

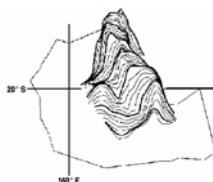
Rapport 2004

**Les premiers stades de vie des poissons de Nouvelle-Calédonie :
diversité des espèces et rôle des zones côtières pour leur croissance
et leur survie**

Philippe Borsa, Laure Carassou, Adeline Collet, Dominique Ponton

IRD Nouméa

Mars 2005



Partie A : Distribution spatio-temporelle des jeunes poissons à l'échelle locale ; richesse spécifique, abondances et identification des facteurs environnementaux les plus structurants.....	3
1. Introduction	7
2. Matériel et méthodes	11
2.1 Sites d'étude	11
2.2 Echantillonnage	11
2.3 Identification, mesure, sexage et tri des poissons au laboratoire	13
2.2.1 Identification.....	13
2.2.2 Mesures et sexage.....	13
2.2.3 Tri des jeunes.....	13
2.3 Données environnementales	13
2.4 Analyse des données.....	15
3. Résultats	19
3.1 Conditions d'échantillonnage	19
3.2 L'environnement.....	19
3.2.1 Données météorologiques pendant les campagnes.....	19
3.2.2 Données physico-chimiques dans les trois baies d'étude	21
3.3 Les assemblages de jeunes poissons.....	25
3.3.1 Richesse spécifique.....	31
3.3.2 Dominance dans les assemblages	31
3.3.3 Patrons temporels d'abondance	33
3.3.4 Analyse statistique des différences d'assemblages dans les trois baies.....	37
3.4 Relations environnement - jeunes poissons	39
3.4.1 Relation environnement – assemblages pour tous les jeunes poissons.....	39
3.4.2 Relation environnement – assemblages pour les jeunes poissons récifaux	43
4. Discussion	49
5. Conclusions	55
6. Références citées	56

Partie B : Identification des premiers stades de vie de poissons à l'aide de techniques morphologiques complétées par des outils moléculaires.....	61
1. Introduction	61
2. Matériel et méthodes	63
2.1 Identification et sélection des individus.....	63
2.1.1 Engraulididae.....	63
2.1.2 Lethrinidae.....	65
2.2 Séries de développement	67
2.3 Analyses génétiques.....	67
2.3.1 Engraulididae.....	67
2.3.2 Lethrinidae.....	69
Extraction de l'ADN	69
ADN mitochondrial.....	71
3. Résultats	72
3.1 Engraulididae.....	72
3.1.1 Série de développement pour <i>Encrasicholina devisi</i>	72
3.1.2 Série de développement pour <i>Encrasicholina heteroloba</i>	73
3.1.3 Caractérisation des individus au locus du cytochrome <i>b</i>	75
3.2 Lethrinidae.....	77
3.2.1 Caractéristiques méristiques des jeunes comparées à celles des adultes	77
3.2.2 Série de développement pour LET_1 ; LET_2	77
3.2.3 LET_3.....	79
3.2.4 LET_4.....	79
3.2.5 Analyses génétiques	81
4. Perspectives.....	87
5. Références citées	88

Partie C : Annexes.....	93
1. Annexe 1 : Distribution spatiale de la richesse taxonomique.....	93
1.1 Annexe 1a : Richesse taxonomique totale observée sur l'ensemble de l'échantillonnage (toutes campagnes confondues) en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.....	93
1.2 Annexe 1b : Richesses taxonomiques observées de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	94
2. Annexe 2 : Cartographie des abondances de jeunes poissons.....	97
2.1 Annexe 2a : Cartographie des abondances de jeunes Clupeidae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	97
2.2 Annexe 2b : Cartographie des abondances de jeunes Engraulididae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	100
2.3 Annexe 2c : Cartographie des abondances de Pomacentridae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	103
2.4 Annexe 2d : Cartographie des abondances de jeunes Lethrinidae capturées de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	104
2.5 Annexe 2e : Cartographie des abondances de Blenniidae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	105
2.6 Annexe 2f : Cartographie des abondances d'Apogonidae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.	106
3. Annexe 3 : Protocoles d'extraction de l'ADN de poisson utilisés au laboratoire	107
4. Annexe 4 : Séquences nucléotidiques.....	109
4.1 Annexe 4a : Séquences nucléotidiques de 12 espèces de Lethrinidae au locus Leth CytB UN, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.....	109
4.2 Annexe 4b : Séquences nucléotidiques de 12 espèces de Lethrinidae au locus Leth CytB DEUX, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.....	110
4.3 Annexe 4c : Séquences nucléotidiques de 2 espèces de Lethrinidae au locus Leth 16S, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.....	111
5. Annexe 5. Bossus et becs de cane de Nouvelle-Calédonie.....	113

Partie A

Distribution spatio-temporelle des jeunes poissons à l'échelle locale ; richesse spécifique, abondances et identification des facteurs environnementaux les plus structurants

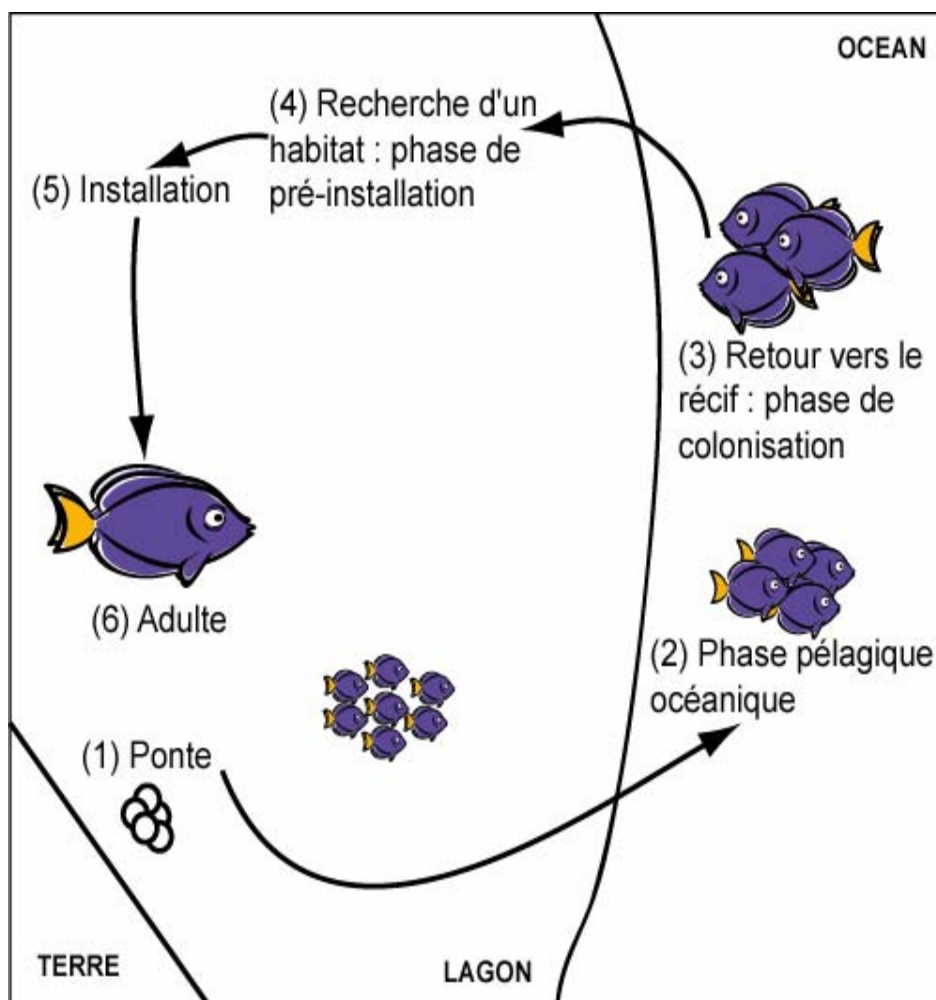


Figure 1 : Schéma type de l'histoire de vie des poissons récifaux composé de deux phases distinctes : une phase pélagique océanique au stade larvaire et une phase benthique lagonaire au stade adulte. (Lecchini et Galzin 2003, Lecchini, 2004 pour les travaux les plus récents).

1. Introduction

Les écosystèmes coralliens sont d'un grand intérêt pour les scientifiques du fait du grand nombre d'espèces qui y cohabitent et de leurs stratégies de vie originales. La gestion raisonnée des ressources produites par les écosystèmes coralliens, soumis à une pression anthropique en continuelle augmentation, est devenue une nécessité vis-à-vis des préoccupations locales (exploitation durable des ressources) et internationales (préservation du patrimoine biologique). La mise en place de plans de gestion doit s'appuyer sur une connaissance préalable des processus biotiques et abiotiques qui s'y déroulent. Dans ce contexte, les études concernant les poissons récifo-lagonaires se sont intéressées en premier lieu à l'écologie des stades adultes des espèces exploitées. Assez rapidement, l'étude de leurs premiers stades de vie est apparue nécessaire puisque c'est durant cette phase de la vie des poissons qu'a lieu la sélection des individus qui constitueront le stock d'adultes.

Des travaux sur les premiers stades de la vie des poissons récifo-lagonaires ont permis d'aborder des domaines variés, en diverses régions du monde, les plus traités étant les relations entre premiers stades de vie des poissons et certains processus physiques tels que les courants océaniques, les marées et les cycles lunaires (Milicich 1994 ; Milicich & Doherty 1994 ; Thorrold et al. 1994a, b ; Sponaugle & Cowen 1996 ; Lecchini & Galzin 2003 ; Sponaugle et al. 2003). Il existe aussi de nombreux travaux de physiologie traitant surtout des capacités natatoires et sensorielles des jeunes poissons (Tolimieri et al. 2000 ; Fisher et Bellwood 2002 ; Leis & McCormick 2002 ; Leis & Carson-Ewart 1997, 2002, 2003 ; Leis et al. 2003).

Ces différentes études ont permis de proposer un schéma-type de l'histoire de vie des poissons récifaux (Figure 1). Ce schéma s'appuie surtout sur les travaux réalisés à Moorea en Polynésie (Leis et al. 2003 ; Lecchini 2004 pour les plus récents) et peut être résumé en trois étapes majeures. La ponte a lieu dans le lagon, puis les larves une fois écloses rejoignent le milieu océanique grâce à des adaptations morphologiques particulières qui leur permettent de se maintenir et de se déplacer dans la colonne d'eau (Leis & McCormick 2002). A partir d'un certain stade de développement, variable selon les taxons et les zones géographiques (Randall 1961), les larves retournent vers un récif : c'est l'étape de colonisation (Leis 1991 ; Leis & McCormick 2002 ; Leis et al. 2003). Elles peuvent rejoindre soit leur récif d'origine (colonisation autochtone), soit un autre récif (colonisation allochtone). Les distances parcourues pendant cette étape peuvent être considérables (jusqu'à plus de 100 kilomètres) grâce à des capacités sensorielles et natatoires très développées qui permettent aux jeunes poissons de s'orienter activement sur de grandes distances (Sale 1970 ; Buri & Kawamura 1983 ; Leis & McCormick 2002). Les jeunes poissons réintègrent le lagon en passant par-dessus la barrière grâce aux mouvements de la houle et des marées. Une fois en milieu lagunaire, ils recherchent un habitat favorable pour terminer leur développement : c'est la phase de pré installation, suivie de l'installation une fois que le substrat idéal a été sélectionné par les animaux (Sale 1991 ; Lecchini & Galzin 2003).

Parallèlement, l'utilisation des zones côtières par les jeunes poissons récifo-lagonaires a été décrite dans de nombreux endroits du monde. Le rôle potentiel de nurserie de ces zones, c'est-à-dire leur fonction supposée de refuge face aux prédateurs et de site d'alimentation privilégié a été souvent évoqué, en particulier pour les mangroves (Puerto Rico : Dennis et al. 1991 ; Curaçao : Sponaugle & Cowen 1996 ; Nagelkerken et al. 2001 ; Cocheret de la Morinière et al. 2002, 2003 ; Australie : Jenkins & Wheatley 1998 ; Laedsgaard & Johnson 2000). L'utilisation des zones côtières par les premiers stades de vie des poissons récifo-lagonaires a donc été constatée aussi bien dans l'Atlantique tropical (Caraïbes) que dans le Pacifique (Australie), suggérant l'existence d'une stratégie différente ou complémentaire du schéma décrit à Moorea.

L'île principale de l'archipel de la Nouvelle-Calédonie présente des caractéristiques très différentes de celles des îles de Polynésie. Son lagon est de grande taille, environ 8000 km², et le récif barrière est très éloigné des côtes, jusqu'à 65 kilomètres par endroits (ORSTOM 1981). Son climat est caractérisé par une saisonnalité très marquée, avec une saison chaude et humide de mi-novembre à mi-avril, période des fortes précipitations et des dépressions tropicales, et une saison fraîche de mi-mai à mi-septembre où les températures de l'air passent par leurs minima annuels. Les vents sont forts presque en permanence et sont dominés par le régime des Alizés de Sud-Est.

Les travaux concernant les premiers stades de vie des poissons récifo-lagonaires en Nouvelle-Calédonie n'ont réellement débuté qu'en 2001. Les données sur les assemblages de jeunes poissons dans les zones côtières de Nouvelle-Calédonie sont, à ce jour inexistantes. Par ailleurs, du fait de la taille très importante du lagon calédonien, nous proposons l'hypothèse que les zones côtières pourraient participer davantage au cycle de vie des jeunes poissons que pour les îles où la distance côte-barrière est plus limitée. Sur un plan pratique, la compréhension de l'utilisation des zones côtières par les jeunes poissons en phase de pré-installation permettrait également de déterminer les milieux qui leur sont favorables. Ces données devraient présenter un grand intérêt du point de vue de la gestion des milieux côtiers dans l'objectif d'aboutir à leur protection.

Dans ce contexte, la présente étude a pour buts d'identifier les espèces de poissons dont les stades jeunes sont présents dans certaines zones côtières de la Nouvelle-Calédonie, de décrire la structure spatiale et temporelle de ces assemblages, de déterminer si ces assemblages sont différents en termes de composition, de diversité ou de variabilité temporelle de ceux décrits dans la littérature, et enfin d'évaluer les facteurs qui peuvent expliquer les différences éventuelles.

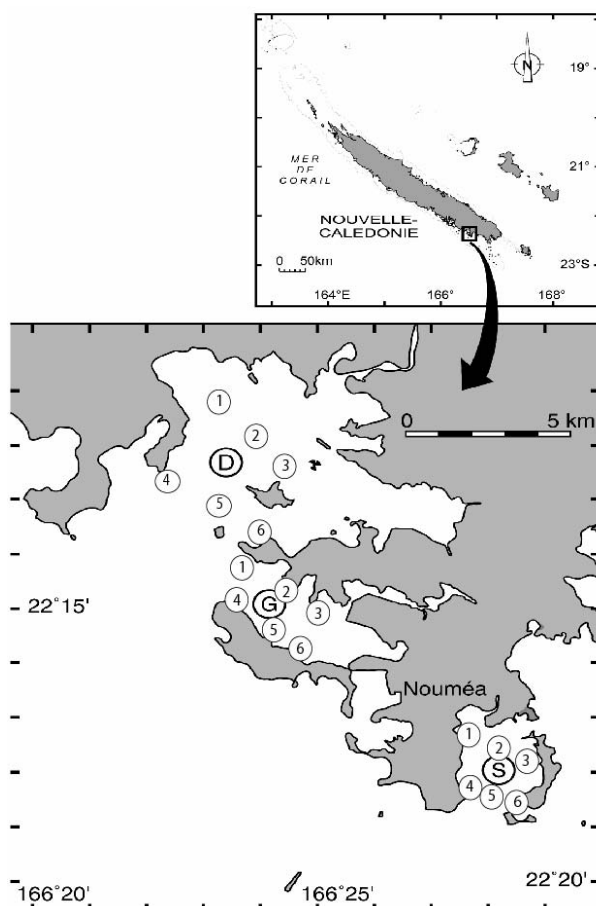


Figure 2 : Les trois baies étudiées, avec G : Grande Rade ; S : baie de Sainte-Marie et D : baie de Dumbéa. Les cercles numérotés représentent la position des stations d'échantillonnage.

Tableau 1 : Description des types de fonds qui caractérisent chaque station d'échantillonnage dans les trois baies d'étude.

Baie	Station	Vase	Sable	Corail
Grande Rade	1			
	2			
	3			
	4			
	5			
	6			
Sainte Marie	1			
	2			
	3			
	4			
	5			
	6			
Dumbéa	1			
	2			
	3			
	4			
	5			
	6			

2. Matériel et méthodes

2.1 Sites d'étude

Trois baies proches de Nouméa ont été choisies comme lieux d'étude (Figure 2) : la Grande Rade, la baie Sainte-Marie et la baie de Dumbéa. La Grande Rade présente des conditions hydrodynamiques faibles en raison de son confinement (Dandonneau et al. 1981 ; Douillet 2001). C'est une baie qui subit directement l'influence des activités de l'industrie du minerai de nickel, avec la présence d'une usine de raffinage et d'une forte activité portuaire, associée au déversement d'effluents urbains non traités. Dans la baie de Sainte-Marie, le déversement des eaux usées non traitées, joint à la destruction de la mangrove en relation avec l'urbanisation croissante, provoque localement une eutrophisation des eaux (Ferraris 2001 ; Manane 1998). La baie de Dumbéa est entourée de nombreuses petites baies et d'anses peu profondes (Launay 1972). Elle subit les apports du bassin versant de la rivière Dumbéa (Manane 1998). A l'influence de ces apports terrigènes s'ajoute une importante pression anthropique liée aux zones d'activités agricoles et aux anciennes mines. Ces trois baies sont également caractérisées par des typologies de fond variables (Tableau 1 : C. Chevillon, IRD Nouméa, comm.pers).

2.2 Echantillonnage

Dix-huit campagnes mensuelles ont été réalisées dans chaque baie, de janvier 2002 à juin 2003. Lors de chaque campagne, des pièges lumineux ont été mouillés en six stations d'échantillonnage, dans chacune des baies. Pour optimiser l'efficacité de l'échantillonnage, les campagnes ont été effectuées au moment de la nouvelle lune, lorsque la luminosité relative du piège dans la colonne d'eau est maximale.

La technique des pièges lumineux est très utilisée pour la capture des jeunes poissons, de par sa facilité d'utilisation et ce malgré le fait que seuls les individus présentant un phototropisme positif sont capturés (Doherty 1987). Les engins utilisés dans le cadre de cette étude ont été développés par la société Aquafish Technology (Lattes, France) et modifiés par l'IRD (Figure 3). Les poissons, attirés par la lumière émise par la lampe, entrent dans les pièges par les fentes latérales prévues à cet effet et sont ensuite théoriquement incapables d'en ressortir.

La pose des pièges avait lieu juste après le coucher du soleil à environ 2,50 m sous la surface. Le temps de pêche était de deux heures. Les poissons récoltés étaient d'abord endormis dans un bain de benzocaïne à 0,75g.l⁻¹ puis conservés dans l'alcool à 95%.

Des mesures de température, salinité et turbidité en fonction de la profondeur ont été réalisées grâce à une sonde CTD Seabird SBE 19. A chaque station, deux profils ont été réalisés : un à la pose du piège lumineux et un à la relève.

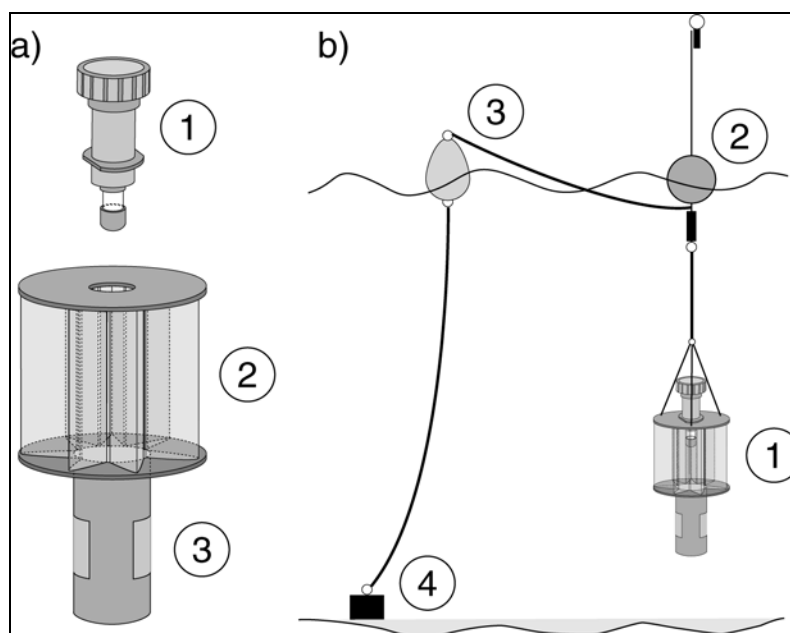


Figure 3 : a) Structure d'un piège lumineux : 1 : bloc étanche contenant une batterie 12 V et une lampe néon ; 2 : éléments en plexiglas transparent séparés par des fentes verticales d'environ 10 mm de large ; 3 : godet avec fenêtres grillagées (maille 2 mm). b) Dispositif utilisé pour le mouillage des pièges : 1 : piège lumineux, 2 : bouée de repérage, 3: bouée de rappel, 4 : lest

2.3. Identification, mesure, sexage et tri des poissons au laboratoire

2.2.1 Identification

Les identifications des poissons capturés ont été faites sous loupe binoculaire, en se basant sur plusieurs critères : la morphologie générale du corps, le nombre de rayons et d'épines présents sur les nageoires dorsales, anale, caudale et éventuellement pectorales et la forme générale des nageoires (caudale en particulier).

