

# Structure génétique et connectivité des populations de quatre espèces côtières pêchées dans les îles Gilbert à Kiribati

Sébastien Gislard, Claire Bonneville, Pauline Bosserelle, Gaël Lecellier, Manibua Rota, Véronique Berteaux-Lecellier, George Shedrawi et Andrew R. Halford

## Introduction

La pêche côtière artisanale contribue de manière cruciale à la sécurité alimentaire et à la résilience socioéconomique de la région Pacifique (Gillett 2016). Les poissons côtiers revêtent une importance particulière, représentant jusqu'à 60 % des débarquements de la pêche côtière (Dalzell and Adams 1996). Près de 80 % des prises débarquées sont principalement destinées à l'autoconsommation (Bell *et al.* 2009), de sorte que le poisson constitue la première source de protéines dans la plupart des îles du Pacifique (Charlton *et al.* 2016). Les poissons de récif excédentaires sont vendus sur les marchés locaux et régionaux et sont parfois commercialisés à l'international. Ce commerce alimente les économies locales et assure une source de revenus aux communautés (Kronen *et al.* 2010 ; Gillet 2016).

Les populations océaniques, qui connaissent une forte croissance démographique et ont désormais accès à de meilleures techniques de pêche et à des solutions de réfrigération, entreprennent de répondre à la demande croissante de produits de la mer frais provenant des marchés locaux et internationaux. Cette situation a entraîné une intensification de la pression de pêche côtière, qui atteint en de nombreux endroits des niveaux insoutenables, et a mis en évidence la nécessité de gérer efficacement les ressources côtières pour éviter le déclin continu des prises. Pour bien gérer les pêches côtières, il faut pouvoir prendre des décisions étayées par des données et des informations appropriées. Malheureusement, ces données font défaut dans de nombreux pays du Pacifique, ce qui limite leur capacité à opérer des choix efficaces en matière de gestion. Bien que les organismes nationaux chargés des pêches côtières assurent la collecte des données nécessaires, de graves lacunes subsistent dans la connaissance du cycle biologique et de la démographie des espèces ciblées dans le Pacifique.

La République de Kiribati, située dans le Pacifique central, a ceci d'unique qu'elle se compose de trois archipels distincts : les îles Phoenix, les îles de la Ligne et les îles Gilbert (Alsied 2006 ; Kiareti *et al.* 2015). La population de Kiribati est fortement tributaire des ressources marines et enregistre la plus forte consommation de poisson par habitant du Pacifique (Charlton *et al.* 2016). Selon une enquête récente sur les revenus et les dépenses des ménages (2019–2020) (Ministry of Finance and Economic Development Government of Kiribati 2021), les trois archipels de Kiribati accueillent une population totale d'environ 120 000 habitants, dont quelque 90 %, soit environ 108 000 habitants, se concentrent dans les îles Gilbert. Au sein de l'archipel des Gilbert, la répartition de la population est aussi très asymétrique, environ 58 % de la population résidant à Tarawa Sud, la capitale du pays.

Sans surprise, la pression de pêche aux abords de Tarawa (qui compte 63 000 habitants) est bien supérieure (différence de plusieurs ordres de grandeur) à celle des autres atolls, sachant que le deuxième atoll le plus densément peuplé (Abaiang) n'abrite que 5 500 habitants (National Statistics Office 2016). Face à une telle concentration de l'effort de pêche, il convient de se poser une question importante : Dans quelle mesure les espèces ciblées sont-elles résilientes à la pression de pêche aux abords de Tarawa ? C'est sur un aspect de cette question que se centre la présente étude, à savoir le degré de connectivité entre les populations résidentes d'une même espèce et celles provenant d'autres atolls. Les populations fortement connectées forment des métapopulations et présentent un niveau de résilience globale bien supérieur à celui des populations isolées faiblement connectées (Kritzer and Sale 2004).

La présente étude s'inscrit dans un programme plus large d'analyse des effets de la pêche le long d'un gradient démographique dans les îles Gilbert. Trois atolls – Tarawa, Abemama et Onotoa – ont été sélectionnés ; ils comptent respectivement 70 000, 3 200 et 1 400 habitants (National Statistics Office 2016). Selon des données d'études, quatre espèces côtières prédominent dans les prises effectuées dans les trois atolls. Notre objectif était donc de déterminer le degré d'isolement génétique des différentes populations évoluant dans ces atolls et d'obtenir des informations sur le niveau de résilience de la métapopulation, qui pourrait être propre aux îles Gilbert.

Les quatre espèces étudiées étaient les suivantes : la banane de mer, *Albula glossodonta*, qui vit dans les lagons sablonneux ; l'empereur moris et l'empereur à bandes orange, *Lethrinus nebulosus* et *L. obsoletus*, qui fréquentent les fonds sablonneux et détritiques à l'intérieur et en dehors du lagon ; et le vivaneau pagaie, *Lutjanus gibbus*, que l'on trouve dans des zones à dominante récifale. Aux îles Gilbert, la structure génétique et la connectivité des populations de ces quatre espèces restent méconnues ou peu étudiées (Colborn *et al.* 2001 ; Friedlander *et al.* 2007 ; Wallace 2015). Notre objectif principal était de déterminer le degré de structuration génétique et de connectivité inférée des populations dans les trois atolls, en utilisant des marqueurs d'ADN mitochondrial (ADNmt) hautement polymorphes, à savoir le cytochrome b (cytb) et la région de contrôle (Ekerette *et al.* 2017 ; Lalitha and Chandavar 2018).

## Méthodologie

### Site de l'étude

L'étude était axée sur les îles Gilbert et des échantillons biologiques ont été prélevés dans les trois atolls, distants les uns des autres de 100 à 400 km (figure 1). Tarawa est l'atoll le plus densément peuplé et possède le plus vaste lagon, qui s'étend sur 534 km<sup>2</sup>, une superficie trois et sept fois supérieure à celle d'Abemama (152 km<sup>2</sup>) et d'Onotoa (75 km<sup>2</sup>) respectivement (Ministry of Internal and Social Affairs 2012a, 2012b, 2008).

