term study through in situ observations and modeling. *Journal of Geophysical Research* **110**.
- Thorson, G. (1950). Reproductive and larval ecology of marine bottom invertebrates. *Biological Reviews* **25**, 1-45.
- Van Valen, L. (1976). Ecological species, multispecies, and oaks. *Taxon* **25**, 233-239.
- Zenetos, A., Gofas, S., Morri, C., Rosso, A., Violanti, D., and García Raso, J. E. (2012). Alien species in the Mediterranean Sea by 2012. A contribution to the distribution and effects of biological invasions. *Mediterranean Marine Science* **13**, 328-352.

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

جامعة عبد الحميد بن باديس - مستغانم -  
كلية علوم الطبيعة والحياة

تصريح شرفي خاص بالالتزام بقواعد النزاهة العلمية  
لإنجاز البحث

أنا الممضي أدناه،  
الطالب (ة): ..... **بوجراف** ..... للتسجيل الجامعي: رقم التسجيل الجامعي: 202037034610 .....  
الحامل لبطاقة التعريف الوطنية رقم ~~1100009910764004~~ والصادرة بتاريخ: ..... 2020/07/29 .....  
عن **البيولوجيا** .....  
المسجل بكلية علوم الطبيعة والحياة / قسم **البيولوجيا** .....  
شعبة **علوم بيولوجية** / التخصص **علم الوراثة النحبي والأساسي**  
والمكلف بإنجاز مذكرة ماستر بعنوان:

..... *Étude phyllogéographique et de la diversité génétique*  
*du Crabe bleu *Portunus segnis* (Forsk.) (1795)* .....

أصرح بشرفي أنني ألتزم بمراعاة المعايير العلمية والمنهجية ومعايير الأخلاقيات العلمية والنزاهة الأكاديمية  
المطلوبة في إنجاز البحث ، وأتحمل المسؤولية الشخصية عن كل المحتوى المتضمن في البحث المذكور أعلاه .

التاريخ: 2025/06/30

إمضاء المعني



\* ملحق القرار الوزاري رقم 933 المؤرخ في 28 جويلية 2016 الذي يحدد القواعد المتعلقة بالوقاية من السرقة العلمية ومكافحتها.