Les outils d'identification des jeunes poissons récifaux sont peu nombreux. Les ouvrages de référence utilisés dans cette étude sont ceux de Leis & Trnski (1989) et de Leis & Carson-Ewart (2000), tous deux destinés à l'identification des larves de poissons de l'Indo-Pacifique, et les guides de la FAO (Carpenter & Niem 1999a, b ; 2001a, b) destinés à l'identification des poissons adultes. Un outil informatique s'appuyant sur des photographies et sur une base de données de critères méristiques, développé par P. Doherty de l'Australian Institute of Marine Science, Townsville, a été également utilisé pour aider aux identifications.

2.2.2 Mesures et sexage

Les longueurs standard des poissons ont été mesurées à 0,1 mm près à l'aide d'un pied à coulisse électronique. Pour certaines espèces très abondantes des genres *Spratelloides* et *Encrasicholina*, les mesures ont été effectuées sur 30 individus par espèce, sous-échantillonnés au hasard dans un même échantillon. Ces 30 individus par espèce ont été sexés grâce à l'identification des gonades et le degré de maturité de ces dernières a été évalué.

2.2.3 Tri des jeunes

Les poissons ont été triés pour séparer les jeunes des adultes, en particulier chez les petits pélagiques chez qui les individus adultes sont nombreux dans les captures en raison d'une taille adulte faible. Le tri se base sur la taille (longueur standard, en mm) de la plus petite femelle mature identifiée dans les échantillons pour chaque taxon. Les individus de taille inférieure sont considérés comme des jeunes, ceux de taille supérieure sont considérés comme des adultes. Pour les taxons non sexés au laboratoire, ou de taille trop petite pour permettre le sexage, la taille de première maturité a été recherchée dans Fishbase¹ et confirmée par l'observation de la distribution de taille de l'espèce dans les échantillons. Les analyses présentées dans ce rapport ne portent que sur les individus jeunes.

2.3 Données environnementales

En plus des profils CTD, des données semi-qualitatives comme le type de fond, ou quantitatives comme la distance à la côte, la profondeur de la station de pêche ou le marnage le jour de l'échantillonnage, ont été récoltées. Les distances à la côte ont été calculées à partir de la carte marine

¹: <http://www.fishbase.org/search.cfm>

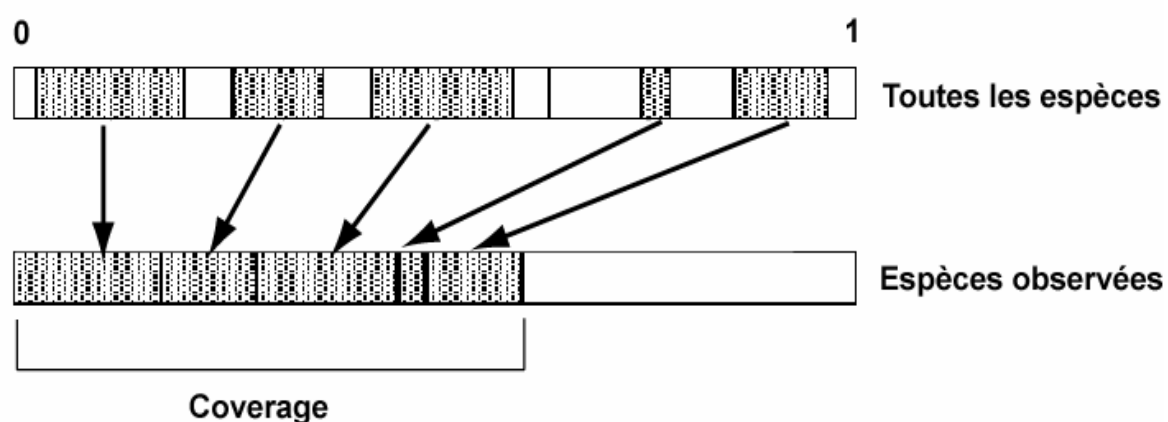


Figure 4 : Schéma d'illustration du principe du « sample coverage », appliqué pour le calcul de l'estimateur de richesse spécifique ACE : Abundance Coverage Estimator (Chao et Lee 1992). La bande du haut représente l'ensemble de l'échantillon découpé en S segments, dont les longueurs respectives représentent la proportion réelle constituée par chacune des S espèces trouvées dans l'échantillon. Les proportions sont exprimées en pourcentage, le segment total va donc de 0 à 1. L'étendue réelle de l'échantillon (coverage) est la somme des segments représentant la véritable proportion de chaque espèce capturée (Chazdon et al. 1998).

6687S du SHOM. Les types de fond ont été déterminés grâce à des cartographies acoustiques réalisées par C. Chevillon (IRD Nouméa, données non publiées). Les profondeurs des stations ont été déduites des profils CTD en prenant la profondeur maximale atteinte par la sonde lors de sa progression dans la colonne d'eau.

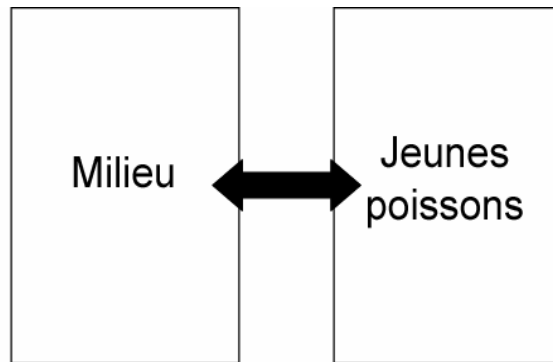
A plus grande échelle spatiale, la station météorologique de Nouméa a fourni des données sur les directions et vitesses de vent (vitesse moyenne horaire, et direction du vent maximal intégrée sur 10min), le rayonnement et la pluviométrie pendant la période de l'échantillonnage. Les marnages pour chaque jour d'échantillonnage ont été calculés à partir des tables de marées du SHOM².

2.4 Analyse des données

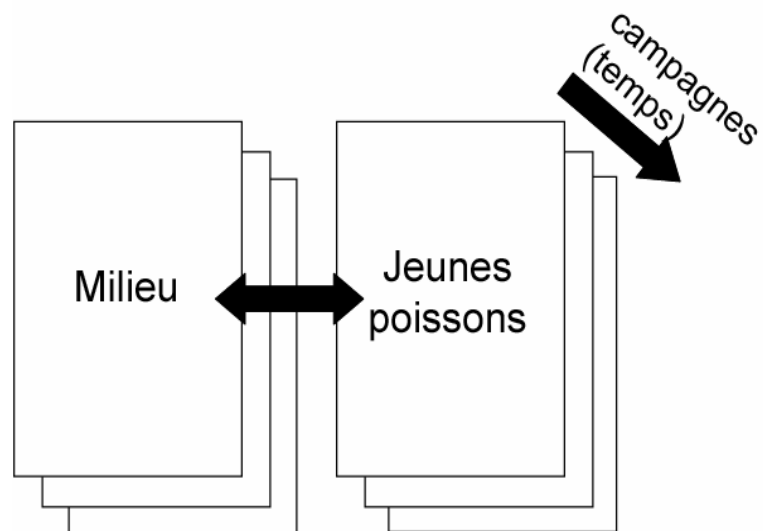
Une analyse en composante principale (ACP) normée a été appliquée aux données environnementales pour tenter de mettre en évidence d'éventuelles différences entre les baies, entre les stations ou entre les campagnes d'échantillonnage. Cette analyse permet de représenter de façon simple un ensemble complexe de données dans un espace à deux dimensions (ordination en espace réduit) dont les axes représentent les sens de variation des variables les plus structurantes de l'ensemble des données (Gower 1967). Elle se base sur le calcul des distances euclidiennes entre les n échantillons et des corrélations entre les p variables, car les unités dans lesquelles les données sont exprimées sont différentes les unes des autres (Legendre & Legendre 1998).

Le tableau faunistique échantillons x abondances de chaque taxon a été utilisé pour étudier successivement la richesse spécifique, les taxons dominants et la variabilité temporelle des abondances. Le nombre d'espèces observées (S) dans un échantillon étant généralement sous-estimé par rapport à la réalité en raison d'un effort d'échantillonnage souvent insuffisant et de la présence d'espèces cryptiques ou difficiles à trouver, un estimateur théorique de la richesse spécifique a été utilisé. Le choix s'est porté sur l'Abundance Coverage Estimator (ACE : Chao et al. 1993 ; Chazdon et al. 1998), estimateur statistique de la valeur réelle du nombre d'espèces qui est issu de la modification des estimateurs Chao 1 et 2 développés par Chao (1984, 1987). Le calcul de ACE se base sur une matrice d'abondance échantillons-espèces. Il s'appuie sur le principe statistique du « sample coverage » (Figure 4) développé par Chao & Lee (1992). Brièvement, si une ligne unique représentant l'ensemble de l'échantillon est découpée en S segments, dont les longueurs respectives représentent la véritable proportion représentée par chacune des S espèces trouvées dans l'échantillon, l'étendue réelle de l'échantillon (sample coverage) correspond à la somme de ces segments (Chazdon et al. 1998). Dans un échantillon, il existe des espèces très fréquentes et des espèces rares. Les informations utiles sur les espèces présentes mais non découvertes lors de l'échantillonnage résident dans les données concernant les espèces les plus rares. Le calcul de ACE se base sur ces espèces,

² Site internet du SHOM : <http://www.shom.fr/>



ANALYSES MULTIVARIEES A DEUX TABLEAUX : CO-INERTIE.



ANALYSES MULTIVARIEES A K TABLEAUX : STATICO.

Figure 5 : Schéma récapitulatif du principe de l'analyse multi-blocs STATICO, dont l'objectif est de déterminer la part stable dans la relation entre des espèces et leur environnement, couplant ainsi les objectifs de STATIS et ceux de l'analyse de co-inertie (Chessel et al. 1997). Les données consistent en une succession de paires de tableaux, chaque paire étant constituée d'un tableau faunistique d'abondance (espèces en colonnes) et d'un tableau environnemental (variables en colonnes). STATICO est une analyse triadique partielle réalisée sur une série de tableaux croisés résultants de l'analyse de co-inertie de chaque paire de tableaux (Thioulouse et al. 2004).

c'est-à-dire sur celles qui présentent des abondances inférieures ou égales à 10 individus dans un échantillon. Il permet donc de déterminer la proportion d'espèces présentes mais non découvertes dans l'échantillon, qui, associée par randomisation à celle représentée par les espèces découvertes, fréquentes et rares, fournit une estimation de la valeur réelle de la richesse spécifique. La valeur ACE a été calculée pour chaque mois de campagne pour chaque baie grâce au logiciel ESTIMATES et comparée à la valeur de S observée dans chaque cas. Une cartographie des richesses observées pour chaque station d'échantillonnage dans les trois baies a été réalisée pour l'ensemble des campagnes et pour chaque mois. Les valeurs de richesse ont été pondérées par le nombre d'échantillons pour la carte des richesses totales, et transformées grâce à une relation linéaire pour les cartes mensuelles, de façon à faciliter la lecture graphique des résultats.

La structure des assemblages, et en particulier les taxons qui les dominent, a été étudiée à l'aide de courbes de dominance établies pour chaque baie grâce au logiciel PRIMER5 (Clarke & Gorley 2001). Les abondances des principales familles de jeunes poissons dans les trois baies ont été représentées au cours du temps, et sous la forme de cartographies pour l'ensemble des campagnes et pour chaque mois où le nombre d'individus de la famille est supérieur à 10. Les valeurs d'abondance ont été transformées en $\text{Log}_{10}(x+1)*10$ ou grâce à des relations linéaires pertinentes pour compenser l'importance des fortes valeurs par rapport aux valeurs faibles.

Afin de détecter d'éventuelles différences entre les baies d'étude sur le plan faunistique, des analyses de similarité (ANOSIM) ont été réalisées pour chaque campagne. Ces analyses s'appuient sur le même principe que les ANOVA à un ou deux facteurs (Westera et al. 2003). Le calcul d'un indice de similarité R permet de tester une hypothèse nulle selon laquelle il n'existe aucune différence entre les assemblages des différentes baies. La probabilité que cet indice soit dû au hasard, et donc que les assemblages ne diffèrent pas, a été calculée grâce à une succession de permutations aléatoires (999 au maximum) sur la matrice de similarité de Bray-Curtis. Cette matrice a été construite à partir des données d'abondance transformées en racine carrée, ce qui a permis d'équilibrer les contributions des espèces abondantes par rapport aux espèces moins communes et rares (Clarke & Gorley 2001 ; Valesini et al. 2004). R a été également calculé pour chaque couple de baie afin de détecter d'éventuelles différences entre baies. Dans le cas où une différence significative était observée, une analyse de la contribution des espèces à la similarité (SIMPER) a été réalisée. Cette analyse se base sur les données d'abondance transformées en $\sqrt{x}$ ce qui permet de réduire le poids des espèces abondantes (Field & al. 1982 ; Clarke & Gorley 2001). Ce type d'analyse permet d'identifier les espèces qui sont majoritairement responsables des différences observées dans les assemblages (Hair et al. 2000, Clarke & Gorley 2001 ; Westera et al. 2003). Le calcul s'appuie sur le pourcentage de contribution de chaque espèce à la valeur de dissimilarité observée entre les baies qui sont comparées deux à deux. Les analyses de similarité et de contribution des espèces ont été réalisées grâce au logiciel PRIMER5.

Tableau 2 : Conditions d'échantillonnage dans les trois baies de l'étude.

VARIABLE /CRITERE	Grande Rade	Sainte-Marie	Dumbéa
Nombre d'échantillons réalisés	107	103	105
Effort de pêche (heures)	1,9 – 2,3	1,9 – 2,2	1,8 – 2,3
Hauteur de la colonne d'eau (m)	3,4 – 16,3	6,5 – 14,5	3,4 – 16,3
Temps entre le coucher du soleil et la pose des pièges	0h15 – 1h30	0h15 – 2h15	0h15 – 1h45
Temps entre la pose des pièges et le coucher de la lune (<i>heure pose – heure coucher de lune</i>)	-6h15 – 5h00	-5h00 – 3h45	-6h15 – 3h00
Temps entre la pose des pièges et la marée haute (<i>heure pose – heure marée haute la plus proche</i>)	-5h15 – 5h00	-4h45 – 3h45	-4h15 – 4h30
Distance à la côte (kilomètres)	0,6 – 4.2	0,5 – 1,8	0,8 – 3,6
Type de fond	Sable (100%)	Fonds durs coralliens (33%) Sable (33%) Vase (33%)	Fonds durs coralliens (50%) Sable (50%)

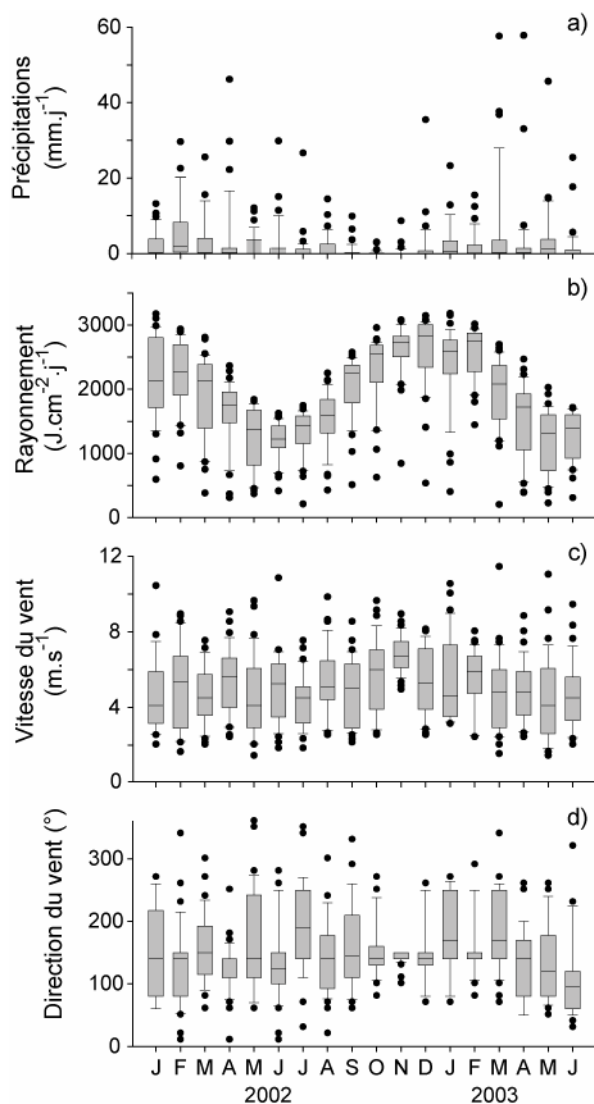


Figure 6 : Données météorologiques mensuelles à Nouméa pendant la période d'échantillonnage avec a) pluviométrie, en mm.j^{-1} ; b) rayonnement solaire, en $\text{J.cm}^{-2}.\text{j}^{-1}$; c) vitesse moyenne horaire du vent, en m.s^{-1} et d) direction du vent maximal, intégrée sur 10 min, en degrés (0° = Nord). Source : Station Météo-France, Faubourg Blanchot, Nouméa. Les limites inférieures et supérieures des boîtes représentent le 1^{er} et 3^{ème} quartile, la barre horizontale, la médiane. Les barres verticales s'étendent jusqu'au 10^{ème} et 90^{ème} percentile, les points indiquent les valeurs au-delà.

Afin de décrire une éventuelle structure commune entre le jeu de données environnementales et le jeu de données faunistiques et de tester sa stabilité au cours du temps, une analyse K-tableaux ou multiblocs a été utilisée : la méthode STATICO. STATICO recherche la part stable dans la dynamique de la relation entre des espèces et leur environnement (Thioulouse et al. 2004). Sur le plan statistique, STATICO est une analyse triadique partielle qui s'appuie à la fois sur le principe de l'analyse de co-inertie : trouver ce qui dans deux groupes de descripteurs engendre une typologie commune des objets décrits dans chacun des tableaux ; et sur celle de STATIS : trouver ce qui dans plusieurs tableaux constitue le fond typologique commun, lequel peut exister derrière de fortes particularités propres à chaque tableau (Chessel et al. 1997). Les données sont présentées sous la forme d'une succession de tableaux environnementaux et faunistiques couplés, chaque paire correspondant à une période donnée (Figure 5). Cette technique d'analyse permet de déterminer la relation entre les assemblages de jeunes poissons et les variables environnementales traitées en fonction du temps, c'est-à-dire en tenant compte de la saisonnalité des données environnementales. Toutes les analyses multivariées ont été effectuées à l'aide du logiciel ADE4 (Thioulouse et al. 2001).

3. Résultats

3.1 Conditions d'échantillonnage

Durant les dix-huit mois de campagne, 315 échantillons ont été obtenus : 107 dans la Grande Rade, 103 dans la baie de Sainte-Marie et 105 dans la baie de Dumbéa. Les conditions d'échantillonnage dans les trois baies en termes de profondeur, de décalage avec le coucher de la lune et du soleil, de marée et d'effort de pêche sont homogènes (tableau 2). La grande majorité des échantillons ont été prélevés en eau peu profonde (7,5 à 15,0 m de profondeur), moins de 2h15 après le coucher du soleil. Le critère le plus variable est la présence ou l'absence de la lune lors des prélèvements : la pose des pièges a eu lieu dans certains cas plus de six heures après le coucher de la lune, dans d'autres cas presque cinq heures avant. Le plus souvent, les pièges ont été posés en condition de marée descendante (pose après la marée haute). L'effort de pêche est toujours proche de deux heures. Les distances à la côte des stations d'échantillonnage sont toujours inférieures à 4,5 km, avec un minimum de 500 m dans la baie de Sainte-Marie. La majorité des stations se caractérise par la présence de fonds sableux (11 stations sur 18), mais la présence de récifs coralliens sous les pièges a également été observée (cinq stations), ainsi que des fonds vaseux (deux stations).

3.2 L'environnement

3.2.1 Données météorologiques pendant les campagnes

La région de Nouméa montre une pluviométrie variable (figure 6). Les valeurs médianes de précipitations sont le plus souvent $<10,0 \text{ mm.j}^{-1}$ mais la variabilité dans les données est forte. Dans un même mois, les précipitations peuvent varier de quelques mm.j^{-1} à $>58,0 \text{ mm.j}^{-1}$ (mars 2003 p. ex.).