### Plan d'échantillonnage

Des fragments de nageoire ont été prélevés de manière opportuniste sur des poissons observés dans des sites de débarquement locaux dans le cadre d'enquêtes menées auprès des pêcheurs entre mai et décembre 2019 (Gislard 2020). Des prélèvements ont été réalisés dans les trois atolls pour *Albula glossodonta* et *Lethrinus obsoletus*, mais uniquement à Tarawa et Abemama pour *L. nebulosus*, et à Abemama et Onotoa pour *Lutjanus gibbus*. Au total, 241 fragments de nageoire ont été prélevés et conservés dans de l'éthanol à 95 % : *Albula glossodonta* (n = 85), *L. nebulosus* (n = 47), *L. obsoletus* (n = 52) et *Lutjanus gibbus* (n = 57) (tableau 1).

Étant donné que, sur le plan morphologique, il est quasiment impossible de distinguer *A. glossodonta* des espèces sympatriques du même genre dans l'Indopacifique (Wallace 2015) – *A. vulpes*, *A. oligolepis*, *A. argentea*, *A. virgata*, *A. escuncula* et *A. gilberti* –, les analyses génétiques réalisées pour cette espèce visaient d'abord à confirmer l'identité de l'espèce avant de procéder aux analyses de connectivité.

### Extraction d'ADN, amplification d'ADN mitochondrial et séquençage

L'ADN génomique total a été extrait à partir d'un fragment de nageoire de 1 cm<sup>2</sup> au moyen d'un kit d'extraction d'ADN. Selon l'espèce, c'est tantôt le cytb tantôt la région de contrôle qui a servi de marqueur. Ces marqueurs (ADNmt) sont réputés pour leur sensibilité, permettant de mesurer la différenciation à l'échelle des populations (Askari *et al.* 2013 ; Grunwald *et al.* 2002 ; Imtiaz *et al.* 2017).

C'est ensuite MacroGen qui a procédé aux amplifications en chaîne par polymérase (PCR) et aux séquençages Sanger. Les conditions des analyses PCR et de séquençage sont résumées dans le tableau 1.

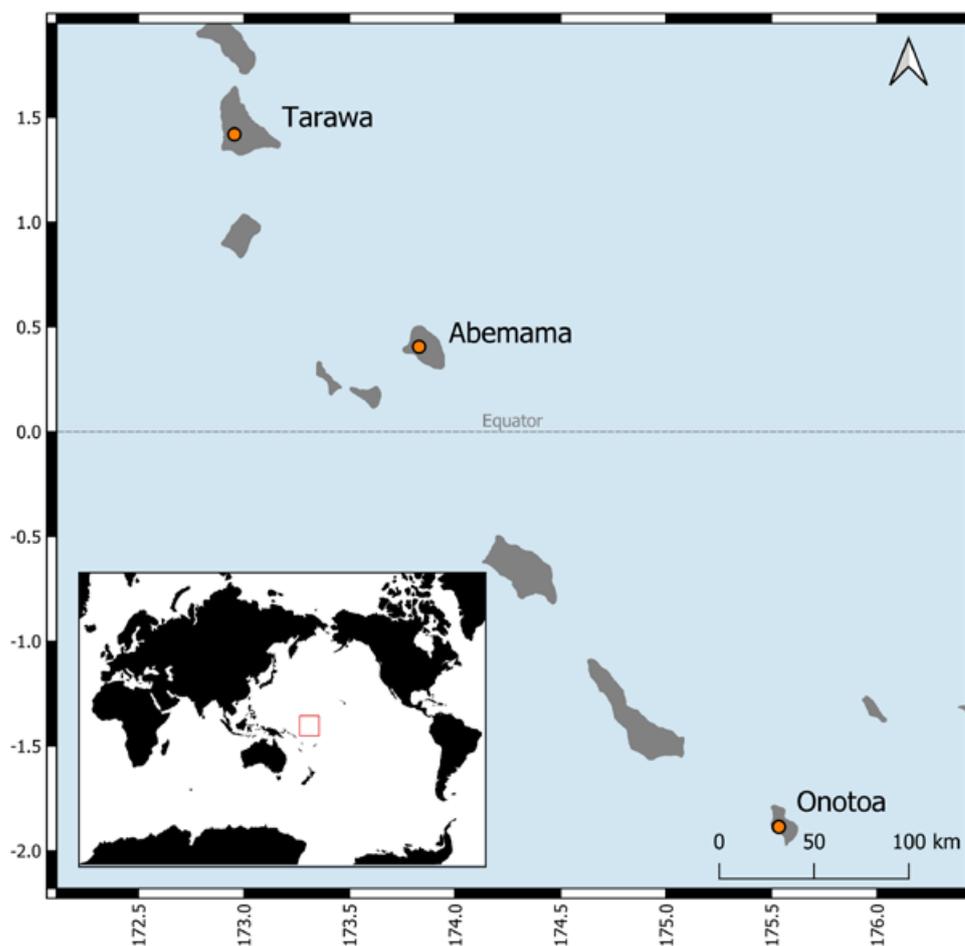


Figure 1. Localités où ont été prélevés les échantillons biologiques aux îles Gilbert (points orange). Les zones grisées représentent les terres émergées et les zones récifales.

Tableau 1. Paramètres d'amplification de l'ADN mitochondrial de quatre espèces de récif dans l'océan Pacifique. Le numéro d'accèsion est le numéro d'accès à la séquence dans la base de données en accès libre du Centre national pour l'information biotechnologique.

Espèce	Mar-queurs	Sens	Séquences des amorces	Numéro d'accèsion
<i>Albula glossodonta</i>	Cytb	Forward (sens)	5'-GTCTCCAAGAAGGTTAGGCGA-3'	OL542768 OL542781
		Reverse (anti-sens)	5'-TGCTAGGGTTGTGTTTAATTA-3'	
<i>Lethrinus nebulosus</i>	Région de contrôle	Sens	5'-CGGTCTTGTAACCGGATGT-3'	OL580786 OL580794
		Anti-sens	5'-GTCATGGCCCTGAAATAGGA-3'	
<i>Lethrinus obsoletus</i>	Région de contrôle	Sens	5'-CGGTCTTGTAACCGGATGT-3'	OL580795 OL580810
		Anti-sens	5'-GTCATGGCCCTGAAATAGGA-3'	
<i>Lutjanus gibbus</i>	Cytb	Sens	5'-TGGCAAGCCTACGCAAAC-3'	OL580811 OL580827
		Anti-sens	5'-TATTCCGCCGATTCAGGTAA-3'	

