

Les *Ophelia* (Annélides Polychètes) de Méditerranée Occidentale: Première approche phénétique et phylogénétique

Denise BELLAN-SANTINI, Jean-Claude DAUVIN et Gérard BELLAN

Station Marine d'Endoume, 13007 Marseille et Station Biologique, 29680 Roscoff (France)

Depuis de nombreuses années, le genre *Ophelia* a attiré l'attention des systématiciens et des écologistes marins (Bellan, 1964). Quatre espèces sont signalées en Méditerranée occidentale: *Ophelia amoureuksi* Bellan et Costa, 1988, *Ophelia bicornis* Savigny, 1820, *Ophelia neglecta* Schneider, 1887 et *Ophelia roscoffensis* Augener, 1910; *O. bicornis* peut être considérée comme un complexe polymorphique. Ses différents phénotypes se distinguent par le nombre de branchies et leur niveau d'apparition. *O. neglecta* pourrait présenter une variabilité similaire, même si elle est nettement moins développée.

Dans le cadre d'une révision complète de la famille (Bellan et al., 1990; Bellan et al. en préparation): caractères taxonomiques, validité des coupures des différents taxons, affinités et hiérarchisation de celles-ci, distribution écologique et géographique des différentes espèces, nous abordons ici l'approche phénétique et phylogénétique des espèces ouest-méditerranéennes. Des matrices de caractères ont été dressées concernant l'ensemble des caractères morphologiques pour chacune des quatre espèces et leurs variétés morphologiques, soit un total de 13 taxons. Une étude de similarité phénétique a été réalisée en utilisant le coefficient de Sokal et Michener (1958). Les caractères ont été polarisés en apomorphes et plésiomorphes sans tenir compte des différents degrés intermédiaires jugés dans ce cas trop subjectifs. Les analyses phylogénétiques (cladogrammes) ont été effectuées à l'aide des programmes PHYLIP et McClade (Bellan et al., 1990).

RESULTATS ET DISCUSSIONS

Le phénogramme (Fig.1) permet la séparation des taxons en quatre ensembles dont deux ne comprennent qu'une seule espèce. Le premier monospécifique (1): *O. amoureuksi*, abranche, le second également monospécifique (2): *O. roscoffensis* avec un nombre important de branchies (23 paires), un ensemble (3) avec les deux formes de *O. neglecta* (17 et 18 paires de branchies) et (4) les 9 formes de *O. bicornis* (11 à 15 paires de branchies). La similitude entre les taxons appartenant aux groupes 3 et 4 est très élevée (80%). Les formes A, B et C d'*O. bicornis* sont mieux discriminées selon le caractère "niveau d'apparition de la première paire de branchies" que selon le caractère "nombre de paires de branchies".

L'analyse phylogénétique (Fig.2) génère un seul arbre de compatibilité (clicque) avec 29 caractères et un seul arbre parcimonieux (Wagner) de 40 pas qui présente un indice de cohérence de 0,72 (sur MacClade) (Fig.2). Au total, on recense 19 autapomorphies ou synapomorphies. On peut, encore, distinguer les trois ensembles: 1, 2 et 3+4. Le groupe 3+4 se montre relativement bien homogène. Toutefois la séparation des formes de *O. bicornis* (+ *O. amoureuksi*) se fait au niveau de deux caractères discriminants (14 et 25). Deux caractères convergents sont intéressants à étudier. Le caractère 21 sépare les formes B et C d'*O. bicornis* (+ la forme abranche d'*O. amoureuksi*) présentant une réduction antérieure des branchies. Le caractère 28 sépare *O. amoureuksi* abranche et la forme A12, dernier avatar de la lignée *O. bicornis* forme A. Ce caractère convergent peut signifier que l'origine phylogénétique de l'absence de branchies chez *O. amoureuksi* est différente de la réduction des branchies dans les formes A, B et C d'*O. bicornis*. Il y aurait deux processus de spéciation différents aboutissant à une certaine similitude morphologique. Ceci n'est d'ailleurs pas en contradiction avec l'étude phylogénétique des genres d'Opheliidae (Bellan et al., 1990).

Pour conclure, on peut se poser le problème du niveau taxonomique réel des espèces du genre *Ophelia* qui semble, tout au moins en Méditerranée, constituer un unique groupe monophylétique: 1- au niveau spécifique ou sub-spécifique de la distinction entre *O. neglecta* et *O. bicornis*. 2- au niveau générique ou sub-générique pour *O. amoureuksi*.

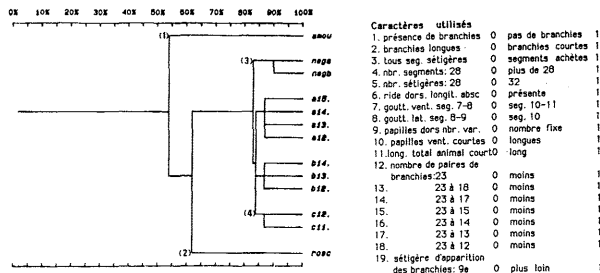


Fig. 1: Phénogramme (a, b, c, = formes a, b et c de *O. bicornis*)