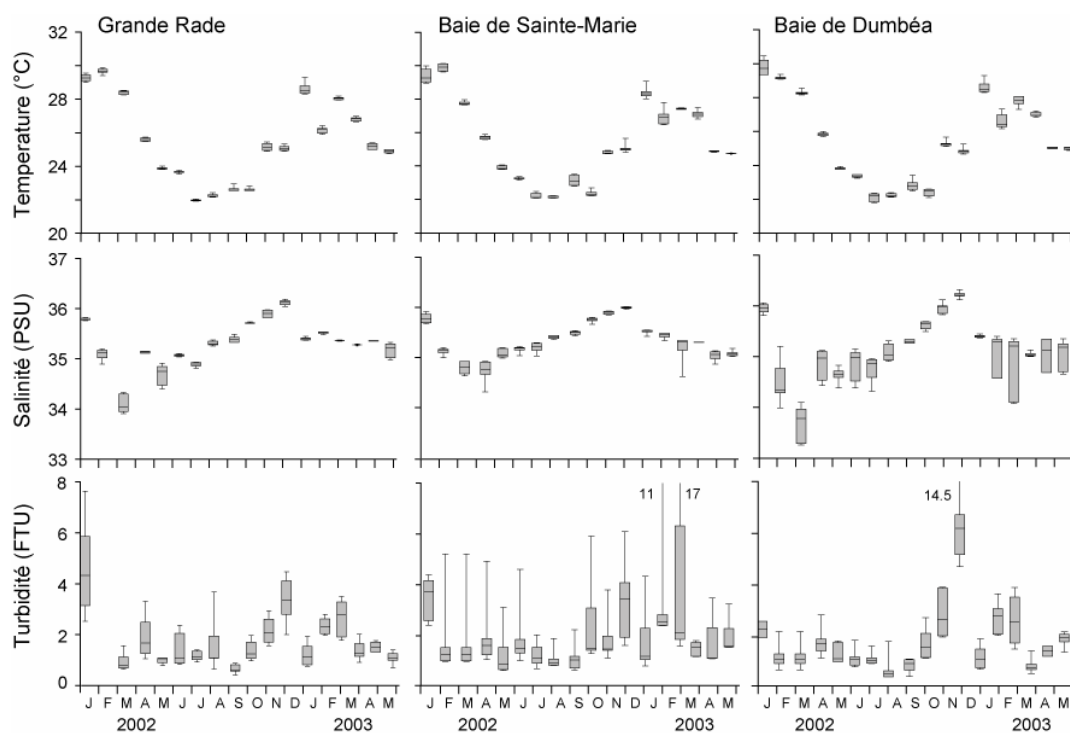


Figure 7 : Valeurs moyennes pour la couche 0-5 mètres de la température (°C), de la salinité et de la turbidité (FTU) pour chaque campagne et dans chaque baie, obtenues à l'aide d'une bathysonde Seabird SBE19, un profil à la pose et à la relève de chaque piège. Voir Figure 6 pour la signification des boîtes.

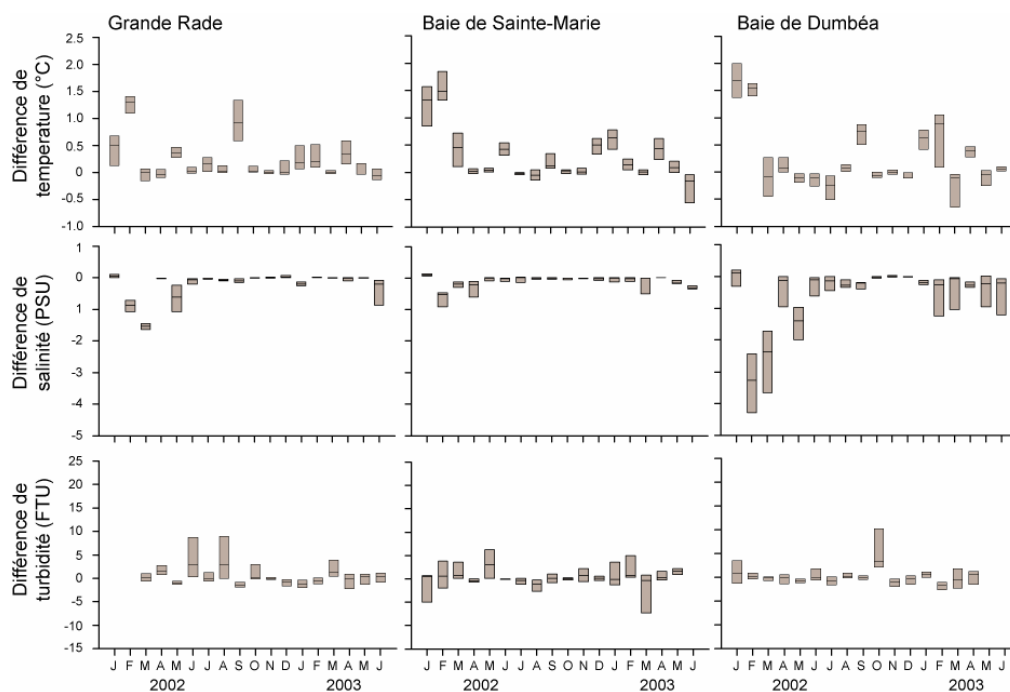


Figure 8 : Différences de température (°C), de salinité et de turbidité (FTU) entre la couche de surface (0-50 cm) et la couche de fond (50 cm les plus profonds) pour chaque campagne et dans les trois baies. Voir Figure 6 pour la signification des boîtes.

Malgré cette forte variabilité, il est possible de définir une période pluvieuse, de janvier à juillet, pendant laquelle les hauteurs d'eau sont très variables, et une période sèche, d'août à décembre, pendant laquelle la variabilité est moindre. L'ensoleillement est le plus élevé entre décembre et mars, et minimal entre juin et septembre. Les vitesses de vent fluctuent entre 2,0 et 11,8 m.s⁻¹, mais les valeurs supérieures à 5,0 m.s⁻¹ sont les plus fréquentes. Les vents dominants sont de secteur Est à Sud-Ouest, ce qui inclut les alizés, de Sud-Est. Des vents de secteur Nord-Est peuvent également être observés.

3.2.2 Données physico-chimiques dans les trois baies d'étude

Température, salinité et turbidité

Dans les trois baies, la température moyenne de la couche 0-5 mètres évolue de façon sensiblement identique au cours du temps avec toutefois un décalage temporel entre les minima et les maxima (Figure 7). Les valeurs maximales sont atteintes en février 2002 dans la Grande Rade (médiane = 29,4°C) et dans la baie de Sainte-Marie (médiane = 30,0°C). Elles sont atteintes en janvier 2002 dans la baie de Dumbéa (médiane = 29,6°C). Les valeurs minimales sont observées en juillet 2002 dans la Grande Rade (médiane = 21,9°C), en août 2002 dans la baie de Sainte-Marie (médiane = 22,1°C) et en juillet 2002 dans la baie de Dumbéa (médiane = 22,2°C).

De la même façon, il existe un décalage temporel entre les baies pour les valeurs extrêmes de salinité moyennes (PSU) enregistrées dans la couche 0-5 mètres. Les valeurs maximales sont atteintes en décembre 2002 dans la Grande Rade (36,2), dans la baie de Sainte-Marie (36,0) et dans la baie de Dumbéa (36,3). Les valeurs minimales sont atteintes en mars 2002 dans la Grande Rade (33,9) et baie de Dumbéa (33,7), où la variabilité est la plus forte, ainsi qu'en avril 2002 dans la baie de Sainte-Marie (34,8).

La Grande Rade montre des valeurs de turbidité fluctuantes, avec des valeurs maximales en janvier 2002 (7,8 FTU) et minimales en août 2002 (0,6). La baie de Sainte-Marie présente des valeurs de turbidité également aussi très variables, avec un maximum en mars 2003 (17,0) et un minimum en mai 2002 (0,7). Les valeurs de turbidité de la baie de Dumbéa sont plus stables, de 14,3 FTU en décembre 2002 à 0,5 FTU en août 2002.

Gradients de température, salinité et turbidité

Les différences de température entre la surface (moyenne sur la couche 0-50 cm) et le fond (moyenne sur les 50 cm les plus profonds) ne dépassent pas quelques degrés dans les trois baies (Figure 8). Le maximum est atteint dans la Grande Rade au mois de février 2002 lorsque la température de la couche de surface est supérieure de 2,3°C à celle de fond. Cette différence n'atteint que 1,6°C au maximum dans la baie de Sainte-Marie en septembre 2002 et 1,8°C dans la baie de Dumbéa en janvier 2002. Les différences de salinité observées entre la surface et le fond sont souvent proches de zéro dans les trois

Tableau 3 : Variables utilisées pour l'ACP normée sur les données environnementales.

Variables	Unités	Pondération
Température moyenne (couche 0-5 m)	°C	1
Salinité moyenne (couche 0-5 m)		1
Gradient de température (entre couche de surface : 0-50 cm, et couche de fond : 50 cm les plus profonds)	°C	1
Gradient de salinité (entre couche de surface : 0-50 cm, et couche de fond : 50 cm les plus profonds)	PSU	1
Distance surface - fond	m	1
Distance à la côte	km	1
Type de fonds sous les pièges :		
- Vase		0,33
- Sable		0,33
- Corail		0,33
Pluviométrie le jour de l'échantillonnage	mm.j ⁻¹	1
Ensoleillement le jour de l'échantillonnage	J.cm ⁻² .j ⁻¹	1
Heure de marée haute (temps entre la pose du piège et la marée haute la plus proche, ou nocturne)	h	1
Marnage le jour de l'échantillonnage	m	1
Vitesse moyenne horaire du vent le jour de l'échantillonnage	m.s ⁻¹	1
Direction moyenne du vent maximal, intégrée sur 10 min, le jour de l'échantillonnage :	° (degrés)	
- direction Nord-est		0,20
- direction Sud-est		0,20
- direction Sud		0,20
- direction Ouest		0,20
- direction Nord		0,20

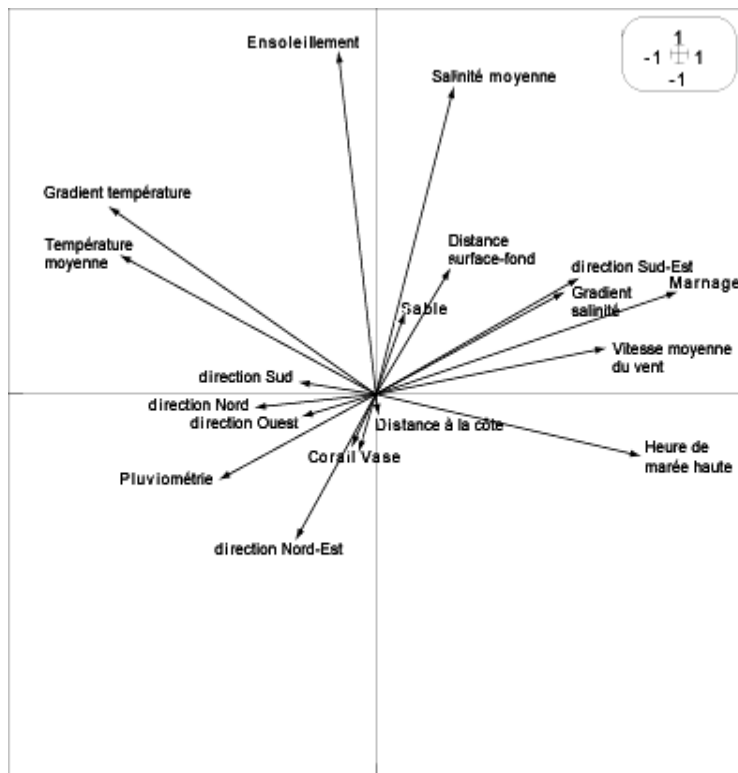


Figure 9 : Corrélations entre les variables environnementales et leur sens de variation dans l'espace factoriel 1-2 de l'ACP (Axe 1 : 23,43% de variance expliquée ; axe 2 : 15,82%).

baies sauf en début d'année 2002 (février, mars, avril), où la salinité de surface est toujours inférieure. Cette différence atteint un maximum de 4,8 en mars 2002 à Dumbéa. Les différences entre turbidité de surface et de fond sont globalement comprises entre -10,0 et 10,0 FTU, mais un maximum de 22,0 FTU est atteint en août 2002 dans la Grande Rade. La turbidité de surface est plus souvent supérieure à celle de fond dans les trois baies.

Structure spatio-temporelle des données environnementales

Le tableau de données environnementales comprend les 315 échantillons, regroupés par baies (N=3), stations (N=18, 6 stations par baie) et campagnes (N=18). La turbidité a été exclue du fait d'un trop grand nombre de valeurs manquantes. Treize variables ont été étudiées (Tableau 3). Le type de fond est représenté par trois catégories, qui correspondent chacune à 33% de l'information. Les catégories de fond ont donc été pondérées d'un coefficient de 0,3. De même, les valeurs de direction du vent ont été regroupées en cinq modalités, qui correspondent chacune à 20% de l'information. Chaque type de direction de vent a donc été pondéré d'un coefficient de 0,2 (Tableau 3).

La variance dans les données environnementales expliquée par l'analyse est supérieure à 8% jusqu'au 5^{ème} axe, où la variance totale expliquée atteint 68,27%. Seuls les axes 1 (23,43%) et 2 (15,82%) ont été retenus pour représenter les variables et les échantillons car avec un total de 39,25% de variance expliquée, ils permettent d'obtenir une représentation graphique pertinente. Les variables majoritairement responsables de la dispersion des observations sur l'axe 1 sont, par ordre décroissant de leur contribution absolue : l'ensoleillement (contribution absolue 2109), le gradient de température entre la surface et le fond (1630), la pluviométrie du jour d'échantillonnage (1608), la température moyenne de l'eau dans la couche 0-5 m (1477) et la vitesse moyenne du vent du jour d'échantillonnage (1206). Sur l'axe 2, il s'agit du marnage du jour d'échantillonnage (3623), de la salinité moyenne dans la couche 0-5 m (2908), du gradient de température entre la couche de surface et celle de fond (1082), de la température moyenne dans la couche 0-5 m (587) et de la distance surface-fond (450). Les variables d'habitat représentées par les types de fond et la distance à la côte participent peu à la dispersion des points sur les axes de projection (Figure 9).

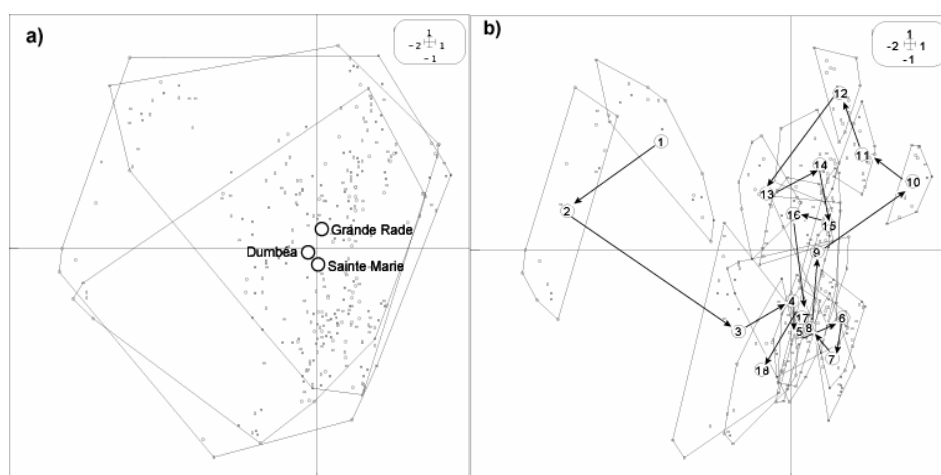


Figure 10 : Projection des échantillons du tableau environnemental dans l'espace factoriel 1-2 de l'ACP normée. Les contours regroupent les observations par baies (a) et par campagnes (b), de 1 = janvier 2002 à 18 = juin 2003.

Tableau 4 : Distribution des valeurs (min-max) dans chaque baie d'étude pour les variables utilisées dans l'ACP.

Variables	Grande Rade	Sainte-Marie	Dumbéa
Température moyenne (°C)	21,9 - 29,7	22,0 - 29,9	21,9 - 30,2
Salinité moyenne (PSU)	34,2 - 36,2	34,5 - 36,0	33,9 - 36,3
Gradient de température (°C)	-0,6 - 2,3	-0,2 - 1,7	-0,7 - 2,1
Gradient de salinité (PSU)	-1,7 - 0,1	-1,3 - 0,1	-4,7 - 0,2
Distance surface-fond (m)	3,4 - 16,3	6,5 - 14,5	3,4 - 16,2
Distance à la côte (km)	0,6 - 4,2	0,5 - 1,8	0,8 - 3,6
Décalage marée haute (h)	-8,3 - 5,2	-3,8 - 4,8	-6,0 - 1,3
Marnage (m)	0,6 - 1,3	0,5 - 1,2	0,6 - 1,3
Pluviométrie (mm.j ⁻¹)	0,0 - 3,4	0,0 - 22,3	0,0 - 4,2
Ensoleillement (J.cm ⁻² .j ⁻¹)	610 - 3070	563 - 3005	1053 - 3000
Vitesse moyenne du vent (m.s ⁻¹)	2,1 - 8,5	2,1 - 7,3	1,6 - 9,1
Direction moyenne du vent (°)	50 - 270	50 - 350	10 - 250

Tableau 5: Effectifs totaux et de jeunes des petits pélagiques Clupéiformes. Les individus ont été classés comme jeunes à partir de la taille de la plus petite femelle mature identifiée dans les échantillons pour chaque taxon. Les individus de taille inférieure sont considérés comme jeunes, ceux de taille supérieure comme des adultes. Avec LS : longueur standard

TAXON	Nombre total capturés	Gamme de tailles (LS mm)	Taille limite (LS mm)	Nombre de jeunes
Clupeidae sp.1	90	16,3 - 25,2		90
Clupeidae sp.2	4	20,1 - 21,7		4
Dussumeria acuta	1	110,1		0
Herklotsichthys sp.1	2	17,5 - 35,5	90	2
Herklotsichthys sp.2	122	27,2 - 114,5	90	117
Spratelloides delicatulus	642	17,6 - 54,8	25	64
Spratelloides gracilis	18204	13,7 - 58,4	38	15201
Engraulididae jeunes	25969	12,3 - 54,5	-	25969
Encrasicholina cf.punctifer	16	50,3 - 70,4	40	0
Encrasicholina devisi	850	40,9 - 68,6	40	0
Encrasicholina heteroloba	8325	37,1 - 83,2	37	0
Stolephorus indicus	19	40,1 - 79,6	40	0
Total	54247	12,3 - 114,5		41447

La salinité moyenne augmente avec l'ensoleillement mais décroît quand la pluviométrie et les vents de direction Nord-Est sont forts. Le gradient de température et la température moyenne de l'eau diminuent lorsque le marnage et la vitesse moyenne du vent augmentent. Les variables utilisées ne permettent pas de dégager de différences marquantes entre les baies (Figure 10a) : les gammes de valeurs observées sont proches dans les trois cas (Tableau 4). La variabilité intra-baie est importante (contours très étendus) même si aucune différence n'apparaît entre les stations d'échantillonnage (non représentées). Cependant, quelques échantillons se distinguent nettement (points extrêmes sur les axes 1 et 2). Ils proviennent principalement de la baie de Dumbéa (huit points sur 12) et des campagnes de début et fin d'année (janvier - février 2002 et octobre 2002).

Les variables utilisées permettent de différencier les observations en fonction des saisons (Figure 10b). Les campagnes se succèdent dans l'ordre chronologique dans le sens d'une diminution de l'ensoleillement, de la température moyenne de l'eau et du gradient de température entre la surface et le fond dans les premiers mois de l'année, de janvier à mars 2002 et 2003. Les mois suivants, d'avril à octobre 2002 et d'avril à juin 2003, sont caractérisés par une vitesse moyenne des vents et un marnage croissants. Ensoleillement, température et salinité augmentent ensuite de novembre à décembre 2002.

3.3 Les assemblages de jeunes poissons

Les 315 échantillons effectués ont permis de capturer un nombre total de 55 805 poissons : 17 446 dans la Grande Rade, 20 546 dans la baie de Sainte-Marie et 17 813 dans la baie de Dumbéa. Les poissons se répartissent en 97 taxons et en sept ordres, dont celui des Clupéiformes est largement majoritaire avec 54 247 poissons, soit plus de 97% du total, et regroupe à la fois des jeunes et des adultes. Pour les séparer, seuls les individus de taille inférieure à la taille de la plus femelle mature identifiée pour l'espèce sont considérés comme jeunes et conservés pour les analyses (Tableau 5). Pour le genre *Herklotsichthys* sp.2, aucun individu n'ayant été sexé, la taille de première maturité a été déduite de la valeur disponible dans Fishbase pour le genre et de la distribution de tailles des individus.

Au total 43 002 jeunes poissons ont été récoltés (Tableau 6), dont 41 447 (96,4 %) de Clupéiformes. Les six autres ordres sont, par ordre d'importance numérique décroissant : les Perciformes (n=1306, soit 3% de l'effectif total), les Tetraodontiformes (n=105 ; 0,2%), les Atheriniformes (n=47 ; 0,1%), les Syngnathiformes (n=11 ; 0,03%), les Scorpaeniformes (n=4 ; 0,01%) et les Gadiformes (n=2 ; <0,01%).

Les niveaux d'identification atteints sont variables : 54 taxons ont été identifiés jusqu'à la famille, 34 jusqu'au genre et neuf seulement jusqu'à l'espèce. Parmi les jeunes Clupéiformes, deux familles ont été observées : les Clupeidae (six taxons ; 37,3%) et les Engraulidae (un seul groupe ; 62,7%). Les Perciformes sont majoritairement représentés par la famille des Pomacentridae (60,9%), des Lethrinidae (11,8%), des Blenniidae (7,6%), des Apogonidae (7,3%), des Chaetodontidae (3,6%) et des Atherinidae (3,6%).

Tableau 6 (1 de 3) : Liste des taxons, codes et nombre d'individus capturés par des pièges lumineux entre janvier 2002 et juin 2003 dans la Grande Rade, la baie Sainte-Marie et la baie de Dumbéa ainsi que la gamme de taille des individus (LS en mm). Les individus non identifiés n'ont pas été utilisés dans les analyses qui ont suivi.