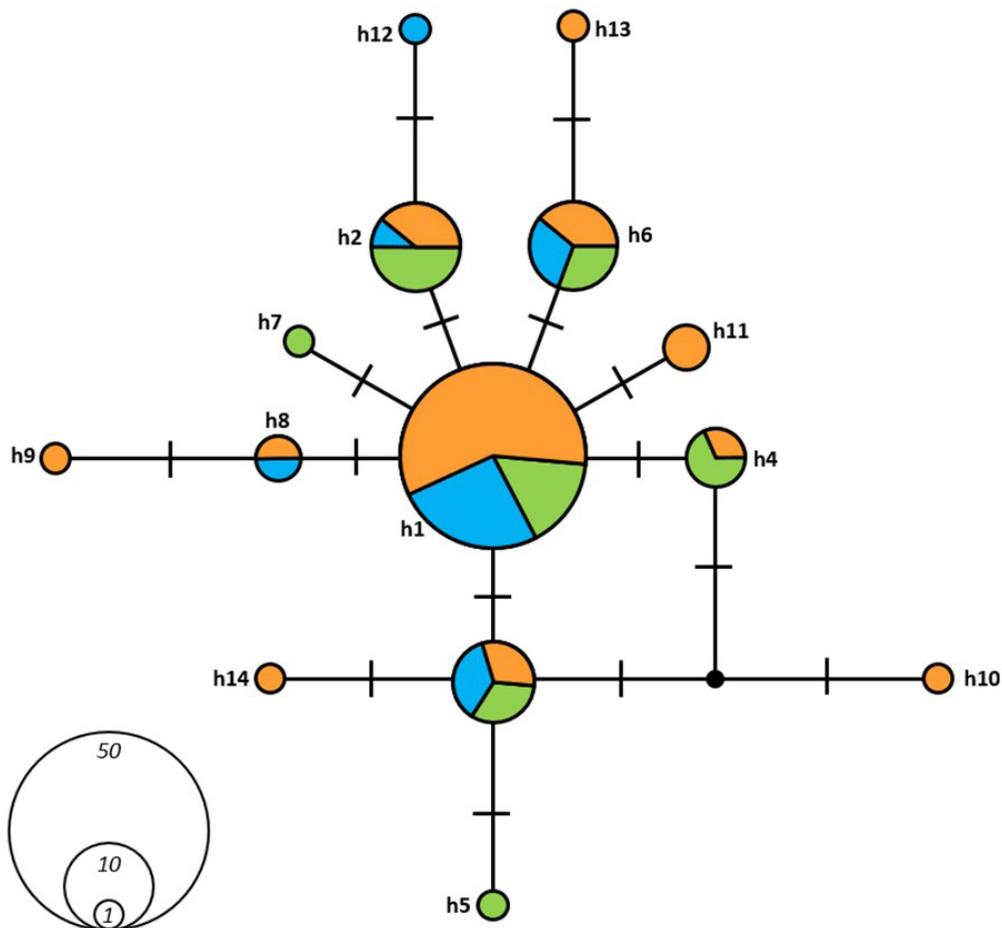


Figure 2. Réseau haplotypique de type « median-joining » de *A. glossodonta*. La taille des cercles des haplotypes est proportionnelle au nombre d'individus partageant l'haplotype. Les couleurs désignent les régions d'origine (bleu : Onotoa ; orange : Abemama ; vert : Tarawa). La longueur des bâtonnets noirs représente le nombre de substitutions nucléotidiques. Les points noirs (vecteurs médians) représentent des haplotypes non échantillonnés.

## Analyse génétique

Les séquences ont été alignées puis corrigées à la main à l'aide du logiciel Mega (Kumar *et al.* 2018). Pour confirmer que les échantillons d'*Albula* correspondaient effectivement à une seule espèce, *A. glossodonta*, toutes les séquences ont été comparées à la collection de nucléotides du Centre national pour l'information biotechnologique (National Center for Biotechnology Information, NCBI), base de données génétiques internationale hébergée par la Bibliothèque nationale de médecine des États-Unis.

Pour l'étude de la diversité génétique entre les atolls, les structures génétiques ont été estimées au niveau haplotypique (diversité haplotypique, h) ainsi qu'au niveau nucléotidique

(diversité nucléotidique,  $\pi$ ) (Nei 1987) à l'aide du logiciel Arlequin v 3.5 (Excoffier *et al.* 2007). Pour l'étude de l'histoire évolutive des populations, les goulets d'étranglement potentiels ont été examinés à l'aide des tests de neutralité de Tajima (valeur D) et de Fu (valeur Fs). La différenciation génétique entre les atolls a été évaluée au moyen d'un indice de fixation, qui permet de mesurer la différenciation de deux populations en fonction des fréquences haplotypiques ( $F_{ST}$ ).

Un réseau haplotypique représentant les relations entre les haplotypes d'ADNmt des îles Gilbert a été construit sur Network V10.0 (Fluxus Technology) afin de visualiser la connectivité entre les localités.