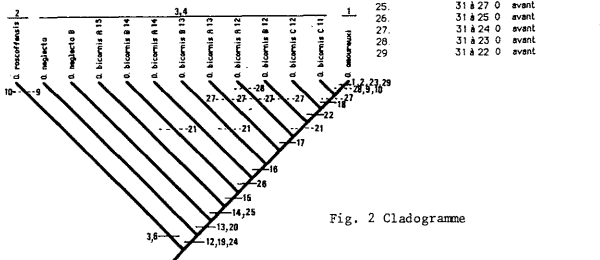


Fig. 2 Cladogramme

Bibliographie sommaire  
 BELLAN G., 1964 Contribution à l'étude systématique, bionomique et écologique des Annélides Polychètes de la Méditerranée. Rec. Trav. St. mar. Endoume (33-49) 372p.  
 BELLAN G., D. BELLAN-SANTINI et J.C. DAUVIN, 1990 Phénétique et phylogénie des Opheliidae (Annélides Polychètes). C. R. Acad. Sc. Paris, 310, sér. 3: 75-181  
 SOKAL R.R., MICHENER C.D., 1958 A statistical method for evaluating systematic relationships. Univ. Kansas Sci. Bull. Lawrence, 38, : 1409-1438

Genetic comparison of two species of the genus *Gammarus* (*G. insensibilis* and *G. aequicauda*) from different geographic areas

T. PATARNELLO\*, P.-M. BISOL\* and B. BATTAGLIA\*\*

\*Dipartimento di Biologia, Università di Padova, Via Trieste 75 - 35121 Padova (Italia)  
 \*\*Istituto di Biologia del Mare, C.N.R., Venezia (Italia)

Electrophoretic analyses of several species of Amphipods have been carried out in recent years with the purpose of studying their genetic structure and to elucidate possible mechanisms of genetic adaptation to the environment.

Two species of the genus *Gammarus*, namely *G. insensibilis* Stock and *G. aequicauda* Martynov, proved very suitable for this kind of research (Bisol et al., 1987). These species seem to occupy different niches in the environments from which they were collected: *G. insensibilis* lives in more "marine" habitats, whereas *G. aequicauda* is more common in brackish water areas where it is subjected to more exacting conditions. Laboratory experiments have shown a higher resistance of the latter to wider ranges of temperature and salinities (Brun, 1971). However, occasionally, the two species can occur together.

The present study concerns the comparison of the genetic structure between and within populations of the two mentioned species sampled in the lagoon of Venice and in two lagoons of Southern France.

In the lagoon of Venice, *G. insensibilis* was collected near S. Felice Island, and *G. aequicauda* at Piovini. In Southern France, *G. insensibilis* was collected at Salses-Leucate and *G. aequicauda* at Canet Saint-Nazaire.

The electrophoretic analyses were carried out on 17 loci according to Selander et al. (1971). The loci considered for the calculation of the genetic distance were: AP, APK, EST-1, EST-2, FH, GAPDH, GOT-1, HK, LAP-1, MDH-1, MPI, PGI, PGM and XDH.

The results obtained indicate that the Italian and the French populations of *G. insensibilis* exhibit heterozygosity levels (0.029 and 0.038, respectively) which are not very dissimilar from one another. In both cases the observed values do not differ significantly from the expected ones. All the loci analysed in the two populations are in Hardy-Weinberg equilibrium.

As to the comparison between the two *G. aequicauda* populations, the mean observed heterozygosities appear quite different (Venice, Hobs=0.078; Canet Saint-Nazaire, Hobs=0.038). Previous studies, conducted on a population of *G. aequicauda* from Sigean (not far from Canet Saint-Nazaire) indicate a similar heterozygosity value (Hobs=0.037) (Bisol et al., 1987). This confirms the lower polymorphism of the population from Canet compared with the one from Venice.

Considering the single loci analysed in the two *G. aequicauda* samples, PGI and MPI appear as the main responsible ones for the observed differences. In fact, MPI shows an observed heterozygosity of 0.535 in the Venetian population, whereas the French population is monomorphic. Similarly, the observed heterozygosity at PGI locus is 0.60 in the sample from Venice and 0.094 in that from Canet.

The evaluation of the genetic distance performed according to Nei (1972) shows, first of all, that the distance between *G. insensibilis* and *G. aequicauda* is the one expected between two good species ( $D = 0.1402$ ). A high genetic similarity was found between the two geographic populations of *G. insensibilis* ( $D = 0.0014$ ), whereas the genetic distance between the Venetian and the French populations of *G. aequicauda* is greater ( $D = 0.0314$ ). In any case the latter value is within the range of those characterizing local populations of the same species, though it points out a higher rate of differentiation between the *G. aequicauda* populations in comparison with the *G. insensibilis* ones. It is difficult to establish the causal factors of such differentiation. However, considering that *G. aequicauda* lives in areas which are ecologically more marginal and exacting, it seems legitimate to hypothesize natural selection at work, although the concurrence of non selective forces cannot be discarded.

References

Bisol P.M., Patarnello T. and Battaglia B. 1987. Variabilità genetica in Anfipodi del genere *Gammarus* di ambienti salmastrici. Accad. Naz. Lincei Rend. Fis., 80: 593-601.  
 Brun B. 1971. Variation intraspécifiques et spéciation chez deux espèces de gammarides d'eau saumâtre du groupe *Gammarus locuata*. Thèse, Marseille, C.N.R.S., A.O., 6247.  
 Nei M. 1972. Genetic distance between populations. Amer. Nat., 106: 283-292.  
 Selander R.K., Smith M.H., Yang S.J., Johnson W.E. and Gentry J.B. 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). "Studies in Genetics", IV, Univ. Texas Publ., 7103: 49-90.

Résumé

Dans ce travail on a comparé, par analyse électrophorétique, la structure génétique de quelques populations géographiques (Adriatique septentrionale et Méditerranée près de la côte Française) des deux espèces de *Gammarus*: *G. insensibilis* Stock et *G. aequicauda* Martynov. Les résultats montrent que les populations de *G. insensibilis* sont très semblables entre elles, tandis que les populations de *G. aequicauda* semblent différentes. On a aussi calculé la distance génétique, soit entre les deux espèces, soit entre les populations de chaque espèce. On discute brièvement des mécanismes qui peuvent être responsables des différences observées.