Ordre	Nombre d'individus capturés					Gamme de taille (LS mm) min — max
	Famille	Code	Grande Rade	Sainte-Marie	Dumbéa	
	Espèce					
Clupeiformes						
	Clupeidae	CLUP				
	Clupeidae sp1 et sp2	CLU_1 et CLU_2	43	51	-	16.3 — 25.2
	<i>Herklotsichthys</i> sp1 et sp2	HERK1 et HERK2	41	23	55	17.5 — 90.0
	<i>Spratelloides delicatulus</i> Bennett, 1832	SPDEL	29	21	15	17.6 — 25.0
	<i>Spratelloides gracilis</i> Temminck & Schlegel, 1846	SPGRA	1607	11373	2217	13.7 — 38.0
	Engraulididae	ENGR				
	<i>Encrasicholina</i> spp.	ENCR_	10838	4368	10763	12.3 — 54.5
Atheriniformes						
	Atherinidae	ATHE				
	Atherinidae sp.	ATH_1	-	2	-	18.0 — 20.6
	<i>Hypoatherina temminckii</i> Bleeker, 1853	HYTEM	11	33	1	26.9 — 64.3
Syngnathiformes						
	Syngnathinae	SYNG				
	Syngnathinae sp1 à sp3	SYN_1 et SYN_2	2	1	8	22.7 — 76.5
Scorpaeniformes						
	Aploactinidae	APLO				
	Aploactinidae sp.	APL_1	-	2	1	5.7 — 8.3
	Platycephalidae	PLAT				
	Platycephalidae sp.	PLA_1	1	-	-	8.6
Perciformes						
	Serranidae	SERR				
	Serranidae sp1 et sp2	SER_1 et SER_2	7	3	4	15.8 — 19.0
	<i>Cephalopolis</i> sp.	CEPH1	3	-	-	14.9 — 16.2
	<i>Epinephelus</i> sp.	EPIN1	-	-	1	19.1
	Plesiopidae	PLES				
	Plesiopidae sp.	PLE_1	1	-	-	11.1

Tableau 6 (2 de 3).

Ordre	Nombre d'individus capturés					Gamme de taille (LS mm) min — max
	Famille	Code	Grande Rade	Sainte-Marie	Dumbéa	
	Espèce					
	Apogonidae	APOG				
	Apogonidae sp1 à sp14	APO_1 à APO14	14	68	10	5.0 — 20.5
	<i>Apogon</i> sp.	APOG1	2	-	-	29.1 — 32.0
	<i>Archamia</i> sp.	ARCH1	1	-	-	42.8
	Carangidae	CARA				
	Carangidae sp.	CAR_1	-	-	1	29.2
	Lethrinidae	LETH				
	Lethrinidae sp1 à sp4	LET_1 à LET_4	136	4	14	8.0 — 21.7
	Mullidae	MULL				
	<i>Upeneus</i> sp1 et sp2	UPE_1 et UPE_2	1	3	1	20.4 — 31.5
	Pempheridae	PEMP				
	<i>Parapriacanthus ransonneti</i> Steindachner, 1870	PARAN	-	-	1	26.8
	Chaetodontidae	CHAE				
	<i>Chaetodon</i> sp1 à sp6	CHAE1 à CHAE6	5	31	11	8.1 — 11.0
	Pomacanthidae	POMA				
	<i>Pomacanthus</i> sp.	POMA1	1	-	-	12.4
	Pomacentridae	POMC				
	Pomacentridae sp1 à sp8	POM_1 à POM_8	563	64	148	5.8 — 14.7
	<i>Chromis</i> sp1 à sp3	CHRO1 à CHRO3	8	5	3	7.5 — 36.5
	<i>Pomacentrus</i> sp.	POMA1	3	-	1	10.9 — 11.0
	Sphyraenidae	SPHY				
	<i>Sphyraena</i> sp1 et sp2	SPHY1 et SPHY2	1	1	-	22.9 — 70.7
	Tripterygiidae	TRIP				
	Tripterygiidae sp1 et sp2	TRI_1 et TRI_2	5	12	-	11.2 — 16.1
	<i>Norfolkia</i> sp1 et sp2	NORF1 et NORF2	2	-	-	11.8 — 14.9
	Blenniidae	BLEN				
	Blenniidae sp1 à sp6	BLE_1 à BLE_6	33	14	11	7.4 — 17.0
	<i>Omobranchus</i> sp1 et sp2	OMOB1 et OMOB2	26	10	4	6.9 — 17.4
	<i>Petroscirtes</i> sp.	PETR1	2	-	-	14.4 — 17.1

Tableau 6 (3 de 3).

Ordre			Nombre d'individus capturés			Gamme de taille (LS mm) min — max
	Famille	Code	Grande Rade	Sainte-Marie	Dumbéa	
	Espèce					
	Gobiidae	GOBI				
	Gobiidae sp1 à sp4	GOB_1 à GOB_4	4	4	2	9.3 — 10.8
	Acanthuridae	ACAN				
	<i>Acanthurus</i> sp.	ACAN1	-	3	1	20.1 — 23.0
	Siganidae	SIGA				
	<i>Siganus</i> sp1 et sp2	SIGA1 et SIGA2	29	3	10	13.1 — 25.1
	Scombridae	SCOM				
	Scombridae sp.	SCO_1	1	-	-	12.3
	<i>Scomberomus</i> sp.	SCOM1	1	6	5	21.0 — 103.8
Tetraodontiformes						
	Monacanthidae	MONA				
	Monacanthidae sp1 et sp2	MON_1 et MON_2	7	3	5	10.3 — 15.5
	Tetraodontidae	TETR				
	<i>Arothron</i> sp1 à sp3	AROT1 à AROT3	10	14	40	7.2 — 31.4
	<i>Canthigaster</i> sp.	CANT1	11	2	11	11.6 — 40.0
	<i>Torquigener</i> sp.	TORQ1	-	1	1	13.1 — 15.3
Non identifiés			70	5	10	8.0 — 11.8
TOTAL			13518	16130	13354	

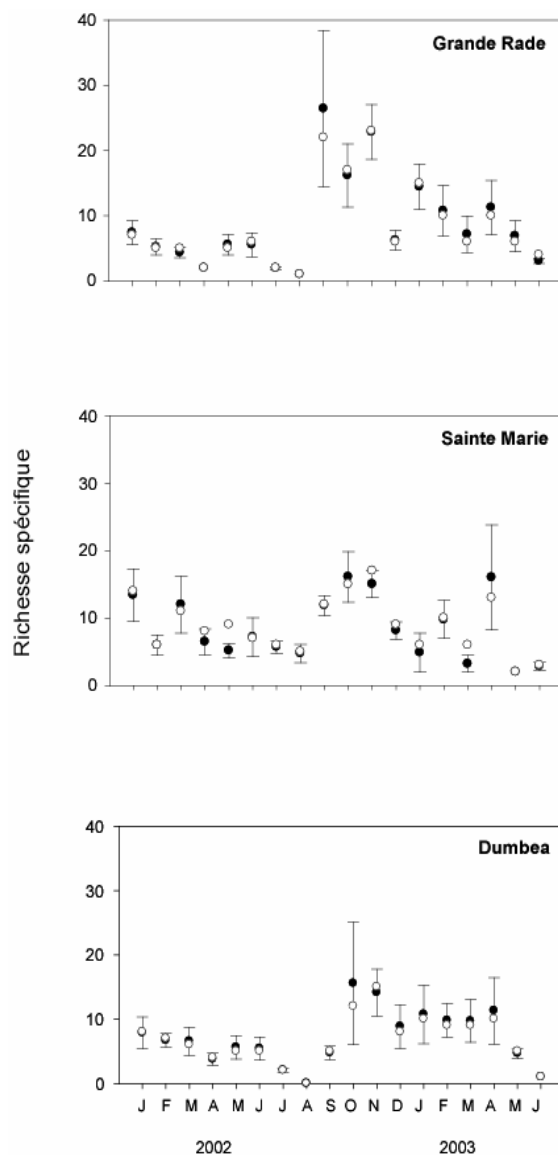


Figure 11 : Richesse spécifique observée (cercles vides) et estimée à l'aide de l'Abundance Coverage Estimator (cercles pleins), dans chaque baie et pour chaque mois de campagne. Les barres verticales correspondent aux déviations standard associées aux valeurs de ACE.

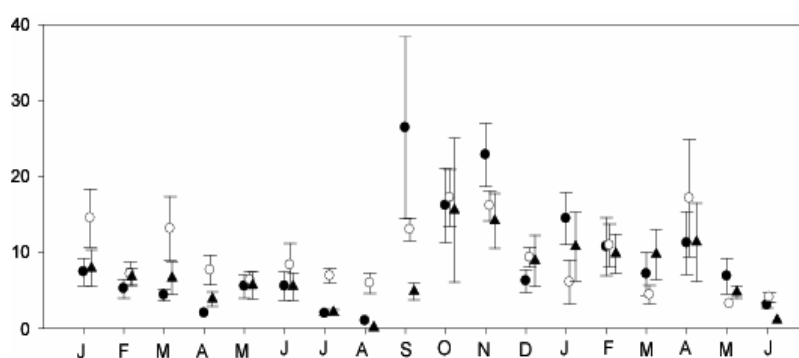


Figure 12 : Valeurs calculées de richesse spécifique (Abundance Coverage Estimator) pour chaque campagne et pour les trois baies d'étude, avec : cercles noirs : Grande Rade ; cercles blancs : baie de Sainte Marie ; triangles noirs : baie de Dumbea ; barres verticales : déviations standard associées aux valeurs de ACE.

3.3.1 Richesse spécifique

Dans chacune des trois baies, les richesses spécifiques calculées (Abundance Coverage Estimator) présentent des variations temporelles similaires avec trois phases distinctes (Figure 11). Une première période de huit mois, de janvier à août 2002, présente des valeurs estimées de richesse spécifique inférieures à 10 (moyenne estimée de 4,1 taxons en Grande rade ; 7,6 en baie de Sainte-Marie ; 4,7 en baie de Dumbéa), avec une tendance décroissante, et des minima en juillet et août 2002 dans les trois baies. Une seconde période s'étend de septembre à novembre 2002. Les valeurs de richesse y sont plus élevées (moyenne estimée de 21,8 taxons dans la Grande Rade, 14,3 dans la baie de Sainte-Marie et 11,5 dans la baie de Dumbéa). Une troisième période s'étend de décembre 2002 à juin 2003, avec une diminution globale des valeurs de richesse et un pic en avril 2003, plus ou moins marqué (moyenne estimée de 8,5 dans la Grande Rade ; 6,7 dans la baie de Sainte-Marie ; 8,0 dans la baie de Dumbéa). Les valeurs de richesse estimées et observées sont généralement proches mais les différences peuvent atteindre 4,4 taxons dans la Grande Rade, 3,8 dans la baie de Sainte-Marie et 3,5 dans la baie de Dumbéa. Les estimations de ACE s'accompagnent de fortes déviations standard, traduisant une grande variabilité dans les valeurs réelles de la richesse, ce qui n'apparaît pas dans le nombre de taxons par piège.

Les valeurs de richesse spécifique estimées diffèrent peu entre les trois baies, sauf en janvier, mars, septembre, et novembre 2002 et en janvier et avril 2003 (Figure 12). Ces six mois s'accompagnent de fortes valeurs de déviation standard. Les valeurs de richesse dans la baie de Sainte-Marie sont maximales 13 mois sur 18. La Grande rade est la plus diversifiée seulement quatre mois sur 18, et au moment où la diversité est maximale dans les échantillons soit en septembre et novembre 2002. A l'inverse, la baie de Dumbéa présente des valeurs de richesse minimales huit mois sur 18 et ne présente les valeurs de richesse spécifique les plus élevées qu'en mars 2003. La cartographie des valeurs de richesse spécifique observées pour chaque station d'échantillonnage a été réalisée pour les trois baies, de façon globale et pour chaque mois de campagne (Annexe 1).

3.3.2 Dominance dans les assemblages

Sur l'ensemble des campagnes de pêche, quatre taxons et trois familles dominent largement les échantillonnages (Figure 13). Dans la Grande Rade, sur les 66 taxons identifiés, les Clupéiformes dominent, avec deux familles : les Engraulididae (jeunes Engraulididae) et les Clupeidae (*Spratelloides gracilis*). Les familles des Pomacentridae et des Lethrinidae (Perciformes) font également partie des taxons dominants dans cette baie. Dans la baie de Sainte-Marie, parmi les 63 taxons identifiés, les Clupéiformes constituent trois des cinq taxons majeurs avec les Clupeidae (*S. gracilis* et Clupeidae sp.1) et les Engraulididae (*Encrasicholina* spp.). La famille des Atherinidae (*Hypoatherina temminckii*, Atheriniformes) y apparaît également parmi les taxons dominants. Dans la baie de Dumbéa, 50 taxons ont été recensés et les Clupéiformes y apparaissent aussi comme largement

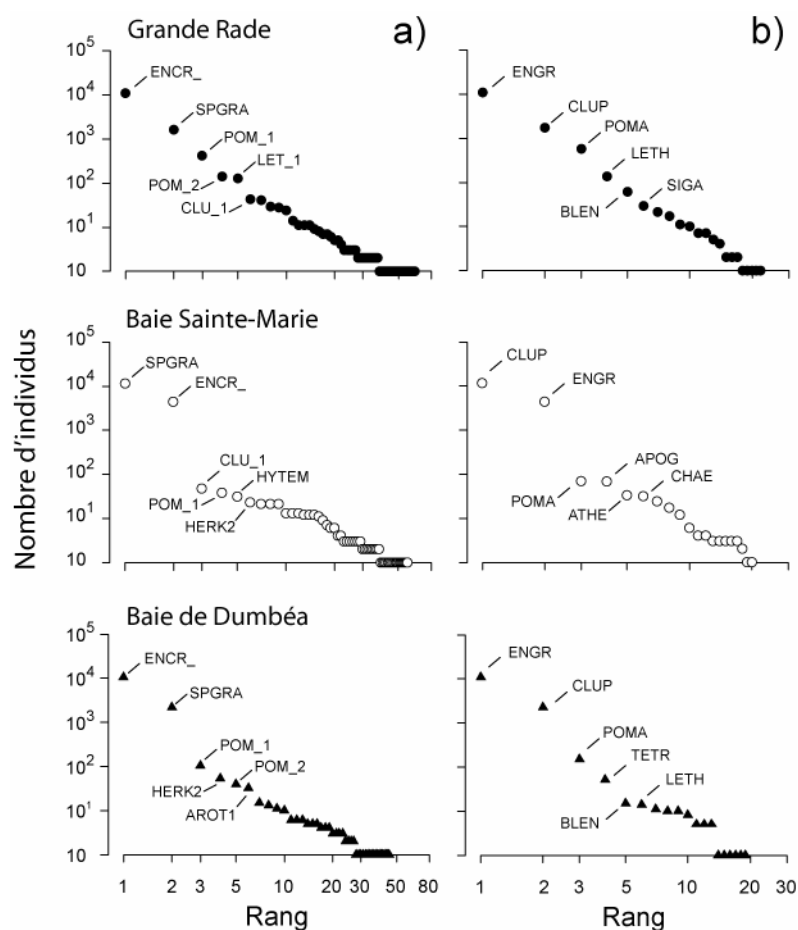


Figure 13 : Diagrammes rangs-abondances pour les taxons (a) et les familles (b) dans la Grande Rade, la baie de Sainte-Marie et la baie de Dumbéa. Seuls les codes des six taxons ou familles les plus abondants sont présentés. Pour la signification des codes, voir .

majoritaires avec la famille des Engraulididae (*Encrasicholina* spp.) et des Clupeidae (*S. gracilis* et *Herklotsichthys* sp.2), ainsi que la famille des Pomacentridae (Pomacentridae sp.1 et 2).

Si on exclut les petits pélagiques, les Perciformes, Atheriniformes et Tetraodontiformes constituent les taxons dominants dans les trois baies, avec six familles. Les Pomacentridae (Pomacentridae sp.1 et 2), Siganidae (*Siganus* sp.1) et Lethrinidae (Lethrinidae sp.1) sont bien représentés dans la Grande Rade et dans la baie de Dumbéa. Les Apogonidae (Apogonidae sp.4, 5, 6), Chaetodontidae (Chaetodontidae sp.5) et Atherinidae (*Hypoatherina temminckii*) ne sont abondants dans les assemblages qu'en baie de Sainte-Marie tandis que les Blenniidae (*Omobranchus* sp.1, Blenniidae sp.1) ne sont présents parmi les taxons les plus abondants qu'en Grande Rade. Les Tetraodontidae (*Arothron* sp.1, *Canthigaster* sp.1) n'apparaissent abondants qu'en baie de Dumbéa.

3.3.3 Patrons temporels d'abondance

Les variations temporelles des abondances totales par famille présentent une allure similaire dans les trois baies, avec une forte variabilité du nombre d'individus récoltés par piège (Figure 14). Les abondances maximales tous taxons confondus sont observées en octobre-novembre 2002 et janvier-février-mars 2003 dans la Grande Rade ; en septembre-octobre-novembre 2002 dans la baie de Sainte-Marie et en janvier-février-mars 2002 dans la baie de Dumbéa. Les abondances minimales sont observées en août 2002 dans la Grande Rade, en janvier-février-mars 2002 dans la baie de Sainte-Marie et en juillet-août 2002 dans la baie de Dumbéa. Globalement, les jeunes poissons apparaissent toute l'année dans les trois baies d'étude.

Trois patrons temporels d'abondances peuvent être distingués (Figure 14 et Figure 15). Le premier type concerne les familles dont les jeunes stades sont présents toute l'année dans les captures, avec des abondances variables au cours de l'année. Il s'agit des Engraulididae et Clupeidae (Figure 14) avec une variabilité des abondances plus importante au cours du temps pour ces derniers. A noter que cette variabilité est beaucoup moins marquée dans la baie de Sainte-Marie où les Clupeidae sont toujours présents en forte abondance dans les captures. Pour d'autres familles, les jeunes poissons s'observent exclusivement en début d'année. C'est le cas des Tetraodontidae (Figure 14), qui apparaissent du mois de janvier au mois de mai en 2002 et en 2003, et des Chaetodontidae (Figure 15) dont les jeunes ont été récoltés surtout entre les mois de janvier et mai 2002 et en début d'année 2003 dans la baie de Sainte-Marie. Enfin, certaines familles ne sont capturées qu'en fin d'année (septembre à novembre) : c'est le cas des Pomacentridae, des Lethrinidae et des Blenniidae (Figure 15). Les Apogonidae sont surtout présents dans la baie de Sainte-Marie, où ils sont capturés de juillet à décembre (Figure 15).

Les cartographies des valeurs d'abondance globale et par mois de campagne pour chaque station d'échantillonnage ont été réalisées pour les principales familles des assemblages (Annexe 2).

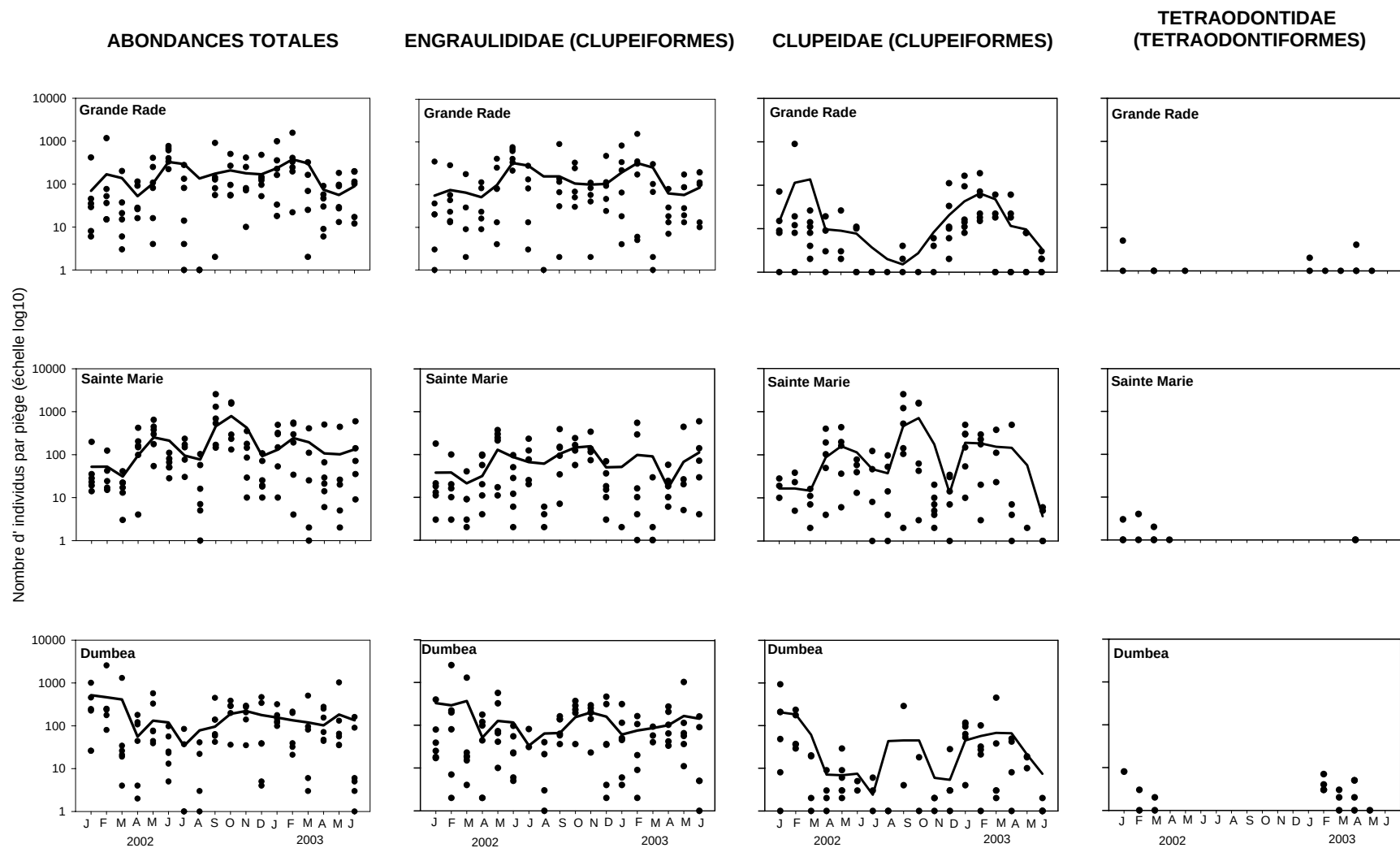


Figure 14 : Nombre d'individus par piège pour chaque mois de campagne dans les trois baies au total, chez les Clupéiformes et les Tetraodontiformes. Les courbes de tendance correspondantes (moyenne mobile) ont été tracées dès que les effectifs étaient suffisants. Les ordonnées sont représentées en échelle logarithmique de base 10.