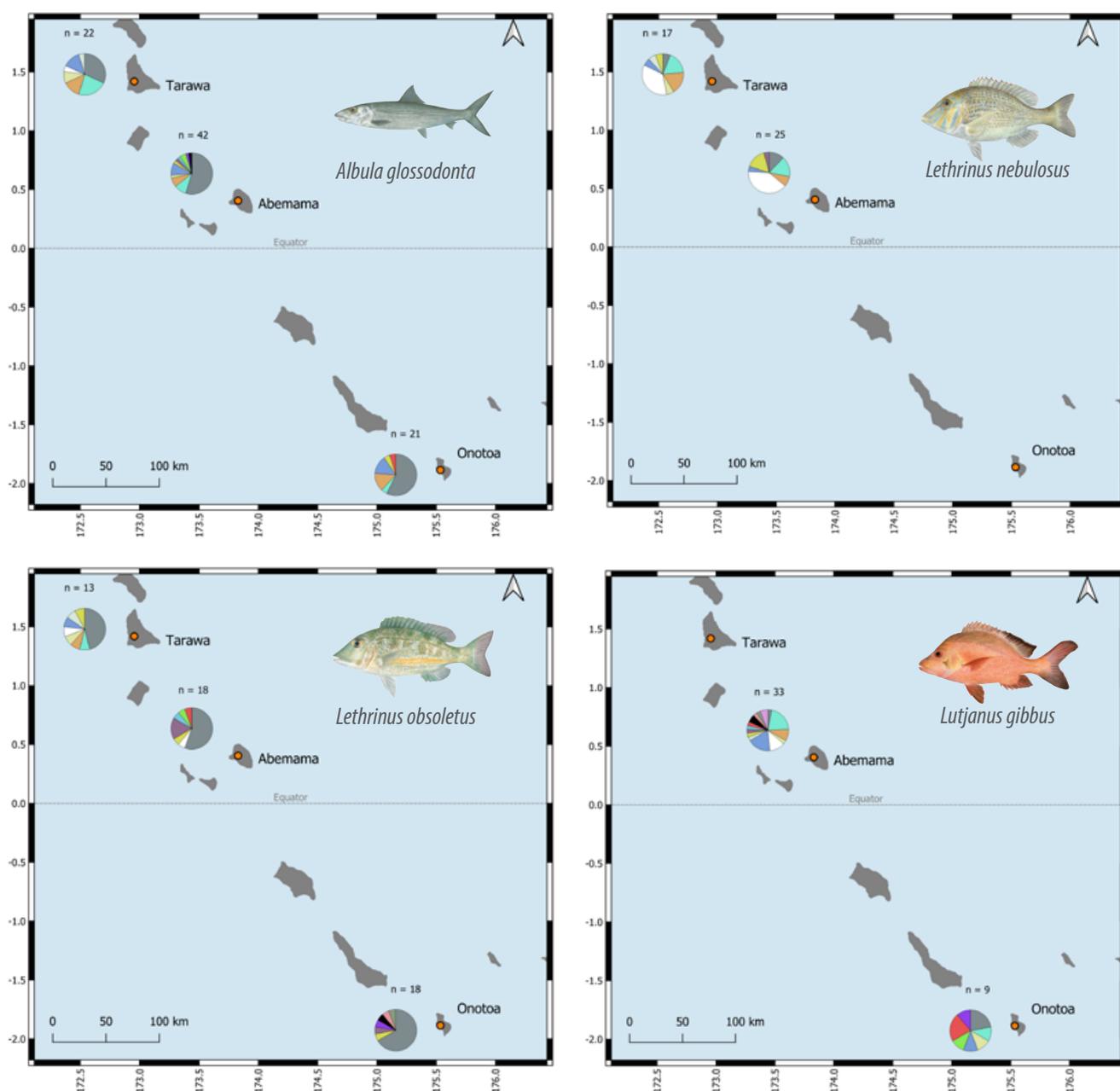


Figure 3. Carte des haplotypes de quatre espèces de poisson de récif dans les îles Gilbert. Chaque haplotype est représenté par une couleur différente et n désigne le nombre de spécimens échantillonnés.

Tableau 2. Diversité génétique des quatre principales espèces de poisson à l'échelle des atolls, estimée à partir de l'ADNmt.

Espèce	Atolls	n	Diversité haplotypique (h)	Nombre d'haplotypes	Nombre d'haplotypes uniques	Sites polymorphes (s)	Diversité nucléotidique ( $\pi$ )	Test de Tajima (indice D) (valeur p)	Test de Fu (indice Fs) (valeur p)	F <sub>ST</sub> (valeur p)		
										Tarawa	Abemama	Onotoa
<i>Albula glosodon</i>	Tarawa	22	0,835 ± 0,047	8	2	7	0,002 ± 0,001	- 0,653 (0,289)	- 1,856 (0,105)	x	0,025 (0,107)	0,028 (0,153)
	Abemama	42	0,688 ± 0,075	11	4	11	0,002 ± 0,001	- 1,534 (0,043 *)	- 5,884 (0,001 *)	x	x	0 (0,941)
	Onotoa	21	0,657 ± 0,103	6	1	6	0,002 ± 0,001	- 0,988 (0,190)	- 1,777 (0,088)	0,028 (0,153)	0 (0,941)	x
	<b>Total</b>	85	0,722 ± 0,045	14	7	14	0,002 ± 0,001	- 1,511 (0,039 *)	- 7,490 (0,003 *)			
<i>Lethrinus nebulosus</i>	Tarawa	17	0,846 ± 0,066	8	2	47	0,041 ± 0,021	0,444 (0,719)	5,640 (0,980)			
	Abemama	25	0,797 ± 0,060	7	1	45	0,039 ± 0,020	0,263 (0,656)	11,386 (0,999)		0 (0,855)	
	<b>Total</b>	42	0,805 ± 0,044	9	3	48	0,039 ± 0,020	0,375 (0,701)	13,819 (0,998)			
	Tarawa	13	0,808 ± 0,113	8	5	33	0,020 ± 0,011	- 1,054 (0,145)	0,947 (0,674)	x	0 (0,598)	0,004 (0,385)
<i>Lethrinus obsoletus</i>	Abemama	18	0,686 ± 0,112	7	3	55	0,025 ± 0,013	0,212 (0,631)	5,071 (0,969)		x	0 (0,713)
	Onotoa	18	0,569 ± 0,138	7	4	33	0,015 ± 0,008	- 1,552 (0,047 *)	2,496 (0,862)	0,004 (0,385)	0 (0,713)	x
	<b>Total</b>	49	0,670 ± 0,076	16	12	68	0,019 ± 0,010	- 0,832 (0,217)	1,000 (0,149)			
	Abemama	33	0,911 ± 0,028	15	6	37	0,010 ± 0,005	- 0,940 (0,183)	- 0,058 (0,537)		0,014 (0,266)	
<i>Lutjanus gibbus</i>	Onotoa	9	0,944 ± 0,070	7	2	18	0,007 ± 0,004	- 0,313 (0,395)	- 0,653 (0,304)			
	<b>Total</b>	42	0,922 ± 0,022	17	8	39	0,009 ± 0,005	- 1,004 (0,162)	- 0,460 (0,472)			

## Résultats

### Identification génétique d'*Albula glossodonta*

Les 85 séquences obtenues à partir des échantillons d'*Albula* ont été comparées aux séquences stockées dans la base de données du NCBI. Parmi les 100 séquences cibles ayant obtenu les meilleurs scores d'alignement, les 27 premières correspondaient à des séquences partielles du gène du *cytb* de *A. glossodonta*, le pourcentage d'identité oscillant entre 99,4 % et 100 %. Ce pourcentage d'identité était inférieur à 95 % pour *A. esuncula* et à 90 % pour les autres espèces du même genre (*A. gilberti*, *A. koreana*). Ainsi, les 85 échantillons d'*Albula* ont été attribués à *A. glossodonta*.

### Analyse descriptive des séquences

Les séquences consensus d'une longueur de 608 paires de bases (bp) obtenues à partir du gène *cytb* chez *A. glossodonta* ont permis de mettre en évidence 14 sites polymorphes, qui définissaient 14 haplotypes différents, le nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences étant de  $1,282 \pm 0,813$  (Table 2). Les séquences consensus de 469 bp et 475 bp générées pour la région de contrôle chez *Lethrinus nebulosus* et *L. obsoletus* ont permis de mettre en évidence 48 et 68 sites polymorphes, qui définissaient 9 et 16 haplotypes différents, le nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences étant de  $18,167 \pm 8,223$  et de  $9,190 \pm 4,299$ , respectivement (Table 2). La séquence consensus de 962 bp obtenue à partir du gène *cytb* chez *Lutjanus gibbus* a permis de mettre en évidence 39 sites polymorphes, qui définissaient 17 haplotypes différents, le nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences étant de  $8,667 \pm 4,083$  (Table 2).

### Démographie historique

Les tests de neutralité ont donné des résultats statistiquement significatifs pour *A. glossodonta* au niveau archipélagique (test de Tajima,  $D = -1,511^*$ ,  $p < 0,05$ , et test de Fu,  $F_s = -7,490^*$ ,  $p <$

0,05). Toutefois, ce résultat est influencé par les échantillons de *A. glossodonta* collectés à Abemama, seul atoll où les tests de neutralité étaient statistiquement significatifs ( $D = -1,534^*$ ,  $p < 0,05$ ;  $F_s = -5,884^*$ ,  $p < 0,05$ ).

Le réseau de type « median-joining » se présente en forme d'étoile (Fig. 2), organisé autour d'un haplotype principal au centre ( $h1 : n = 42$ ), à partir duquel rayonnent des haplotypes dérivés séparés du principal par une ou deux mutations.

Le test de Tajima effectué pour les spécimens de *Lethrinus obsoletus* d'Onotoa était aussi significatif ( $D = -1,552$ ;  $p < 0,05$ ), mais ce n'était pas le cas du test de Fu. Les deux tests de neutralité n'étaient pas statistiquement significatifs pour les spécimens de *L. obsoletus* groupés pour les trois atolls. Cela vaut aussi pour les spécimens de *Lethrinus nebulosus* et *Lutjanus gibbus* groupés pour les trois atolls. Dans la mesure où les réseaux haplotypiques construits pour *L. nebulosus*, *L. obsoletus* et *Lutjanus gibbus* n'ont révélé aucune tendance génétique, les résultats ne sont pas présentés ici. Ils peuvent toutefois être communiqués sur demande adressée aux auteurs.

### Diversité génétique et connectivité entre les atolls

Quelle que soit l'espèce considérée, le principal haplotype observé pour la plupart des spécimens se retrouvait dans les trois atolls : 83,5 % de spécimens de *A. glossodonta*, 93 % de *Lethrinus nebulosus*, 63 % de *L. obsoletus* et plus de 55 % de *Lutjanus gibbus*. Parmi les 14 haplotypes et les 16 haplotypes recensés respectivement pour *A. glossodonta* et *L. obsoletus*, quatre haplotypes et deux haplotypes étaient partagés par des individus des trois atolls. De même, parmi les neuf haplotypes et les 17 haplotypes recensés respectivement pour *L. nebulosus* et *Lutjanus gibbus*, six et cinq étaient partagés par des individus présents respectivement à Tarawa-Abemama et à Abemama-Onotoa (Fig. 3).

La diversité haplotypique ( $h$ ) allait croissant de l'atoll situé le plus au sud (Onotoa) jusqu'à celui situé le plus au nord (Tarawa), sauf pour *Lutjanus gibbus*, tandis que la diversité nucléotidique tendait à se maintenir constante dans les différents



atolls. Ainsi, à Tarawa, la diversité haplotypique s'établissait à  $0,835 \pm 0,047$  pour *A. glossodonta*, à  $0,808 \pm 0,113$  pour *Lethrinus obsoletus* et à  $0,846 \pm 0,066$  pour *L. nebulosus*. On trouve ensuite Abemama, où les valeurs intermédiaires à élevées oscillaient entre  $0,686 \pm 0,112$  et  $0,797 \pm 0,060$ , tandis que les valeurs les plus faibles ont été relevées à Onotoa, où la diversité haplotypique se situait entre  $0,569 \pm 0,138$  et  $0,657 \pm 0,103$ .

Pour mesurer la différenciation des structures génétiques des atolls, on a procédé à des comparaisons par paires à partir des fréquences haplotypiques pour chaque espèce et pour toutes les zones échantillonnées (Table 2). L'indice de différenciation par paire ( $F_{ST}$ ) était relativement faible pour chaque espèce, variant de 0 à 0,028, et les indices calculés ne présentaient aucune différence significative entre les atolls.

## Discussion

Notre étude de la structure génétique et de la connectivité des populations d'*Albula glossodonta*, *Lethrinus nebulosus*, *Lethrinus obsoletus* et *Lutjanus gibbus* des trois atolls des îles Gilbert n'a pas révélé la présence de sous-populations génétiquement différenciées. En d'autres termes, ces espèces présentent une connectivité génétique régulière dans les atolls de Tarawa, Abemama et Onotoa. La diversité haplotypique, qui reflète la diversité génétique dans les atolls, allait croissant du sud au nord, les échantillons collectés à Tarawa affichant une plus grande diversité génétique que ceux prélevés à Abemama et Onotoa. Nos analyses ont aussi confirmé que les échantillons d'*Albula* prélevés dans le cadre de l'étude appartenaient tous à une espèce unique, *Albula glossodonta*, et que la population de *A. glossodonta* avait connu une baisse d'effectif historiquement importante.