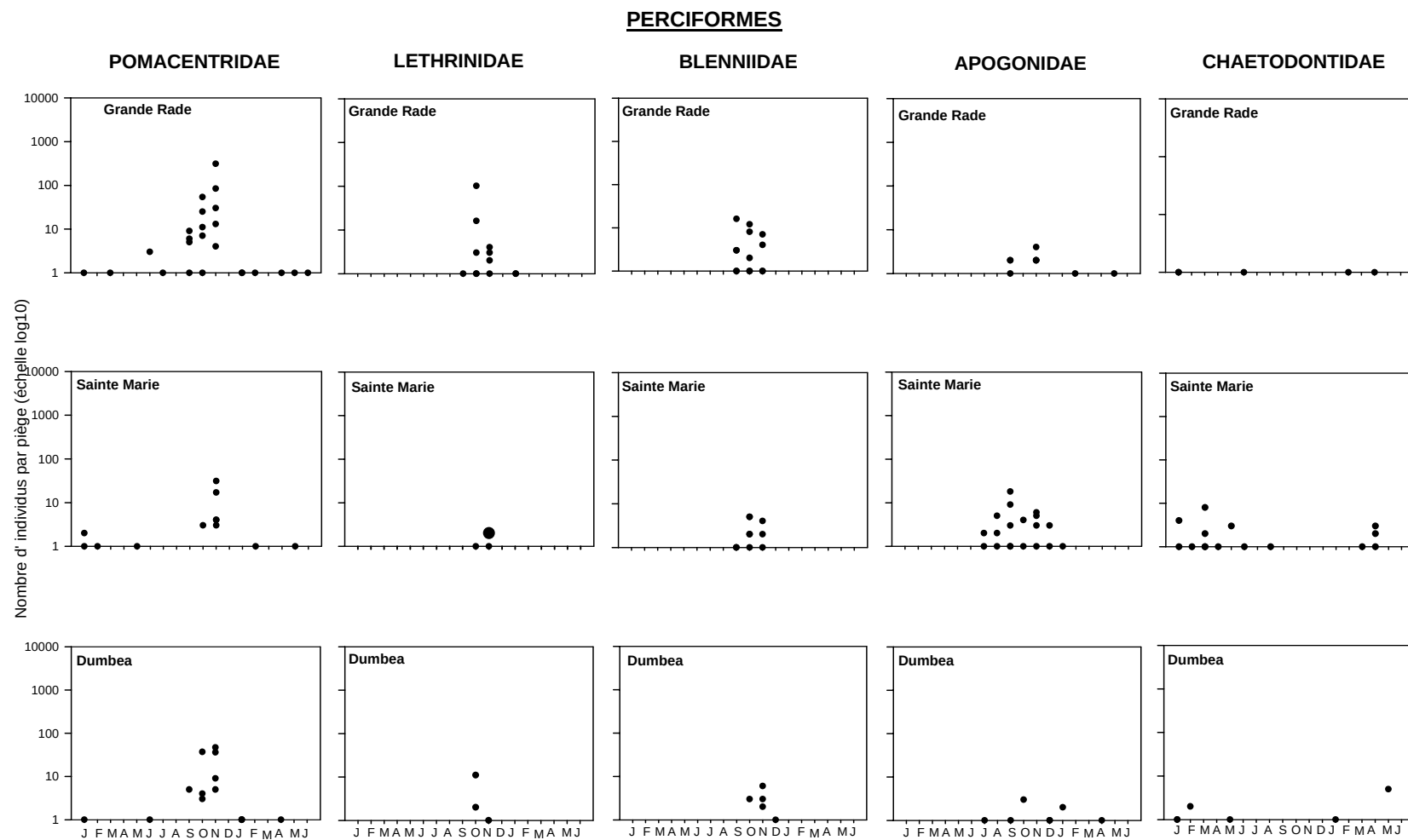


Figure 15 : Nombre d'individus par piège pour chaque mois de campagne dans les trois baies chez les Perciformes. Les ordonnées sont représentées en échelle logarithmique de base 10.

Tableau 7 : Résultats des analyses ANOSIM et des tests par paire (valeurs de R et probabilité P associée) et SIMPER à partir de l'abondance de tous les taxons dans les trois baies (GD: Grande Rade; SM: baie de Sainte-Marie; DU: baie de Dumbéa) et pour chaque campagne. Les résultats ne sont présentés que pour les campagnes pour lesquelles une différences significative ($P < 0.05$) entre baies a été observée et seulement pour les taxons présentant une contribution $> 10\%$. Voir Tableau 6 pour les codes des taxons.

Campagne	ANOSIM			SIMPER			
	R	P	Paire	R	P	Code	Contribution (%)
mai 2002	0.188	0.035	GR*SM	0.381	0.015	SPGRA	39.3
						ENCR_	34.6
juin 2002	0.406	0.010	DU*GR	0.574	0.040	ENCR_	59.7
						SPGRA	14.0
			DU*SM	0.183	0.039	SPGRA	33.4
						ENCR_	32.9
			GR*SM	0.491	0.006	ENCR_	48.0
						SPGRA	25.6
juillet 2002	0.702	0.001	DU*GR	0.778	0.029	ENCR_	53.2
						SPGRA	27.0
						APO_2	12.4
			DU*SM	0.785	0.018	ENCR_	55.0
						SPGRA	25.1
			GR*SM	0.638	0.016	SPGRA	37.2
						ENCR_	34.0
septembre 2002	0.375	0.001	DU*GR	0.161	0.024	ENCR_	20.1
						POM_2	12.2
						OMOB1	11.4
			DU*SM	0.626	0.002	SPGRA	47.9
						APO_4	11.2
			GR*SM	0.415	0.006	SPGRA	30.6
						ENCR_	10.4
octobre 2002	0.316	0.005	DU*SM	0.296	0.024	SPGRA	33.9
						ENCR_	13.9
			GR*SM	0.504	0.008	SPGRA	25.1
						LET_1	10.7
Décembre 2002	0.246	0.004	DU*SM	0.363	0.011	ENCR_	29.7
						HERK2	14.6
						SPGRA	13.2
			GR*SM	0.481	0.004	ENCR_	37.4
						CLU_1	11.4
						SPGRA	11.1
Janvier 2003	0.363	0.001	DU*SM	0.350	0.006	ENCR_	40.8
						SPGRA	19.8
			GR*SM	0.672	0.002	ENCR_	37.5
						SPGRA	19.1
Avril 2003	0.222	0.006	DU*GR	0.230	0.022	ENCR_	21.4
						CANT1	12.7
						SPGRA	10.5
			DU*SM	0.435	0.004	ENCR_	20.1
						SPGRA	14.0
						CANT1	10.1
Juin 2003	0.236	0.003	DU*SM	0.588	0.008	ENCR_	59.9
						SPGRA	27.7
						SPDEL	12.5

3.3.4 Analyse statistique des différences d'assemblages dans les trois baies

L'analyse de similarité inter-baie (ANOSIM) réalisée sur l'ensemble des taxons met en évidence des différences faunistiques significatives entre les baies d'étude pour neuf des 18 campagnes réalisées (Tableau 7). Les tests par paires montrent que c'est la baie de Sainte-Marie qui apparaît le plus fréquemment dans les paires de baies présentant des différences d'assemblages significatives. L'analyse des contributions des espèces (SIMPER) montre que ce sont les taxons de Clupéiformes (*Encrasicholina* spp., *Spratelloides gracilis*, *S. delicatulus*, *Herklotsichthys* sp.2 et Clupeidae sp.1) qui sont le plus souvent à l'origine de ces différences suivis par les taxons de Pomacentridae, d'Apogonidae, d'Atherinidae et de Tetraodontidae.

Tableau 8 : Effets de différents types de transformations et regroupements des données faunistiques sur les résultats de l'analyse STATICO, destinée à déterminer la part stable dans la dynamique de la relation entre environnement et jeunes poissons.

		K-tableau environnemental	K-tableau faunistique	% variance expliquée	Commentaire
1	Type de données	Données brutes	Données brutes, tous les taxons	Axe 1 : 42,37% Axe 2 : 22,12% Axe 3 : 12,47% Total sur trois axes : 76,95%	Résultats masqués par le poids des taxons de Clupéiformes (abondances très fortes)
	Opérations sur les données	Normalisation de Bouroche	Centrage par saisons (blocs) et par colonnes (taxons)		
2	Type de données	Données brutes	Données transformées en $\text{Log}_{10}(x+1)$, tous les taxons	Axe 1 : 24,46% Axe 2 : 14,47% Axe 3 : 11,79% Total sur trois axes : 50,72%	Bonne dispersion des observations dans l'espace factoriel
	Opérations sur les données	Normalisation de Bouroche	Centrage par saisons (blocs) et par colonnes (taxons)		
3	Type de données	Données brutes	Données brutes, taxons regroupés par familles	Axe 1 : 42,38% Axe 2 : 22,09% Axe 3 : 12,44% Total sur trois axes : 76,91%	Comme pour STATICO1
	Opérations sur les données	Normalisation de Bouroche	Centrage par saisons (blocs) et par colonnes (taxons)		
4	Type de données	Données brutes	Données transformées en $\text{Log}_{10}(x+1)$, taxons regroupés par familles	Axe 1 : 25,14% Axe 2 : 14,52% Axe 3 : 11,93% Total sur trois axes : 51,49%	Bonne dispersion des observations dans l'espace factoriel ANALYSE RETENUE
	Opérations sur les données	Normalisation de Bouroche	Centrage par saisons (blocs) et par colonnes (taxons)		

Tableau 9 : Les 11 variables environnementales utilisées dans l'analyse STATICO, avec les abréviations et unités correspondantes.

Abréviation	Variables	Unités
Temp.	1. Température moyenne (couche 0-5m)	°C
Sal.	2. Salinité moyenne (couche 0-5 m)	PSU
dT	3. Gradient de température (entre couche de surface : 0-50 cm, et couche de fond : 50 cm les plus profonds)	°C
dS	4. Gradient de salinité (entre couche de surface : 0-50 cm, et couche de fond : 50 cm les plus profonds)	PSU
Dist SF	5. Distance surface-fond	m
Dist côte	6. Distance à la côte	km
Marn.	7. Marnage le jour de l'échantillonnage	m
Pluvio.	8. Pluviométrie le jour de l'échantillonnage	mm.j ⁻¹
Ensoleil.	9. Ensoleillement le jour de l'échantillonnage	J.cm ⁻² .j ⁻¹
VVM	10. Vitesse moyenne horaire du vent le jour de l'échantillonnage	m.s ⁻¹
DVM	11. Direction moyenne du vent (vent maximal, intégration sur 10 min) le jour de l'échantillonnage	° (degrés)

3.4 Relations environnement - jeunes poissons

3.4.1 Relation environnement – assemblages pour tous les jeunes poissons

Composition des tableaux analysés

Les données environnementales et faunistiques ont été réparties en 18 paires de tableaux, un pour chaque mois de campagne. Plusieurs types de transformations et regroupements des données faunistiques ont été tentés avant d'effectuer l'analyse finale (Tableau 8). Le nombre d'observations est égal dans une même paire mais varie d'une campagne à l'autre (entre 15 et 18 échantillons par campagne). Le nombre de variables environnementales et le nombre de taxons sont constants pour toutes les campagnes. Les variables environnementales étudiées sont au nombre de 11 (Tableau 9). L'analyse retenue porte sur les données d'abondance regroupées par familles, correspondant ainsi à un total de 25 variables biologiques (Tableau 10).

Tableau 10 : Les 25 familles de jeunes poissons intégrées dans l'analyse STATICO, avec les abréviations et effectifs totaux correspondants.

Abréviations	Familles	Effectifs
Acan	1. Acanthuridae	4
Aplo	2. Aploactinidae	3
Apog	3. Apogonidae	95
Ath	4. Atherinidae	45
Ble	5. Blenniidae	100
Car	6. Carangidae	1
Chae	7. Chaetodontidae	47
Clu	8. Clupeidae	15 475
Engr	9. Engraulidae	25 969
Gob	10. Gobiidae	8
Let	11. Lethrinidae	154
Mona	12. Monacanthidae	15
Mul	13. Mullidae	5
Pem	14. Pempheridae	1
Pla	15. Platycephalidae	1
Ple	16. Plesiopidae	1
Poma	17. Pomacanthidae	1
Pom	18. Pomacentridae	795
Scom	19. Scombridae	13
Ser	20. Serranidae	18
Siga	21. Siganidae	42
Sphy	22. Sphyraenidae	2
Syn	23. Syngnathidae	11
Tetra	24. Tetraodontidae	90
Tri	25. Tripterygiidae	19

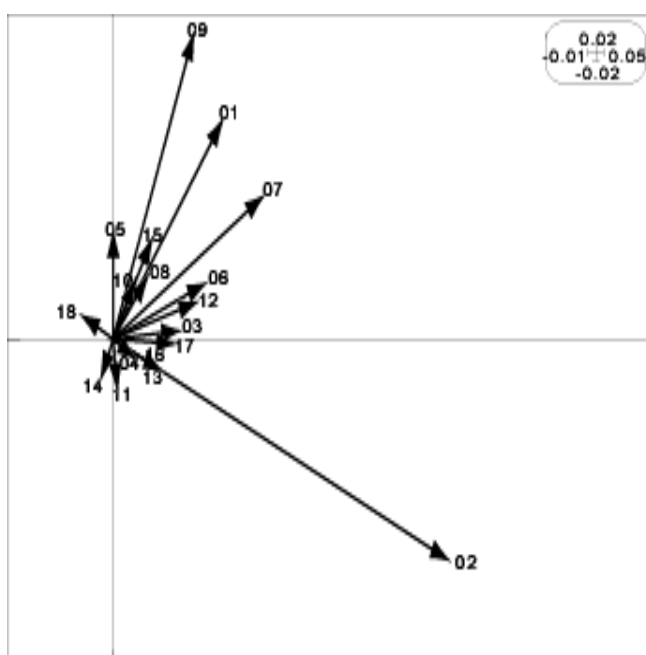


Figure 16 : Carte factorielle de l'interstructure dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO (axe 1 : 25,14% de la variance; axe 2 : 14,52%). Cette carte montre l'importance de chaque date d'échantillonnage sur le compromis. Les campagnes sont numérotées de 1 : janvier 2002, à 18 : juin 2003.

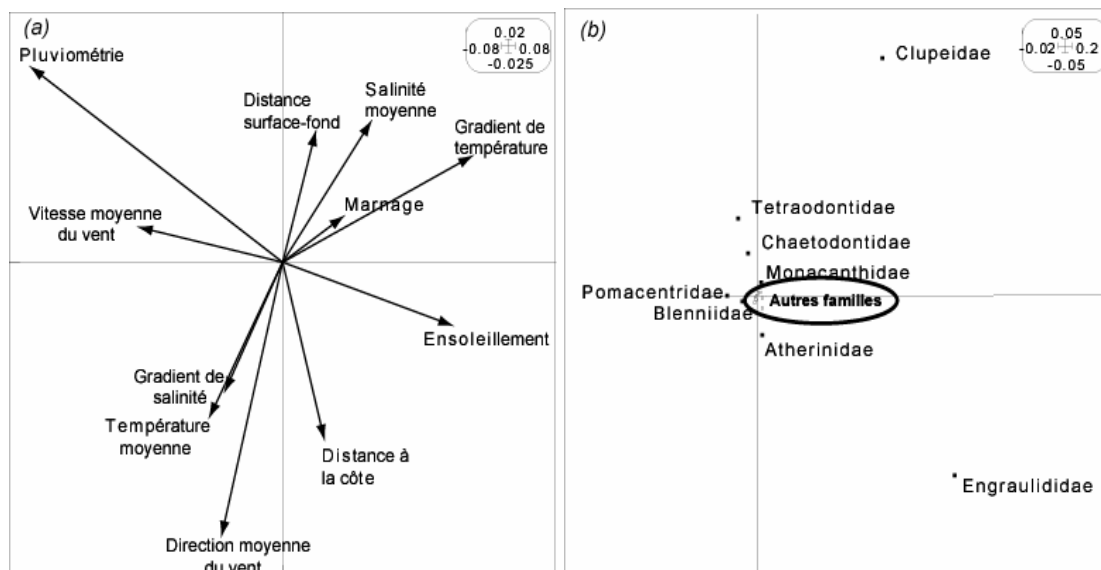


Figure 17 : Cartes factorielles du compromis dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO : a) variables environnementales ; b) familles de jeunes poissons. Cette figure représente la part stable de la relation environnement - jeunes poissons.

Interstructure saisonnière

La carte factorielle de l'interstructure (Figure 16) permet d'établir une hiérarchie des dates d'échantillonnage en fonction de leur poids sur le compromis final de l'analyse. C'est en février 2002 que la relation environnement - jeunes poissons est la plus forte (flèche la plus longue). Puis la co-structure est très marquée en septembre, janvier et juillet 2002 dans l'ordre décroissant de leur importance sur le compromis, suivis par les mois de mai, juin 2002 et mars 2003.

Compromis final

Les cartes factorielles du compromis pour les variables environnementales et pour les familles (Figure 17) représentent la part constante, c'est-à-dire non variable dans le temps, de la relation entre environnement et jeunes poissons. Les variables qui jouent le plus sur le compromis sont, par ordre décroissant de leur contribution, la direction moyenne du vent, la distance à la côte, la température moyenne de l'eau en surface (0-5 m), la salinité moyenne de l'eau en surface (0-5m), la distance surface - fond et le gradient de salinité sur l'axe 1. Sur l'axe 2, il s'agit de la pluviométrie, du gradient de température, de l'ensoleillement et de la vitesse moyenne du vent (Figure 17).

Le compromis met en évidence que les abondances de quelques familles peuvent être associées à des conditions de milieu particulières malgré la variabilité temporelle existante dans la relation entre jeunes poissons et environnement (Figure 17). Les Clupeidae et Engraulididae sont opposées par rapport à l'axe 2. Ces deux familles sont donc abondantes pour des conditions environnementales différentes. Les Clupeidae sont présents surtout dans des eaux salées et fraîches, thermiquement stratifiées, lorsque les vents présentent des directions de faible valeurs en degrés, soit entre 0 et 90° (secteur Nord-Est). Les Engraulididae sont plutôt abondants lorsque l'ensoleillement est important, la pluviométrie et la vitesse moyenne du vent sont faibles et pour des stations les plus éloignées des côtes. Les Tetraodontidae présentent des abondances supérieures lorsque la pluviométrie est importante, ainsi que les Chaetodontidae et Monacanthidae mais de façon moins marquée. Les Pomacentridae et Blenniidae semblent favorisées par des vitesses moyennes de vent modérées à fortes mais sont difficilement distinguables dans l'espace factoriel. Les Atherinidae sont présents surtout aux stations éloignées des côtes.

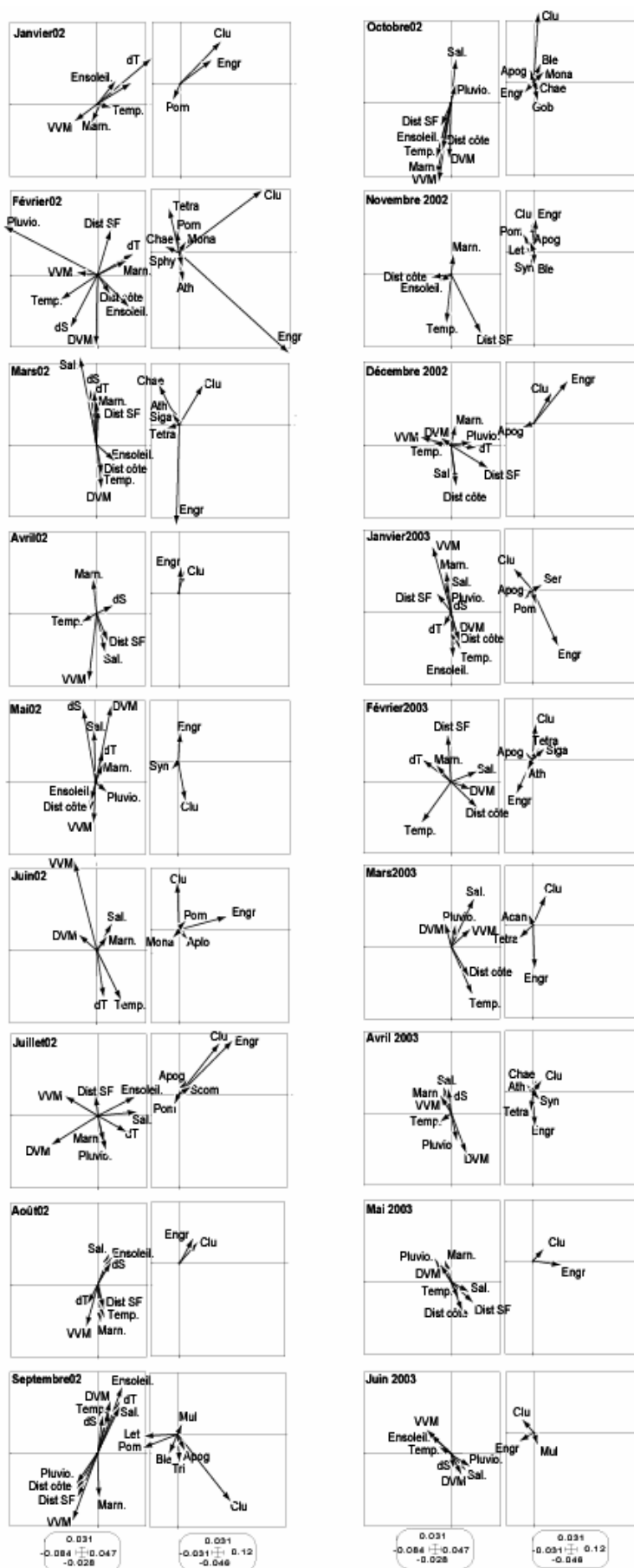


Figure 18 : Cartes factorielles des compromis entre environnement et jeunes poissons à chaque date : projections des 11 variables environnementales (à gauche) et des 25 familles de jeunes poissons (à droite) dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO (axe 1 : 25,14% de la variance ; axe 2 : 14,52%) pour chaque mois de campagne, de janvier 2002 à juin 2003. Pour chaque mois, certaines variables et certaines familles, proches de l'origine des axes sont indistinguables. Ces variables et familles qui ne jouent aucun rôle dans la représentation graphique ont été éliminées. Voir Tableau 9 et Tableau 10 pour la signification des abréviations.