### Structure génétique et connectivité entre les atolls

Selon les tests de permutation réalisés sur les valeurs de  $F_{ST}$  par paire pour toutes les espèces, la structure génétique des populations ne présentait aucune différence significative entre

les atolls, ce qui traduit l'existence d'un flux de gènes régulier entre les stocks de Tarawa, Abemama et Onotoa.

Les quatre espèces étudiées se reproduisent en milieu pélagique et leur vie larvaire pélagique peut durer entre 25 et 58 jours en moyenne (Friedlander *et al.* 2007 ; Soeparno *et al.* 2012). Les distances étant relativement courtes entre les atolls (100 à 400 km), les larves d'un atoll dérivent pendant assez longtemps pour atteindre les atolls voisins, assurant un flux de gènes suffisant pour entretenir la similarité génétique observée entre les atolls. Des observations similaires ont été rapportées pour les îles de la Ligne (Kiribati), où les larves d'une population de *A. glossodonta* de l'atoll Palmyra avaient été recrutées de Kiritimati, situé à 700 km (Friedlander *et al.* 2007).

Sur le plan de la gestion des pêches, ce résultat semble indiquer que les stocks de poisson d'un atoll pourraient se régénérer en recrutant des larves en provenance d'autres atolls. Toutefois, dans la mesure où seule une poignée d'individus est nécessaire au maintien de la similarité génétique, une analyse génétique telle que celle menée dans le cadre de la présente étude ne suffit pas à déterminer si la connectivité larvaire est suffisamment fréquente et importante pour influencer sur la démographie. En conjuguant les études génétiques et d'autres approches, telles que la modélisation biophysique, on pourra obtenir un test de connectivité bien plus performant et utile à la gestion des pêches (Leis *et al.* 2011). Par exemple, cela pourrait nous renseigner sur la proportion des larves susceptibles de survivre assez longtemps pour se fixer dans d'autres atolls.

Par conséquent, d'après l'état des connaissances actuelles, les espèces étudiées ici devraient faire l'objet d'une gestion au niveau de l'atoll.

### Gradient de diversité génétique entre les atolls

Pour toutes les espèces hormis *Lutjanus gibbus*, l'analyse de la diversité haplotypique a révélé l'existence d'un gradient de diversité génétique descendant de Tarawa à Onotoa. Pour



expliquer ce gradient, on peut retenir l'hypothèse que la proximité d'un atoll avec un grand nombre de récifs adjacents favoriserait la diversification du recrutement larvaire. Dans un rayon de 155 km, Tarawa, Abemama et Onotoa sont entourés respectivement de six, cinq et quatre atolls voisins situés à une distance moyenne de 75 à 80 km. Selon le modèle biophysique de Treml et al. (2012), la probabilité de connexion décroît avec l'augmentation de la distance, sachant que, d'après les projections, 95 % des larves se fixeront dans un rayon de 155 km de la population d'origine.

Il est aussi admis que la taille et la fragmentation de l'habitat influent sur la diversité génétique (par exemple, Rauch and Bar-Yam 2005 ; Manel et al. 2020). La superficie totale du lagon est deux à quatre fois supérieure à Tarawa qu'à Abemama et Onotoa, traduisant une corrélation positive avec le gradient de diversité génétique.

Indépendamment des facteurs sous-tendant les profils observés, la diversité génétique sert d'indicateur d'appauvrissement des populations dans le secteur des pêches (Smith 1994). La diversité génétique observée des quatre espèces devrait être considérée comme un point de référence, qui peut faire l'objet d'un suivi périodique pour évaluer la stabilité des stocks à plus long terme (Bruford et al. 2017).

### Confirmation de l'espèce de banane de mer

Tous les spécimens de banane de mer collectés pour les besoins de la présente étude ont été attribués à *Albula glossodonta*. Ce résultat est conforme aux travaux précédemment menés sur la diversité génétique de la banane de mer dans la région, où seule *A. glossodonta* avait pu être identifiée dans les nombreuses localités étudiées à Kiribati (Friedlander et al. 2007 ; Wallace 2015).

### Hypothèse d'une réduction historique de la population

Compte tenu du caractère significatif des tests de non-neutralité et de la forme en étoile du réseau haplotypique diagnostique de type « median-joining », nous estimons que la population de *A. glossodonta* a connu une importante diminution, appelée « goulot d'étranglement », à un moment de son histoire évolutive (Bouzat 2010 ; Nei et al. 1975). Cette tendance a été observée à une échelle géographique supérieure dans l'océan Indopacifique (Friedlander et al. 2007 ; Williams et al. 2020).

Bien que les goulots d'étranglement aient été principalement attribués à des facteurs anthropiques et écologiques, tels que des variations environnementales, l'introduction d'espèces exogènes, la destruction d'habitats et la surexploitation, on n'en connaît pas encore les conséquences ni leurs implications en matière de gestion (Atarhouch et al. 2006 ; Bouzat 2010 ; Parra et al. 2018).

Selon le modèle de dépression de consanguinité, une réduction de la diversité génétique d'une population créée par un goulot d'étranglement peut avoir un effet délétère sur sa valeur adaptative et compromettre la viabilité de la population à long terme, tout en augmentant son risque d'extinction (Bouzat 2010 ; Charpentier et al. 2005 ; Da Silva et al. 2006).

Bien que le modèle de dépression de consanguinité semble indiquer que la perte de diversité génétique causée par un goulot d'étranglement pourrait aboutir directement à l'extinction de l'espèce considérée, cette relation pourrait être ici par trop simplifiée. Certains chercheurs avancent que d'autres facteurs, tels que l'adaptation phénotypique, pourraient jouer un rôle crucial dans la survie d'une population (Bouzat 2010). Par conséquent, il est peut-être nécessaire d'adopter une approche plus complexe pour comprendre pleinement la dynamique entre la diversité génétique et le risque d'extinction.

## Limites de l'étude

### Échantillonnage

L'échantillonnage s'est fait de manière opportuniste auprès des pêcheurs, ce qui explique l'absence ou le nombre limité d'échantillons pour certaines combinaisons d'atolls et d'espèces (par exemple, il n'y a pas de spécimens de *Lutjanus gibbus* pour Tarawa, et la taille de l'échantillon est assez petite pour Onotoa). La non-représentation de certaines espèces dans l'échantillon ou la présence d'échantillons de petite taille limite les possibilités d'inférence à partir des analyses du matériel génétique. L'échantillonnage se poursuivra dans un avenir proche pour combler ces lacunes et inclure de nouvelles espèces dans le champ de l'étude.

### Méthode génétique

On sait que le gène du cytb est mieux conservé que la région de contrôle de l'ADNmt (Ardura et al. 2013) et pourrait se montrer inefficace dans la différenciation des sous-populations à de petites échelles géographiques. C'est malgré tout un gène universel, cité dans de nombreuses sources et dont l'utilisation présente un faible niveau de technicité. La méthode ne nécessite aucun séquençage préalable ou étude de validation, ce qui en fait un choix pratique pour de nombreuses études génétiques (Cantatore et al. 1994). Des études complémentaires faisant appel à des microsatellites ou au développement d'amorces correspondant à la région de contrôle de l'ADNmt pour *Albula glossodonta* et *Lutjanus gibbus* seraient par conséquent nécessaires pour confirmer la présence ou l'absence de populations génétiquement différenciées.

## Conclusions

Tant que l'exploitation intensive des espèces côtières se poursuivra et que la croissance démographique se maintiendra dans le Pacifique, il y aura urgence à mettre en place une gestion efficace. Pour ce faire, il faut fonder la prise de décision sur des données scientifiques rigoureuses. La présente étude apporte la preuve fondamentale que les populations de poissons des atolls composant les îles Gilbert sont liées et confirme qu'il existe une seule espèce de banane de mer dans la région. Ces résultats doivent se concevoir comme un point de départ. Sur cette base, des travaux ciblés complémentaires peuvent être menés pour obtenir les données nécessaires à la mise en œuvre d'approches durables de la pêche côtière à Kiribati.

## Bibliographie

- Alsied A.O. 2006. Delimitation of maritime boundaries with special reference to the EEZ and the IMO conventions regime: A Libyan case study. The United Nations – Nippon Foundation Capacity Building Programmes, United Nations Division for Ocean Affairs and the Law of the Sea. New York, New York: United Nations.
- Ardura A., Planes S. and Garcia-Vazquez E. 2013. Applications of DNA barcoding to fish landings: Authentication and diversity assessment. *ZooKeys* 365:49–65. <https://doi.org/10.3897/zookeys.365.6409>
- Askari G., Shabani A. and Miandare H. 2013. Application of molecular markers in fisheries and aquaculture. *Animal Science* 2:82–88.
- Atarhouch T., Rüber L., Gonzalez E.G., Albert E.M., Rami M., Dakkak A. and Zardoya R. 2006. Signature of an early genetic bottleneck in a population of Moroccan sardines (*Sardina pilchardus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 39(2):373–383. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.08.003>
- Bell J.D., Kronen M., Vunisea A., Nash W.J., Keeble G., Demmke A., Pontifex S. and Andréfouët S. 2009. Planning the use of fish for food security in the Pacific. *Marine Policy* 33(1):64–76. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2008.04.002>
- Bouzat J. 2010. Conservation genetics of population bottlenecks: The role of chance, selection, and history. *Conservation Genetics* 11:463–478. <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0049-0>
- Bruford M.W., Davies N., Dulloo M.E., Faith D.P. and Walters M. 2017. Monitoring changes in genetic diversity. p. 107–128. In: *The GEO handbook on biodiversity observation networks*. Springer, Cham.
- Cantatore P., Roberti M., Pesole G., Ludovico A., Milella F., Gadaletta M.N. and Saccone C. 1994. Evolutionary analysis of cytochrome b sequences in some perciformes: Evidence for a slower rate of evolution than in mammals. *Journal of Molecular Evolution* 39(6):589–597. <https://doi.org/10.1007/BF00160404>
- Charlton K.E., Russell J., Gorman E., Hanich Q., Delisle A., Campbell B. and Bell J. 2016. Fish, food security and health in Pacific Island countries and territories: A systematic literature review. *BMC Public Health* 16(1):285. <https://doi.org/10.1186/s12889-016-2953-9>
- Charpentier M., Setchell J.M., Prugnolle F., Knapp L.A., Wickings E.J., Peignot P. and Hossaert-McKey M. 2005. Genetic diversity and reproductive success in mandrills (*Mandrillus sphinx*). *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102(46):16723–16728. <https://doi.org/10.1073/pnas.0507205102>
- Colborn J., Crabtree R.E., Shaklee J.B., Pfeiler E. and Bowen B.W. 2001. The evolutionary enigma of bonefishes (*Albula* spp.): Cryptic species and ancient separations in a globally distributed shorefish. *Evolution* 55(4):807–820. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2001.tb00816.x>
- Da Silva A., Luikart G., Yoccoz N.G., Cohas A. and Allainé D. 2006. Genetic diversity–fitness correlation revealed by microsatellite analyses in European alpine marmots (*Marmota marmota*). *Conservation Genetics* 7(3):371–382. <https://doi.org/10.1007/s10592-005-9048-y>
- Dalzell P. and Adams T.J.H. 1996. Sustainability and management of reef fisheries in the Pacific Islands. Noumea, New Caledonia: South Pacific Commission.
- Ekerette E.E., Ikpeme E.V., Udensi O.U., Ozoje M.O., Etukudo O.M., Umoyen A.J., Durusaro S.O. and Wheto M. 2017. Phylogenetics and molecular divergence of tilapia fish (*Oreochromis* sp.) using mitochondrial d-loop and cytochrome b regions. *American Journal of Molecular Biology* 8(1):39–57. <https://doi.org/10.4236/ajmb.2018.81004>
- Excoffier L., Laval G. and Schneider S. 2007. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47–50.
- Friedlander A., Caselle J., Beets J., Lowe C., Bowen B., Ogawa T.K., Kelley K.M., Clitri T., Lange M. and Anderson B.S. 2007. Biology and ecology of the recreational bonefish fishery at Palmyra Atoll National Wildlife Refuge with comparisons to other Pacific Islands. p. 27–56. In: *Biology and Management of the World Tarpon and Bonefish*. Ault J.S. (ed).
- Gillett R. 2016. Fisheries in the economies of Pacific Island countries and territories. Noumea, New Caledonia: Pacific Community. 688 p.
- Gislard S. 2020. Comparison of artisanal fishing activities across a human population gradient in Kiribati, and the potential impacts on six targeted reef fish species. Noumea, New Caledonia: Pacific Community.
- Grunwald C., Stabile J., Waldman J.R., Gross R. and Wirgin I. 2002. Population genetics of shortnose sturgeon *Acipenser brevirostrum* based on mitochondrial DNA control region sequences. *Molecular Ecology* 11(10):1885–1898. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01575.x>
- Imtiaz A., Nor S.A.M. and Naim D.M. 2017. Review: Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity* 18(4):1394–1405. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d180415>
- Kiareti A., Beiateuea T., Liu R., Teema T. and Moore B.R. 2015. Monitoring the vulnerability and adaptation of coastal fisheries to climate change: Abemama Atoll, Kiribati. Assessment Report No. 2, October–November 2013.
- Kritzer J.P. and Sale P.F. 2004. Metapopulation ecology in the sea: From Levins' model to marine ecology and fisheries science. *Fish and Fisheries* 5(2):131–140. <https://doi.org/10.1111/j.1467-2979.2004.00131.x>
- Kronen M., Vunisea A., Magron F. and McArdle B. 2010. Socio-economic drivers and indicators for artisanal coastal fisheries in Pacific island countries and territories and their use for fisheries management strategies. *Marine Policy* 34(6):1135–1145. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2010.03.013>