Compromis à chaque date

La relation entre environnement et assemblages peut être étudiée de façon plus détaillée pour chaque mois de campagne, à la manière d'analyses de co-inertie successives pour chaque date (Figure 18). Outre la forte saisonnalité qui caractérise les variables environnementales, l'interstructure marquée entre les deux jeux de données au mois de janvier, février, juillet et septembre 2002 s'exprime dans les cartes factorielles du compromis pour chaque date, avec des flèches de longueur supérieure pour ces quatre mois (Figure 18). La structure des données environnementales est beaucoup moins nette pour les autres mois de l'année. La structure des données faunistiques est également variable au cours du temps, avec une nette prédominance des Clupeidae et Engraulididae pour toutes les campagnes.

Cependant, la structuration des assemblages aux mois de septembre, octobre et surtout novembre 2002 s'appuie principalement sur des familles de Perciformes. C'est également aux mois de février, septembre, octobre et novembre 2002 que les familles qui jouent un rôle majeur dans la structuration des assemblages sont les plus nombreuses. Les Pomacentridae et Apogonidae interviennent sept fois sur les 18 mois de campagne en tant que familles majeures dans la réalisation du compromis, contre cinq fois pour les Tetraodontidae, quatre fois pour les Chaetodontidae et Atherinidae, trois fois pour les Syngnathidae, Monacanthidae et Blenniidae, deux fois pour les Siganidae, Mullidae et Lethrinidae et une fois pour les Sphyraenidae, Gobiidae et Acanthuridae.

3.4.2 Relation environnement – assemblages pour les jeunes poissons récifaux

Composition des tableaux analysés

Les Clupéiformes étant nettement prédominants dans les assemblages, la même analyse a été conduite de nouveau en les excluant. Comme précédemment, les données environnementales et faunistiques ont été réparties en 18 paires de tableaux, un pour chaque mois de campagne. Les données biologiques ont été regroupées en 23 familles (25 familles moins les Clupeidae et les Engraulididae), et transformées en $\text{Log}_{10}(x+1)$. Le pourcentage de variance dans les données expliqué par l'analyse est de 28,43% sur le premier axe factoriel, 25,60% sur le second (soit 54,02% de la variance expliqués par les deux premiers axes) et 14,82% sur le troisième.

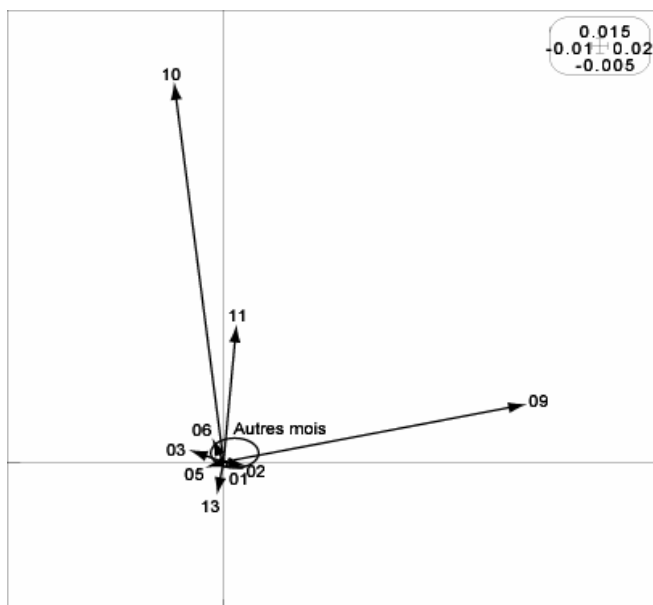


Figure 19 : Carte factorielle de l'interstructure dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO sans les Clupéiformes (axe 1 : 28,43% de la variance; axe 2 : 25,60%). Cette carte montre l'importance de chaque date d'échantillonnage sur le compromis. Les campagnes sont numérotées de 1 : janvier 2002, à 18 : juin 2003.

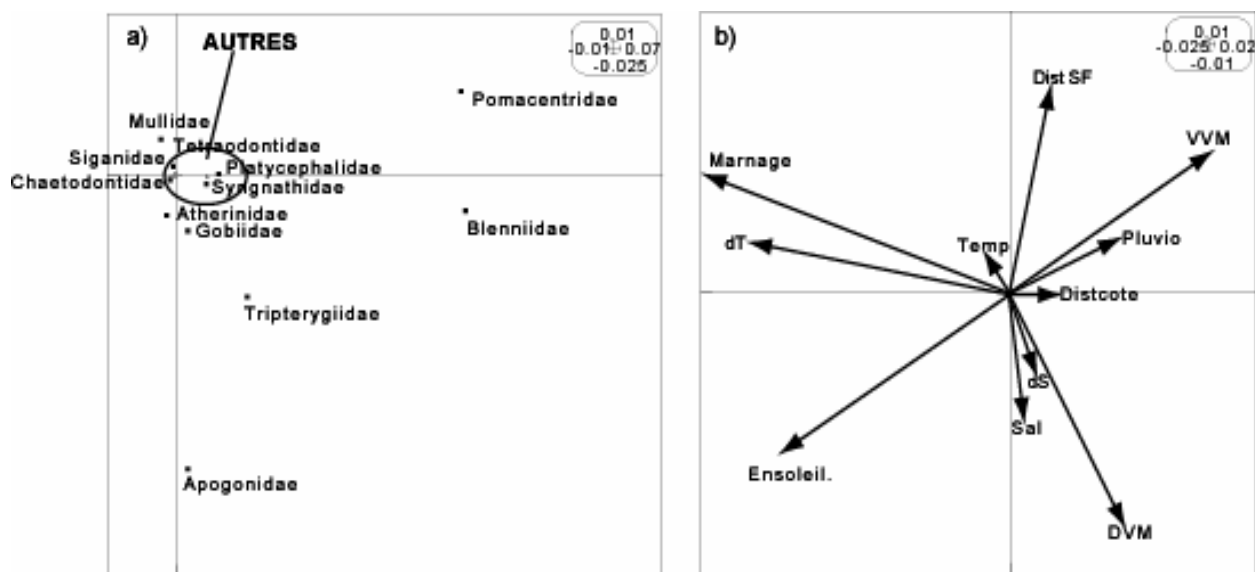


Figure 20 : Cartes factorielles du compromis final dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO sans les Clupéiformes (axe 1 : 28,43% de la variance ; axe 2 : 25,60%) : a) variables environnementales ; b) familles de jeunes poissons. Cette figure montre la part stable de la relation environnement - jeunes poissons.

Interstructure saisonnière

C'est aux mois de septembre, octobre et novembre 2002 que la relation liant environnement et assemblages de jeunes poissons récifaux est la plus forte (Figure 19). Les mois de janvier 2003, et février, mars, mai et juin 2002 apparaissent également mais sont d'une importance moindre pour le compromis.

Compromis final

Les variables qui jouent le plus sur le compromis sont, par ordre décroissant de contribution, la direction moyenne du vent, la distance surface - fond, la salinité moyenne de l'eau en surface (0-5 m), le gradient de salinité entre la surface et le fond, et la température moyenne de l'eau en surface (0-5 m). Sur l'axe 2, il s'agit du marnage le jour de l'échantillonnage, de la vitesse moyenne du vent, du gradient de température entre la surface et le fond, de l'ensoleillement et de la pluviométrie (Figure 20).

Plus de la moitié des familles prises en compte dans l'analyse se distinguent nettement dans l'espace factoriel, avec seulement 11 familles regroupées dans un nuage central peu lisible (Figure 20). Les Pomacentridae et les Blenniidae sont les plus isolées dans l'espace factoriel. Elles s'opposent l'une à l'autre par rapport à l'axe 2, ce qui suggère des préférences différentes pour les variables environnementales les mieux représentées sur cet axe. Les Pomacentridae sont présents surtout quand les vitesses moyennes de vent, la distance surface - fond et la pluviométrie sont fortes (Figure 20). Les Apogonidae sont également bien isolés dans l'espace factoriel, et présentent des abondances importantes lorsque les directions de vent présentent des valeurs supérieures à 180° (secteur Ouest) et lorsque l'ensoleillement et la salinité de l'eau en surface sont importants. Les Tripterygiidae présentent une position intermédiaire à celles des Blenniidae et Apogonidae, mais sont plus facilement corrélés à des eaux fraîches, salées avec une stratification saline, et des distances à la côte élevées. Les autres familles représentées sont beaucoup moins bien différenciées sur les axes 1 et 2. Toutefois, les Siganidae, Chaetodontidae, Mullidae et Atherinidae semblent favorisées par un marnage et un gradient de température importants, tandis que les Platycephalidae, Syngnathidae, et Gobiidae, opposés aux familles précédentes le long de l'axe 1, sont plutôt présents pour des faibles valeurs de ces variables.

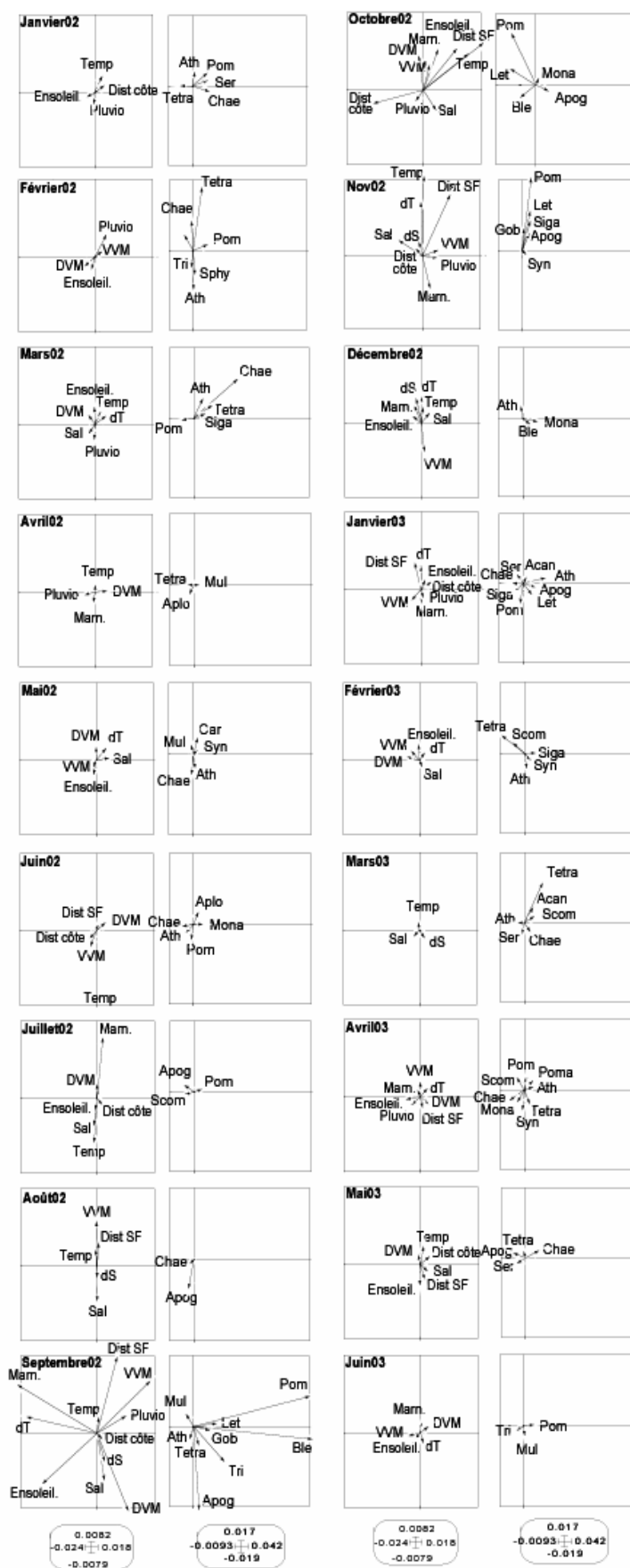


Figure 21 : Cartes factorielles des compromis entre environnement et jeunes poissons à chaque date pour l'analyse STATICO sans les Clupéiformes : projections des 11 variables environnementales (à gauche) et des 23 familles de jeunes poissons (à droite) dans l'espace factoriel 1-2 de l'analyse STATICO (axe 1 : 28,43% de la variance ; axe 2 : 25,60%) pour chaque mois de campagne, de janvier 2002 à juin 2003. Pour chaque mois, certaines variables et certaines familles, proches de l'origine des axes étaient indistinguables. Ces variables et familles ne jouant aucun rôle dans la représentation graphique, elles ont été éliminées. Voir Tableau 9 et Tableau 10 pour la signification des abréviations.

Compromis à chaque date

Les résultats de l'interstructure saisonnière sont confirmées par ceux de la co-structure par dates (Figure 21), avec une relation environnement - assemblages plus forte en septembre, octobre et novembre 2002, expliquée majoritairement par les Pomacentridae, Lethrinidae et Apogonidae présents dans les trois cas, et Gobiidae et Blenniidae deux fois sur trois. La structure des données biologiques est également variable dans le temps, peu marquée neuf mois sur 18 et bien définie en début (février-mars 2002 et 2003) et en fin d'année (septembre à novembre 2002). Les données environnementales qui y sont associées présentent une structure marquée surtout de septembre à novembre. Les Pomacentridae, Atherinidae, Chaetodontidae et Tetraodontidae sont les familles qui interviennent le plus souvent dans la structuration des assemblages (entre neuf et 11 fois sur les 18 mois de campagne). Les Apogonidae interviennent sept fois, contre cinq pour les Monacanthidae, quatre pour les Serranidae, Siganidae, Mullidae, Scombridae et Syngnathidae. Les Lethrinidae, Blenniidae et Gobiidae apparaissent également entre deux et quatre fois dans l'analyse, à la période où l'interstructure avec les données environnementales est la plus forte, soit en septembre-octobre-novembre 2002 et janvier 2003.

4. Discussion

Les dix-huit campagnes d'échantillonnage dans les trois baies étudiées ont permis d'obtenir les stades jeunes de 26 familles de poissons récifo-lagonaires. Ces 26 familles représentent 22% des familles présentes dans le lagon et 36% de celles connues pour peupler les fonds de baies dans cette zone (M. Kulbicki, IRD Nouméa, comm. pers.). Sur ces 26 familles, 20 sont connues pour être présentes en fond de baie aux stades jeunes comme à l'âge adulte (M. Kulbicki, IRD Nouméa, comm.pers). Seules parmi ces 26 familles, les Aploactinidae, Pempheridae, Tripterygiidae et Monacanthidae semblent passer des zones côtières lorsqu'ils sont jeunes au milieu lagonaire proprement dit à l'âge adulte (M. Kulbicki, IRD Nouméa, comm.pers).

Avec 26 familles identifiées, les assemblages de jeunes poissons dans les trois baies étudiées sont proches de ceux observés dans d'autres endroits du monde avec la même technique d'échantillonnage. Dennis et al. (1991) recensent 24 familles dans les zones côtières de Puerto Rico, Sponaugle & Cowen (1996) en récoltent 31 sur les côtes de La Barbade (Antilles), Meekan et al. (2001) en ont identifié 31 au Nord-Ouest de l'Australie et Milicich (1988) en recense 24 à Lizard Island, sur la Grande Barrière de Corail.

Parmi ces 26 familles, les Clupeidae et les Engraulididae sont les plus abondamment représentés dans les trois baies et ce, pendant toute la période d'échantillonnage. Parmi les autres familles, les Pomacentridae et les Apogonidae sont dominants suivies par les Lethrinidae, les Siganidae, les Blenniidae, les Tetraodontidae puis les Atherinidae et les Chaetodontidae. Les échantillonnages réalisés avec la même technique sur la Grande Barrière Australienne (Doherty 1987 ; Milicich 1988, 1994 ; Choat et al. 1991 ; Milicich & Doherty 1994 ; Meekan et al. 2001), à La Barbade (Sponaugle & Cowen 1996) et à Puerto Rico (Dennis et al. 1991) présentent des résultats sensiblement différents de ceux obtenus pour les trois baies étudiées en Nouvelle-Calédonie. En effet, Sponaugle & Cowen (1996) observent une majorité de Perciformes dans les zones côtières près de La Barbade, où dominent les Atherinidae, les Blenniidae, les Pomacentridae et les Scaridae. Les Engraulididae sont très peu représentés dans leurs échantillons. Meekan et al. (2001) ont récolté une majorité de Pomacentridae, Lethrinidae, Blenniidae et Mullidae et très peu d'Engraulididae. De même, Milicich (1988, 1994) observe une nette dominance de Pomacentridae et la présence de Lethrinidae, Apogonidae, Blenniidae et Mullidae, les abondances d'Engraulididae étant relativement mineures. Les Clupeidae dominent par contre les assemblages récoltés dans la Mer des Caraïbes (Dennis et al. 1991) ainsi que sur les côtes d'Afrique du Sud (Beckley & Naidoo 2003).

Les Apogonidae, Atherinidae, Blenniidae, Clupeidae, Gobiidae et Pomacentridae, dont des jeunes ont été récoltés dans les baies d'étude, sont connus pour rester dans les lagons d'atolls de Polynésie aux stades larvaires (Leis 1991 ; Leis et al. 2003), tout en étant aussi capables de passer cette phase en milieu océanique (Leis 1991). A l'inverse, les jeunes Carangidae, Labridae, Acanthuridae,

Chaetodontidae, Serranidae et Blenniidae qui ont été capturés dans le cadre de cette étude sont connus pour être présents exclusivement dans les zones océaniques de Polynésie (Leis 1991).

Une forte saisonnalité dans la structure des assemblages a été mise en évidence. Ainsi les Tetraodontidae et Chaetodontidae apparaissent plutôt de janvier à avril ce qui n'avait jamais été observé avant car les individus ces deux familles sont généralement récoltés en trop faibles quantités pour pouvoir établir une dynamique temporelle d'occurrence claire. Les Pomacentridae, Lethrinidae, Blenniidae et Apogonidae sont plutôt capturés de septembre à novembre ce qui rejoint les observations de Milicich (1988) sur les abondances maximales de Pomacentridae et Lethrinidae en décembre à Lizard Island et celles de Milicich & Doherty (1994) sur les pics d'abondance de la plupart des familles de Perciformes aux mois de novembre à décembre sur cette même île. McIlwain (2003) observe des Blenniidae en abondance aux mois de décembre et janvier, et des Apogonidae en décembre à Ningaloo Reef (Australie). Les patrons temporels d'abondance de ces quatre familles : Pomacentridae, Lethrinidae, Blenniidae et Apogonidae, semblent donc peu variables géographiquement. Malgré une variabilité interannuelle élevée, Milicich & Doherty (1994) ont déjà montré une similitude des variations temporelles d'abondances de jeunes poissons de différents taxons. Cette similarité d'apparition des jeunes poissons suggère que des facteurs environnementaux communs influencent la dynamique des assemblages de jeunes poissons (Sponaugle & Cowen 1996). La similitude entre les périodes d'apparition des jeunes observées dans cette étude et ceux de la littérature peut s'expliquer par le fait que les pics d'apparition des jeunes sont liés à la biologie de reproduction des adultes (Leis & McCormick 2002), elle-même conditionnée pour chaque taxon par des facteurs abiotiques identiques quelle que soit la localisation géographique.