- Kumar S., Stecher G., Li M. and Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35:1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lalitha R. and Chandavar V.R. 2018. Intraspecific variations in Cyt b and D-loop sequences of testudine species, *Lissemys punctata* from south Karnataka. *Journal of Advanced Research* 9:87–95. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2017.10.007>
- Leis J.M., van Herwerden L. and Patterson H.M. 2011. Estimating connectivity in marine fish populations: What works best? *Oceanography and Marine Biology* 49:193–234.
- Manel S., Guerin P.-E., Mouillot D., Blanchet S., Velez L., Albouy C. and Pellissier L. 2020. Global determinants of freshwater and marine fish genetic diversity. *Nature Communications* 11(1):692. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-14409-7>
- Ministry of Finance and Economic Development Government of Kiribati. 2021. Kiribati 2019–2020 Household Income and Expenditure Survey Report, Kiribati National Statistics Office. Noumea, New Caledonia: Pacific Community. <https://nso.gov.ki/economy/kiribati-2019-2020-household-income-and-expenditure-survey-report/>
- Ministry of Internal and Social Affairs. 2008. North Tarawa, Republic of Kiribati Island Report Series. Retrieved 11 August 2021 from [http://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/5\\_NORTH-TARAWA-revised-2012.pdf](http://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/5_NORTH-TARAWA-revised-2012.pdf)
- Ministry of Internal and Social Affairs. 2012a. Abemama, Republic of Kiribati Island Report Series. Retrieved 20 December 2021 from [https://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/8\\_ABEMAMA-revised-2012.pdf](https://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/8_ABEMAMA-revised-2012.pdf)
- Ministry of Internal and Social Affairs. 2012b. ONOTOA, Republic of Kiribati Island Report Series. Retrieved 20 December 2021 from [http://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/16\\_ONOTOA-revised-2012.pdf](http://www.climate.gov.ki/wp-content/uploads/2013/01/16_ONOTOA-revised-2012.pdf)
- National Statistics Office. 2016. 2015 Population and housing census. National Statistics Office Ministry of Finance Bairiki, Tarawa. 197 p.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, New York: Columbia University Press. <https://doi.org/10.7312/nei-92038>
- Nei M., Maruyama T. and Chakraborty R. 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution* 29(1):1–10. <https://doi.org/10.2307/2407137>
- Parra G.J., Cagnazzi D., Jedensjö M., Ackermann C., Frere C., Seddon J., Nolic N. and Krützen M. 2018. Low genetic diversity, limited gene flow and widespread genetic bottleneck effects in a threatened dolphin species, the Australian humpback dolphin. *Biological Conservation* 220:192–200. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.12.028>
- Rauch E.M. and Bar-Yam Y. 2005. Estimating the total genetic diversity of a spatial field population from a sample and implications of its dependence on habitat area. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102(28):9826–9829. <https://doi.org/10.1073/pnas.0408471102>
- Smith P.J. 1994. Genetic diversity of marine fisheries resources: Possible impacts of fishing. FAO Fisheries Technical Paper 344. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Soeparno, Nakamura Y., Shibuno T. and Yamaoka K. 2012. Relationship between pelagic larval duration and abundance of tropical fishes on temperate coasts of Japan. *Journal of Fish Biology* 80(2): 346–357. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2011.03175.x>
- Tremblay E.A., Roberts J.J., Chao Y., Halpin P.N., Possingham H.P. and Riginos C. 2012. Reproductive Output and Duration of the Pelagic Larval Stage Determine Seascape-Wide Connectivity of Marine Populations. *Integrative and Comparative Biology*, 52(4), 525–537. <https://doi.org/10.1093/icb/ics101>
- Wallace E. 2015. High intraspecific genetic connectivity in the Indo-Pacific bonefishes: Implications for conservation and management. *Environmental Biology of Fishes* 98:2173–2186. <https://doi.org/10.1007/s10641-015-0416-2>
- Williams C.T., McIvor A.J., Wallace E.M., Lin Y.-J. and Berumen M.L. 2020. Genetic diversity and life-history traits of bonefish *Albula* spp. from the Red Sea. *Journal of Fish Biology* 98(3):855–864. <https://doi.org/10.1111/jfb.14638>

© Communauté du Pacifique (CPS), 2023

Tous droits réservés de reproduction ou de traduction à des fins commerciales/lucratives, sous quelque forme que ce soit. La Communauté du Pacifique autorise la reproduction ou la traduction partielle de ce document à des fins scientifiques ou éducatives ou pour les besoins de la recherche, à condition qu'il soit fait mention de la CPS et de la source. L'autorisation de la reproduction et/ou de la traduction intégrale ou partielle de ce document, sous quelque forme que ce soit, à des fins commerciales/lucratives ou à titre gratuit, doit être sollicitée au préalable par écrit. Il est interdit de modifier ou de publier séparément des graphismes originaux de la CPS sans autorisation préalable.

Les opinions exprimées dans ce bulletin sont celles des auteurs et ne reflètent pas nécessairement celles de la CPS.

Texte original : anglais.