C'est dans la Grande Rade que s'observe la diversité la plus importante avec 66 taxons contre 63 en baie de Sainte-Marie et 50 en baie de Dumbéa. En termes d'abondances, c'est la baie de Sainte-Marie qui présente les valeurs les plus élevées avec 16 130 jeunes poissons récoltés au cours des 18 mois de campagne, contre 13 518 en Grande Rade et 13 354 en baie de Dumbéa. Pourtant l'analyse en composante principale réalisée sur les données environnementales n'avait pas permis de mettre en évidence des différences entre les trois baies. Ceci suggère que ces différences entre assemblages pourraient être liées à des facteurs environnementaux qui n'ont pas été traités dans l'analyse. Parmi ces facteurs, on peut penser que le temps de rétention des eaux joue un rôle important. Ainsi, la Grande Rade, de par son orientation, est abritée des vents dominants de Sud-Est ce qui entraîne un hydrodynamisme faible et un temps de renouvellement des eaux élevé (A. Jouon, IRD Nouméa, comm. pers). Ce temps de renouvellement élevé pourrait soit influencer directement les assemblages de jeunes poissons en les concentrant dans la baie, soit les influencer indirectement en accumulant leur nourriture. En effet, un temps de résidence élevé et un hydrodynamisme faible favorisent une structuration verticale de la colonne d'eau ce qui permet le maintien de la couche photique en surface.

La production primaire serait alors plus importante et pourrait être à l'origine d'une forte production zooplanctonique, source de nourriture principale des jeunes poissons.

En terme de structure des assemblages de jeunes poissons, c'est le plus souvent la baie de Sainte-Marie qui s'avère différente des autres et ce sont les Clupeidae, Pomacentridae et Apogonidae qui sont le plus souvent à l'origine de ces différences. Les Clupeidae sont présents toute l'année dans cette baie, mais la variabilité temporelle de leurs abondances y est plus élevée que dans les deux autres baies d'étude. Ces différences peuvent aussi s'expliquer par l'orientation particulière de cette baie. La baie de Sainte-Marie est en effet la plus exposée aux vents dominants et le temps de renouvellement des eaux y est minimal (A. Jouon, IRD Nouméa, comm. pers). Le fait que les abondances totales soient maximales dans cette baie pourrait être due à l'action presque permanente de vents forts et à son exposition aux vents de secteur ouest qui semblent favoriser la présence de certains taxons dominants des assemblages dans cette baie tels que les Pomacentridae et Apogonidae comme le montre l'analyse finale STATICO. L'influence des courants locaux liés aux vents sur la distribution des assemblages de jeunes poissons a également été observée à One Tree Island, sur la Grande Barrière de Corail australienne, où Kingsford & Finn (1997) ont montré que les courants circulaires locaux liés à la morphologie du récif avaient tendance à concentrer les larves de poissons près des zones récifales.

Les analyses triadiques partielles STATICO réalisées dans cette étude mettent en évidence que la relation entre la structure des assemblages de jeunes poissons et l'environnement dans les trois baies d'étude est particulièrement marquée en février et septembre 2002 tous taxons confondus, et en septembre, octobre et novembre 2002 si les Clupéiformes ne sont pas pris en compte. Ainsi, la co-structure observée en février 2002 n'est liée qu'à la présence des Clupéiformes dans les assemblages, alors que les mois de septembre, octobre et novembre 2002 correspondent au pic d'abondance de la majorité des familles de Perciformes.

Certains des facteurs de l'environnement qui influencent le plus la structure des assemblages de jeunes poissons dans les trois baies d'étude ont un rôle équivalent sur les assemblages que les Clupéiformes soient ou non inclus dans l'analyse. C'est le cas de la direction moyenne du vent, de la distance surface fond et de la température et salinité moyenne de l'eau en surface. La vitesse moyenne du vent a plus d'importance lorsque les Clupéiformes sont exclus des analyses. De nombreuses hypothèses ont été émises dans la littérature concernant le rôle des facteurs physiques sur les déplacements des jeunes poissons et la structure spatiale de leurs assemblages. L'influence de la direction moyenne des vents sur la structure des assemblages des jeunes poissons a été abordée à Lizard Island par Milicich et al. (1992). Ils y ont observé que certaines espèces étaient plus abondantes dans des habitats sous le vent alors que d'autres étaient plutôt présentes dans les zones exposées au vent. Milicich (1994) y a également montré que les abondances de Pomacentridae, Apogonidae et Blenniidae dépendent davantage de l'effet du vent que du flux larvaire annuel. A One Tree Island, Kingsford & Finn (1997)

ont montré que les pics d'abondance de certaines espèces sont liés à la fois à l'effet des cycles lunaires mais aussi principalement aux périodes où les vents sont les plus forts et sont dirigés vers la côte. Newman et al. (1997) ont par ailleurs montré que les assemblages de Lutjanidae, Lethrinidae et Serranidae (Epinephelinae) diffèrent selon qu'ils occupent des pentes récifales au vent ou sous le vent. Enfin Thorrold et al. (1994a, b), à Lee Stocking Island aux Bahamas, a observé une relation forte entre le stock larvaire de certains taxons et les vents côtiers à de petites échelles de temps et un lien encore plus marqué avec les vents parallèles à la côte qui agissent sur de plus longues périodes.

Les analyses ont également montré que le marnage joue un rôle important pour les familles autres que les Clupeidae et Engraulididae. Ainsi les Siganidae, Chaetodontidae, Mullidae et Atherinidae sont plus abondants lorsque les marnages sont importants. Ce lien peut s'expliquer par la coïncidence dans le temps entre le pic d'abondance de ces familles, lié à la fois à des facteurs physiques mais aussi aux caractéristiques biologiques propres aux espèces, et les plus forts coefficients de marée qui sont enregistrés entre septembre et octobre. Les périodes de fort marnage s'accompagnent d'une intensification des courants entrants et sortants dans le lagon et les courants tidaux ont été reportés dans la littérature comme ayant une influence importante sur la structuration des assemblages de jeunes poissons récifaux. Ainsi Sponaugle & Cowen (1996) ont émis l'hypothèse que la variabilité temporelle et spatiale de ces courants pouvait être à l'origine des distributions spatiales de l'ichtyoplancton dans les zones côtières de La Barbade. Les déplacements larvaires se feraient vers la côte ou vers le large selon l'état de la marée et les pics d'abondance proviendraient d'une synchronisation comportementale ou passive avec les cycles lunaires et tidaux. De manière identique, Wilson (2003) a observé que les abondances de jeunes poissons sur la côte caribéenne de Panama sont maximales au milieu de la marée descendante et minimales en marée montante.

Tableau 11 : Tailles observées (mm) des jeunes de sept familles de poissons récifo-lagonaires capturés en Australie (Kigsford & Finn 1997), en Polynésie (Leis et al. 2003) et en Nouvelle-Calédonie (cette étude).

Famille	Taille (mm)		
	One Tree Island Australie	Polynésie	Nouvelle-Calédonie
Clupeidae		2,4 – 6,3	13,7 – 114,5
Apogonidae	3,0 – 29,0	1,2 – 4,2	5,0 – 42,8
Lethrinidae		1,6 – 6,5	8,0 – 21,2
Chaetodontidae		1,3 – 2,7	8,1 – 11,0
Pomacentridae	3,0 – 14,2	1,3 – 4,8	5,4 – 36,5
Blenniidae	3,0 – 42,0	1,2 – 1,9	8,5 – 17,0
Gobiidae	2,0 – 43,0	1,5 – 10,1	9,3 – 10,8

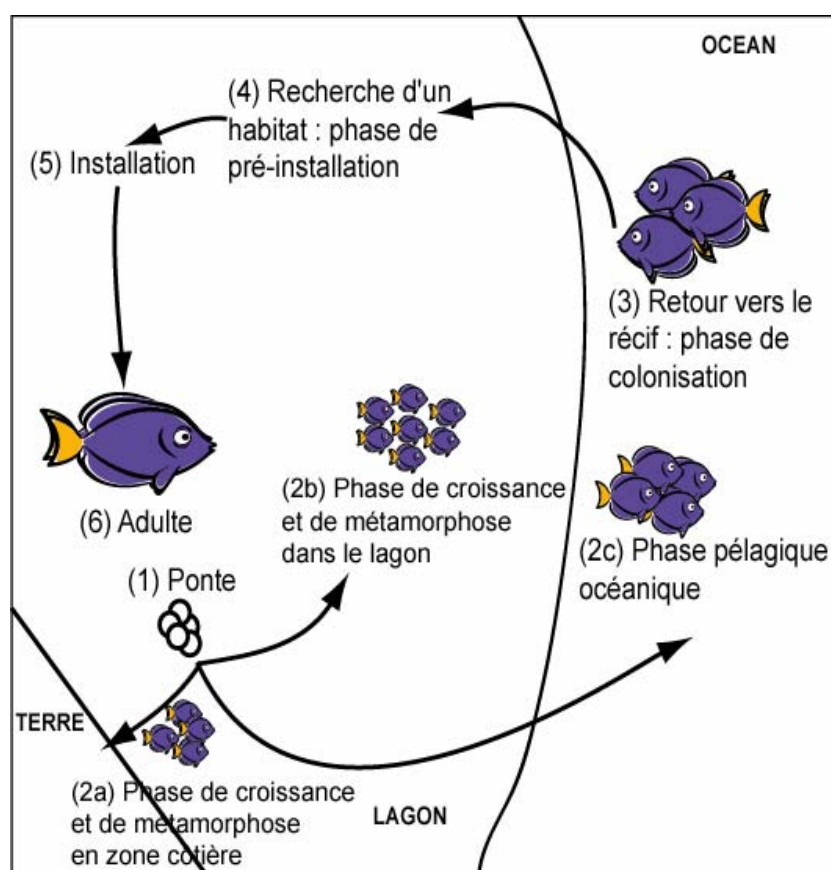


Figure 22 : Proposition d'un schéma général du cycle de vie des poissons récifo-lagonaires en Nouvelle-Calédonie. Certaines espèces effectueraient leur croissance et leur métamorphose en zone côtière (2a) ou en milieu lagunaire (2b) et d'autres espèces qui présenteraient une phase pélagique océanique comme en Polynésie (2c).

5. Conclusions

Les gammes de tailles des individus des huit familles dominantes de cette étude semblent indiquer qu'il existe une grande diversité de cycles de vie chez les poissons de Nouvelle-Calédonie (Tableau 11). Par exemple, les plus petits Apogonidae et Pomacentridae capturés durant cette étude avaient une taille proche des stades larvaires capturés par Leis et al. (2003) dans les eaux océaniques de Polynésie. La plupart de ces familles présentaient aussi des individus de tailles comprises dans la gamme de tailles des stades pré-installation capturés sur la Grande Barrière Australienne, et même supérieures (Kingsford & Finn 1997). Il est donc probable que les jeunes poissons capturés dans les baies autour de Nouméa étaient à des stades de développement très différents, depuis le stade larvaire pélagique jusqu'au stade précédant immédiatement l'installation.

L'hypothèse classique d'une histoire de vie des poissons récifaux avec une phase larvaire pélagique en milieu strictement océanique et les phases juvéniles et adultes benthique en milieu récifo-lagonaire ne s'appliquerait donc pas à tous les poissons récifo-lagonaires du lagon Sud-ouest de Nouvelle-Calédonie. Il est possible que les stades larvaires pélagiques de certaines espèces restent dans le lagon ou les zones côtières (Figure 22). Pour aborder ce problème, une étude des stades ontogéniques présents dans les assemblages, associée à des estimations de l'âge des jeunes poissons capturés dans les zones côtières, s'avère indispensable. Cette approche permettrait de distinguer les écophases présentes et d'évaluer la durée du séjour de chacune d'entre-elles dans ces milieux. Une étude de la microchimie de leurs otolithes permettrait de déterminer le type de milieu dans lequel les jeunes poissons ont effectué leur croissance et si certains présentent une phase pélagique océanique. Comme plusieurs stratégies peuvent exister au sein d'une même famille, les identifications doivent pouvoir se faire au niveau de l'espèce, ce que seul l'emploi d'outils moléculaires permet de réaliser.

Bien que préliminaire, cette étude a fait apparaître l'importance de certaines zones côtières de Nouvelle-Calédonie pour les assemblages de jeunes poissons. Un grand nombre de familles d'espèces commerciales y ont été capturées (Lethrinidae, Serranidae, Siganidae, Acanthuridae, Sphyraenidae, Carangidae) et des jeunes de petits poissons pélagiques – lesquels sont consommés par de nombreux prédateurs - y ont été observés en permanence. Qu'elles soient peuplées en continu par les jeunes de certaines familles de poissons, ou de façon transitoire par d'autres, ces zones constituent des habitats pour la survie des jeunes stades de nombreuses espèces. Il s'agit donc de milieux de grande importance écologique.

6. Références citées

- Beckley L.E., Naidoo A.K., 2003. Exploratory trials with light-traps to investigate settlement stage fishes in subtropical, coastal waters off South Africa. *African Zoology* 38: 333-342.
- Buri P., Kanamura G., 1983. The mechanics of mass occurrence and recruitment strategy of milkfish *Chanos chanos* (Forsskal) fry in the Philippines. *Mem. Kagoshima Univ. Res. Cent. South Pac.* 3: 33-55.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds) 1999a. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 3: Batoid fishes, chimaeras and bony fishes part 1 (Elopidae to Linophrynidae). FAO, Rome, pp.1397-2068.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds) 1999b. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 4: Bony fishes part 2 (Mugilidae to Carangidae). FAO, Rome, pp. 2069-2790.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds) 2001a. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 5: Bony fishes part 3 (Menidae to Pomacentridae). FAO, Rome, pp. 2791-3380.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds) 2001b. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 6: Bony fishes part 4 (Labridae to Latimeriidae), estuarine crocodiles, sea turtles, sea snakes and marine mammals. FAO, Rome, pp. 3381-4218.
- Chao A., 1984. Non-parametric estimation of the number of classes in a population. *Scand. J. Stat.* 11: 265-270.
- Chao A., 1987. Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability. *Biometrics* 43: 783-791.
- Chao A., Lee S.M., 1992. Estimating the number of classes via sample coverage. *J. Amer. Stat. Assoc.* 87: 210-217.
- Chao A., Ma M.C., Yang M.C.K., 1993. Stopping rules and estimation for recapture debugging with unequal failure rates. *Biometrika* 80: 193-201.
- Chazdon R., Colwell R.K., Denslow J.S., Guarigata M.R., 1998. Statistical methods for estimating species richness of woody regeneration in primary and secondary rain forests of NE Costa Rica. In: Dallmeier F., Comiskey J.A., eds. *Forest biodiversity research, monitoring and modeling: Conceptual background and Old World case studies*. Parthenon Publishing, Paris: 285-309.
- Chessel D., Simier M., Hanafi M., 1997. STATICO: STATIS et co-inertie. Fiches thématiques ADE4., Ecological Data Analysis: Exploratory and Euclidean Methods in Environmental Sciences. Version 2001-© CNRS 1995-2000.
- Choat J.H., Doherty P.J., Kerrigan B.A., Leis J.M., 1991. A comparison of towed nets, purse seines and light aggregation devices for sampling larvae and pelagic juveniles of coral reef fishes. *Fish. Bull.* 91: 195-209.
- Clarke K.R., Gorley R.N., 2001. PRIMERv5: User manual/Tutorial, Primer-E: Plymouth Marine Laboratory, 91 pp.
- Cocheret de la Morinière E., Pollux B.J.A., Nagelkerken I., van der Velde G., 2002. Post-settlement life cycle migration patterns and habitat preference of coral reef fish that use seagrass and mangrove habitats as nurseries. *Est. Coast. Shelf Sc.* 55: 309 – 321.
- Cocheret de la Morinière E., Pollux B.J.A., Nagelkerken I., Hemminga M.A., Huiskes A.H.L., van der Velde G., 2003. Ontogenetic dietary changes of coral reef fishes in the mangrove-seagrass-reef continuum: stable isotopes and gut-content analysis. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 246: 279 – 289.
- Dandonneau Y., Dugas F., Fourmanoir P., Magnier Y., Rougerie F., Debenay J.P., 1981. Le lagon de la Grande Terre, présentation d'ensemble: sédimentologie et hydrologie du Sud-Ouest. *Atlas de Nouvelle-Calédonie et dépendances*. Sautter G. éd. Office de la Recherche Scientifique et Technique d'Outre-Mer, Paris: planche 8.
- Dennis D.D., Goulet D., Rooker J.R., 1991. Ichthyoplankton assemblages sampled by night lighting in nearshore habitats of SouthWestern Puerto Rico. *NOAA Technical Report NMFS 95: Larval Fish Recruitment and Research*, Office of Undersea Research SSMC1 R/OR2, 1335 East-West Hwy., Silver Spring, MD 20910, 89-97.
- Doherty P.J., 1987. Light traps: selective but useful devices for quantifying the distributions and abundances of larval fishes. *Bull. Mar. Sci.* 41: 423-431.
- Douillet P., 2001. *Atlas hydrodynamique du lagon Sud-Ouest de Nouvelle-Calédonie*. Institut de Recherche pour le Développement et ZONECO, Nouméa, 48 pp.

- Gower J.C., 1967. Multivariate analysis and multivariate geometry. *The Statistician*, 17: 13-28.
- Ferraris P., 2001. Etude d'un système tropical côtier sous influence anthropique: cas de la Baie de Sainte-Marie, Nouméa, Nouvelle-Calédonie. Rapport de stage ouvrier, Université de Poitiers, Fr. 28pp.
- Field J.G., Clarke K.R., Warwick R.M., 1982. A practical strategy for analysing multispecies distribution patterns. *Mar. Ecol.*, Vol 8: 37-52.
- Fisher R., Bellwood D.R., 2002. The influence of swimming speed on sustained swimming performance of late-stage reef fish larvae. *Mar. Biol.* 140: 801 – 807.
- Hair C., Doherty P.J., Bell J.D., Lam M., 2000. Capture and culture of presettlement coral reef fishes in Solomon Islands. Proceedings 9th international Coral Reef Symposium, Bali, Indonesia 23-27 Octobre 200, Vol.2: 819-827.
- Jenkins G.P., Wheatley M.J., 1998. The influence of habitat structure on nearshore fish assemblages in a Southern Australian embayment: Comparison of shallow seagrass, reef-algal and unvegetated sand habitats, with emphasis on their importance to recruitment. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 221: 147-172.
- Kingsford M., Finn M., 1997. The influence of phase of the moon and physical processes on the input of presettlement fishes to coral reefs. *J. Fish Biol.* 51: 176-205.
- Laegdsgaard P., Johnson C., 2000. Why do juvenile fish utilise mangrove habitats? *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 257: 229-253.
- Launay J., 1972. La sédimentation en baie de Dumbéa (côte ouest, Nouvelle-Calédonie). *Cah. ORSTOM. Sér. Géol.* 4: 25-51.
- Lecchini D., 2004. Étude expérimentale sur les capacités sensorielles des larves de poissons coralliens dans la détection de leur lieu d'installation. *C.R., Biol.* 327: 159 – 171.
- Lecchini D., Galzin R., 2003. Synthèse sur l'influence des processus pélagiques et benthiques, biotiques et abiotiques, stochastiques et déterministes, sur la dynamique de l'autorecrutement des poissons coralliens. *Cybium* 2003 27: 167-184.
- Legendre P., Legendre L., 1998. Numerical Ecology. Elsevier Science B.V., Amsterdam, 853p.
- Leis J.M., 1991. The Pelagic Stage of Reef Fishes: the Larval Biology of Coral Reef Fishes. In: Sale P.F. (ed.) *The Ecology of Fishes on Coral Reefs*, Academic Press, San Diego. 754 pp: 183- 230.
- Leis J.M., Carson-Ewart B.M., 1997. Swimming speeds of the late larvae in open-water and near-reef pelagic environments. *Env. Biol. Fish.* 53: 259-266.
- Leis J.M., Carson-Ewart B.M. (eds.), 2000. *The Larvae of Indo-Pacific Coastal Fishes, an Identification Guide to Marine Fish Larvae*. Fauna Melanesia Handbooks, Australian Museum, Sydney, 850 pp.
- Leis J.M., Carson-Ewart B.M., 2002. In situ settlement behaviour of damselfish (Pomacentridae) larvae. *J. of Fish Biol.*, 61: 325 – 346.
- Leis J.M., Carson-Ewart B.M., 2003. Orientation of pelagic larvae of coral-reef fishes in the ocean. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 252: 239-253.
- Leis J.M., McCormick M.I., 2002. The Biology, behavior and ecology of the pelagic, larval stage of coral reef fishes. p 171-199 In: Sale P.F., 2002 (ed.): *Coral Reef Fishes, Dynamics and Diversity in a complex ecosystem*. 547 pp
- Leis J.M., Trnski T., 1989. *The larvae of Indo-Pacific shorefishes*. Ed. New South Wales University Press, Australia. 364 pp
- Leis J.M., Trnski T., Dufour V., Harmelin-Vivien M., Renon J.-P., Galzin R., 2003. Local completion of the pelagic larval stage of coastal fishes in coral-reef lagoons of the Society and Tuamotu Islands. *Coral Reefs* 22: 271 – 290.
- Manane A., 1998. Caractéristiques physicochimiques et distribution de la chlorophylle dans les eaux d'un lagon d'île haute soumis aux influences terrigènes et anthropiques. Rapport de DEA Environnements et Paléoenvironnements Océaniques, Univ. Bordeaux 1, Fr. 42 pp.
- McIlwain J.L., 2003. Fine-scale temporal and spatial patterns of larval supply to a fringing reef in Western Australia. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 252: 207-222.
- Meekan M.G., Wilson S.G., Retzet A., 2001. A comparison of catches of fishes and invertebrates by two light traps designs, in tropical NW Australia. *Mar. Biol.* 139: 373-381.
- Milicich M.J., 1988. The distribution and abundance of presttlement fish in the nearshore waters of Lizard Island. *Proc. 6th int. Coral Reef Symp.* 2: 785 – 790.
- Milicich M.J., 1994. Dynamic coupling of reef fish replenishment and oceanographic processes. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 110: 135-144.

- Milicich M.J., Meekan M.G., Doherty P.J., 1992. Larval supply: a good predictor of recruitment of three species of reef fish (Pomacentridae). *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 86: 153-166.
- Milicich M.J., Doherty P.J., 1994. Larval supply of coral reef fish populations: magnitude and synchrony of replenishment to Lizard Island, Great Barrier Reef. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 110: 121-134.
- Nagelkerken I., Kleijnen S., Klop T., van den Brand R.A.C.J., Cocheret de la Morinière E., van der Velde G., 2001. Dependence of Caribbean reef fishes on mangroves and seagrass beds as nursery habitats: a comparison of fish faunas between bays with and without mangroves/seagrass beds. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 214: 225 – 235.
- Newman S.J., Williams D.McB., Russ G.R., 1997. Patterns of zonation of assemblages of the Lutjanidae, Lethrinidae and Serranidae (Epinephelinae) within and among mid-shelf and outer-shelf reefs in the central Great Barrier Reef. *Mar. Freshwater. Res.*, vol 48: 119-128.
- Randall J.E., 1961. A contribution to the biology of the convict surgeonfish of the Hawaiian Islands, *Acanthurus triostegus sandvicensis*. *Pac. Sci.* 15: 215-272.
- Sale P.F., 1970. Distribution of larval Acanthuridae off Hawaii. *Copeia* 1970: 765-766.
- Sale P.F. (ed), 1991. *The ecology of coral reef fishes*. Academic Press, San Diego, California. 754 pp.
- Sponaugle S., Cowen R.K., 1996. Nearshore patterns of coral reef fish larval supply to Barbados, West Indies. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 133: 13-28.
- Sponaugle S., Fortuna J., Grorud K., Lee T., 2003. Dynamics of larval fish assemblages over a shallow coral reef in the Florida Keys. *Mar. Biol.* 143: 175-189.
- Thioulouse J., Chessel D., Dolédec S., Olivier J.M., Goreaud F., Pelissier R., 2001. ADE-4. Ecological Data Analysis: Exploratory and euclidean methods in environmental sciences. Version 2001. Université Lyon 1.
- Thioulouse J., Simier M., Chessel D., 2004. Simultaneous analysis of a sequence of paired ecological tables. *Ecology*, 85(1): 272-283.
- Thorrold S.R., Shenker J.M., Wishinski E., Mojica R., Maddox E.D., 1994a. Larval supply of shorefishes to nursery habitats around Lee Stocking Island, Bahamas. I. Small-scale distribution patterns. *Mar. Biol.* 118: 555-566.
- Thorrold S.R., Shenker J.M., Maddox E.D., Mojica R., Wishinski E., 1994b. Larval supply of shorefishes to nursery habitats around Lee Stocking Island, Bahamas. II. Lunar and oceanographic influences. *Mar. Biol.* 118: 567-578.
- Tolimieri N., Jeffs A., Montgomery J.C., 2000. Ambient sound as a cue for navigation by the pelagic larvae of reef fishes. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 207: 219 – 224.
- Valesini F.J., Potter I.C., Clarke K.R., 2004. To what extent are the fish composition at nearshore sites along a heterogeneous coast related to habitat type ? *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, Vol 60: 737-754.
- Westera M., Lavery P., Hyndes G., 2003. Differences in recreationally targeted fishes between protected and fished areas of a coral reef marine park. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, Vol 194: 145-168.
- Wilson D.T., 2003. The arrival of late-stage coral reef fish larvae in near-shore waters in relation to tides and time of the night. The Big Fish Bang. Proceedings of the 26th Annual Larval Fish Conference, Bergen, Norway.

Partie B

Identification des premiers stades de vie de poissons à l'aide de techniques morphologiques complétées par des outils moléculaires

1. Introduction

L'identification des premiers stades de vie des poissons est généralement délicate et les espèces récifolagunaires de l'Indo-Pacifique n'échappent pas à ce constat. Les clés d'identification disponibles, qui se fondent sur la morphologie, sont issues de deux livres de référence (Leis & Trnski 1989, Leis & Carson-Ewart 2000). Nous avons aussi eu accès à la base de données expérimentale « FishPaste » d'aide à l'identification de jeunes poissons récifolagunaire développée par P. Doherty (AIMS, Townsville) et son équipe. Les identifications faites à l'aide de ces clés de détermination se limitent le plus souvent à la famille, rarement au genre et pratiquement jamais à l'espèce. Afin d'étudier la biologie et l'écologie, ainsi que la composition des assemblages de ces premiers stades de vie, il est pourtant indispensable d'effectuer les identifications au niveau spécifique.

L'utilisation des techniques et des concepts de la génétique moléculaire des populations nous avait déjà conduit à distinguer des espèces biologiques différentes chez les beryx (Hoarau & Borsa 2000), les soles (Borsa & Quignard 2001) et les anchois (Borsa et al. 2004), ceci malgré l'absence ou l'insuffisance supposées, selon les taxonomistes spécialistes de ces poissons, de différences morphologiques. L'identification des anchois tropicaux est souvent problématique du fait de la grande ressemblance des espèces entre elles et de la difficulté à obtenir des critères diagnostiques (Lewis 1990, Dalzell et al. 1996). Les travaux de génétique, initiés en 2003 au laboratoire de l'IRD Nouméa, ont abouti à la distinction des trois espèces les plus fréquentes dans le lagon calédonien, *Encrasicholina devisi*, *E. heteroloba*, *E. punctifer*, ainsi que d'autres espèces de la famille. Les mêmes outils moléculaires sont de plus en plus utilisés pour identifier à l'espèce des larves dont il n'existe aucune description ou bien pour lesquelles les caractères distinctifs sont ambigus ou inexistantes. Cette démarche a été appliquée avec succès pour les larves de Gobiidae (Lindstrom 1999) et de Lutjanidae (Zhang et al. 2004).

Les phylogénies (ADN mitochondrial) d'autres familles d'intérêt commercial ont été produites [Lethrinidae (becs-de-cane et bossus) : LoGalbo et al. 2002 ; Sparidae : Orrell & Carpenter 2004 ; Carangidae (carangues) : Reed et al. 2002]. Il est désormais possible de déterminer, à partir des séquences nucléotidiques déjà publiées et accessibles dans GENBANK (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), des amorces dans des régions conservées de l'ADN mitochondrial afin d'amplifier un fragment diagnostique, autant que possible, des différentes espèces. Une autre approche consiste à définir des amorces universelles pour des introns de gènes, à partir des alignements d'ADN homologues chez les poissons. Les introns de gènes, non codants, varient en longueur du fait de la présence d'ADN microsatellites et d'indels, ces derniers étant parfois dus à des transposons (Daguin et al. 2001). Plusieurs de ces marqueurs introniques ont ainsi été produits chez les Siganidae (picots) (Hassan et al. 2002).

Au cours de ce travail, nous avons testé différents marqueurs génétiques, introniques et mitochondriaux, pour l'identification à l'espèce des juvéniles d'anchois (famille des Engraulididae) et de bossus et becs de canes (Lethrinidae). Les Lethrinidae sont en effet, après les Engraulididae, les Clupeidae et les Pomacentridae, la famille la plus représentée en abondance dans les échantillons de larves et juvéniles collectés dans les baies proches de Nouméa (voir partie A). Notre démarche a consisté à (1) constituer une collection d'ADN des différentes espèces d'Engraulididae et de Lethrinidae présentes en Nouvelle-Calédonie ; (2) mettre au point les marqueurs génétiques (introniques, mitochondriaux) diagnostiques des espèces ; (3) déterminer à l'espèce, à l'aide de ces marqueurs, les larves et juvéniles de ces deux familles présents dans nos échantillons et préalablement répartis en différents groupes anonymes d'après leur morphologie générale, leur méristique, ainsi que leurs patrons de pigmentation.

2. Matériel et méthodes

2.1 Identification et sélection des individus

2.1.1 Engraulididae

Adultes

Les Engraulididae adultes capturés entre janvier 2002 et juin 2003 dans trois baies autour de Nouméa (voir partie A) ont été identifiés à partir de leurs caractères morphologiques et méristiques (Carpenter & Niem 1999).

Jeunes

Les jeunes Engraulididae ont été identifiés à partir de leurs caractères morphologiques et méristiques à l'aide de l'ouvrage de Leis & Carson-Ewart (2000). Pour chacun des 315 échantillons réalisés entre janvier 2002 et juin 2003, un maximum de 30 jeunes Engraulididae ont été mesurés et individualisés. Ces individus ont été ensuite regroupés par classe de taille de 5 mm à partir de 40 mm LS et les examens, éventuels dessins, tentatives de regroupement, etc. ont été effectués sur chacun de ces groupes.

Tableau 12 : Espèces de la famille des Lethrinidae présentes en Nouvelle-Calédonie (M. Kulbicki, comm. pers.) et nombre d'individus échantillonnés par espèce (N, tel qu'au 15 février 2005) en collection au laboratoire de génétique de l'UR 128 (IRD Nouméa).

Espèce	N
<i>Gnathodentex aurolineatus</i>	0
<i>Gymnocranius euanus</i>	9
<i>Gymnocranius grandoculis</i>	4
<i>Gymnocranius</i> sp.	0
<i>Lethrinus atkinsoni</i>	19
<i>Lethrinus erythracanthus</i>	0
<i>Lethrinus genivittatus</i>	11
<i>Lethrinus harak</i>	9
<i>Lethrinus lentjan</i>	17
<i>Lethrinus miniatus</i>	42
<i>Lethrinus nebulosus</i>	89
<i>Lethrinus obsoletus</i>	2
<i>Lethrinus olivaceus</i>	17
<i>Lethrinus ravus</i>	16
<i>Lethrinus rubrioperculatus</i>	6
<i>Lethrinus semicinctus</i>	2
<i>Lethrinus variegatus</i>	2
<i>Lethrinus xanthochilus</i>	7
<i>Monotaxis grandoculis</i>	4
<i>Wattsia mossambica</i>	0

Tableau 13 : Jeunes Lethrinidae capturés par campagne et par baie, janvier 2002 - juin 2003. BSM, Baie Sainte-Marie ; DUM, baie de Dumbéa ; GDR, Grande Rade ; N, taille d'échantillon.

Année	Mois	Baie	N	Longueur standard (mm)	
				Min	Max
2002	sept	GDR	1	16,5	16,5
		BSM	1	19,0	19,0
	oct	DUM	13	8,5	19,0
		GDR	123	8,0	20,0
		BSM	3	20,5	21,2
		DUM	1	20,1	20,1
2003	jan	GDR	10	13,1	19,9
		GDR	2	19,3	21,8
		Total	154	8,0	21,8

2.1.2 Lethrinidae

Adultes

Une collection de spécimens adultes de la famille des *Lethrinidae* a été constituée. Celle-ci comprend à ce jour (15 février 2005) :

- 17 individus, représentant 7 espèces différentes, pêchés lors de sorties sur le lagon sud par J-L. Justine et son équipe (Biogéographie marine tropicale, unité Systématique-Adaptation-Evolution, IRD Nouméa) ou provenant de sa collection de tissus (branchies conservées dans l'alcool).
- 55 individus de 16 espèces différentes, achetés au marché de Nouméa.
- des échantillons de tissus supplémentaires obtenus au marché de Nouméa sous la forme de nageoires, de morceaux de chair ou de carcasses.
- les nageoires pectorales de 12 *Lethrinus lentjan* obtenus au marché aux poissons de Makassar (Sulawesi sud, Indonésie) en novembre 2004
- des échantillons de tissu de poissons obtenus à la criée de Kedonganan (Jimbaran, Bali, Indonésie) en janvier 2005 : 1 *Monotaxis grandoculis*, 3 *L. olivaceus*, 1 *L. nebulosus*

Les échantillons ont été conservés soit dans l'alcool soit congelés en vue d'en extraire l'ADN. Tous les individus en collection ont été codés et aliquotés : un morceau de chair, de nageoire ou de branchie a été conservé dans l'alcool, en tube individuel. Les spécimens adultes actuellement en collection, en chambre froide à -25°C au laboratoire de génétique de l'UR 128, seront déposés au Muséum d'histoire naturelle de Paris à l'issue du travail. Une banque de tissus a ainsi été constituée (Tableau 12), pour un total de 17 espèces de Lethrinidae sur les 21 connues en Nouvelle-Calédonie (M. Kulbicki, comm. pers.). L'échantillonnage des bossus et becs-de-canes se poursuit afin de compléter cette collection et d'obtenir des effectifs suffisants en vue de résultats formant un tout cohérent et publiable. Ce rapport présente des résultats préliminaires qui nous permettent d'ores et déjà d'envisager la caractérisation en routine, à l'aide de marqueurs génétiques, des juvéniles de poissons préalablement triés d'après leur morphologie

Jeunes

Les jeunes Lethrinidae ont été identifiés à partir de leurs caractères morphologiques et méristiques à l'aide des critères de Leis & Carson-Ewart (2000) ainsi que de ceux de la base de données expérimentale « FishPaste » d'aide à l'identification de jeunes poissons récifo-lagonaires, mise gracieusement à notre disposition par P. Doherty (AIMS, Townsville). Tous les jeunes Lethrinidae capturés entre janvier 2002 et juin 2003 ont été examinés, soit au total 154 individus entre 8,0 et 21,8 mm LS (Tableau 13).

Tableau 14 : *Encrasicholina* spp. Amorces spécifiques utilisées pour l'amplification par PCR d'un fragment du gène du cytochrome *b*

Gène, amorce	Séquence (5'-3')
Cytochrome b	
Edev CTBc	5'- GCCATACACTACACATCCGACATCG– 3'
Edev PATc	5' - TCAGGTTTCTATATAGAGGTAGGAC– 3'
Ehet CTBc	5' - GCAATACACTACACCTCCGATATCG– 3'
Ehet PATc	5' - TCACCTTTCTATATAAAGGTATGAC– 3'

2.2 Séries de développement

Partant de l'observation d'un très grand nombre d'individus à la loupe binoculaire et de la réalisation de dessins types pour chaque stade de développement, nous avons tenté d'obtenir des séries morphologiques cohérentes. Le regroupement des individus s'est fait à partir de critères systématiques traditionnels : patrons de mélanophores, méristique, morphologie, etc. Les dessins ont été réalisés à partir d'images digitales à différents grossissements à l'aide d'un appareil numérique Canon S50 couplé à une loupe binoculaire Leica M3C. L'assemblage et le traitement de ces images a été réalisé sous Adobe PHOTOSHOP CS. Les dessins vectoriels ont finalement été effectués sous Adobe ILLUSTRATOR CS.

2.3 Analyses génétiques

2.3.1 Engraulididae

Extraction de l'ADN

L'ADN des larves et adultes d'anchois, conservés dans l'alcool, a été extrait selon un protocole adapté de la méthode du phénol-chloroforme (Sambrook et al. 1989, cf. Annexe 3). Les tissus ont été prélevés sur le dos de l'animal, entre les nageoires dorsale et caudale, de manière à ne pas endommager les éléments utiles pour l'identification et, le cas échéant, la description des spécimens. L'ADN est conservé en solution dans l'eau ultrapure à -20°C dans des tubes numérotés.

Marqueurs génétiques

Les larves d'anchois ont été identifiées grâce à l'utilisation d'un marqueur diagnostique, un fragment court du gène du cytochrome *b* (ADN mitochondrial). Ce marqueur, *CTBc*, mis au point lors des travaux réalisés en 2003 par l'UR 081, permet de différencier de manière systématique les trois espèces d'anchois du genre *Encrasicholina* connues en Calédonie.

Ce fragment de 186 paires de bases (pb) a été amplifié par la réaction de polymérisation cyclique *in vitro* ou *polymerase chain reaction* (PCR) grâce à un mélange de deux paires d'amorces oligonucléotidiques dessinées spécifiquement pour *E. devisi* et *E. heteroloba* (Tableau 14). Il a fait l'objet d'analyses du polymorphisme de conformation simple-brin ou *single-stranded conformation polymorphism* (SSCP) (Orita et al. 1989), parfois utilisées en génétique médicale pour la détection de mutations ponctuelles. Les mutations sont mises en évidence par comparaison des patterns obtenus après migration de ces fragments courts d'ADN sur gel non-dénaturant.

Les réactions d'amplification ont été réalisées dans 25 µl d'un mélange réactionnel comprenant 2 µl d'ADN en solution, 1 X Taq buffer (Promega, Madison Wis., USA), 2 mM MgCl₂, 0,64 mM dNTP mix, 0,1 µM de chaque amorce et 0,03 U de Taq DNA polymerase (Promega). Après un premier cycle de dénaturation de 2 minutes à 95°C, 35 cycles de PCR (dénaturation : 45 secondes à 95°C, hybridation : 45 secondes à 51°C, élongation : 1 minute à 72°C) ont été réalisés à l'aide d'un

thermocycleur RoboCycler Gradient 96 (Stratagene, Cedar Creek TX, USA). Enfin, les réactifs ont été soumis à un dernier cycle d'élongation de 10 minutes à 72°C.

Après ajout de 6 µl de tampon de charge dénaturant (formamide 95%, NaOH 10mM, bleu de bromophenol 84%, glycérol 5%) dans chaque puits de la plaque PCR, celle-ci est chauffée pendant 5 min à 95°C. Cette phase permet de séparer les deux brins de l'ADN. Sous cette forme simple-brin, l'ADN est soumis à une électrophorèse dans un gel vertical non-dénaturant de polyacrylamide MDE 1X (FMC corporation, Rockland, USA), dans lequel il se replie sur lui-même pour adopter une conformation spécifique. Deux gels sont réalisés simultanément et la migration se fait pendant la nuit (14 heures) à 2W dans un tampon d'électrophorèse TBE 0.6X. Les patterns SSCP sont ensuite révélés par coloration au nitrate d'argent selon le protocole adapté du manuel technique de Promega.

Tableau 15 : Amorces utilisées pour l'amplification par PCR de marqueurs introniques nucléaires chez les Lethrinidae

Gène (intron n°), amorce	Séquence (5' – 3')	Temps de migration	Référence
Aldolase B (1)		4 h 30 min	Lemaire 2001 ; Rohfritsch & Borsa 2005
<i>Aldo B 1.1F</i>	5'-GCTCCAGGAAAGGGAATCCTGGC-3'		
<i>Aldo B 1R</i>	5'-CCTTTGTCGAAAACCTTGATGCC-3'		
Créatine-kinase (6)		3 h 30 min	Borsa et al. 2004
<i>CK 6 F</i>	5'-GACCACCTCCGAGTCATCTC-3'		
<i>CK 7R</i>	5'-CAGGTGCTCGTTCCACATGA-3'		
Gonadotropin-releasing hormone 3 (1)		4 h 30 min	Hassan et al. 2002 ; Rohfritsch & Borsa 2005
<i>GnRH 1 F</i>	5'-AATGCACCACATGCTAACAAGGC-3'		
<i>GnRH 1R</i>	5'-CGCACCATCACTCTGCTGTTTCGC-3'		
Métallothionéine(1)		2 h 30 min	présent travail
<i>MetCcSsTr 1 F</i>	5'-ATGGAYCCYTGHGACTGCTC-3'		
<i>MetCcSsTr 1 R</i>	5'-RCAGGATCCWCCGCAGYTGC-3'		

2.3.2 Lethrinidae

Extraction de l'ADN

L'ADN a été extrait selon l'un ou l'autre de deux protocoles décrits en Annexe 3. Le premier est adapté de la méthode du phénol-chloroforme (Sambrook et al. 1989). Le second protocole, qui utilise le bromure de cétyl-triméthylammonium (CTAB), est dérivé de Hoarau et al. (2002). Une fois extrait, l'ADN de chaque individu, en solution dans l'eau ultrapure, est conservé à -20°C en attendant d'être analysé.

Nous avons testé différents tissus comme sources d'ADN (branchie, nageoire, muscle), ainsi que différentes méthodes de conservation (congélation et alcool).

Ces extractions ont été comparées selon la quantité et la qualité de l'ADN obtenu. Le contrôle s'est fait par migration de 3 µl de solution d'ADN natif, pendant 1 h à 100 V, sur gel d'agarose 2,5 %. Le bromure d'éthidium préalablement incorporé au gel s'intercale entre les bases de l'ADN et nous permet de visualiser ce dernier par fluorescence sous la lumière ultraviolette.

ADN nucléaire

Les introns de gènes des familles multigéniques de l'aldolase B (*Aldo-B*), de la créatine-kinase (*CK*), de l'hormone de régulation de la gonadotropine (*GnRH*) et d'une métallothionéine (*MET*) ont été amplifiés par PCR à l'aide de quatre paires d'amorces oligonucléotidiques (Tableau 15) préalablement définies sur des alignements de séquences nucléotidiques. Les amorces amplifiant l'intron 1 du gène de l'aldolase B ont été dessinées à partir des alignements des premiers et deuxièmes exons homologues des espèces suivantes : *Dicentrarchus labrax* (Lemaire 2001), *Sparus aurata* (GENBANK X82278) et *Salmo salar* (GENBANK AF067796). Les amorces ciblant l'intron du gène de la métallothionéine ont été désignées dans les exons du gène après alignement des fragments homologues chez *Carassius cuvieri* (GENBANK AY165048), *Salmo salar* (GENBANK BG935118), *Dicentrarchus labrax* (GENBANK AF199014) et *Takifugu rubripes* (GENBANK CA847265). La même approche avait permis de dessiner les amorces pour l'intron 6 du gène de la CK (Borsa et al. 2004) et l'intron 1 du gène de la GnRH 3 (Rohfritsch & Borsa 2005).

Les PCR ont été réalisées dans 15 µl d'un mélange réactionnel comprenant 1,2 µl d'ADN, 1,5 µl de tampon 10X (Sigma), 1,5 mM MgCl₂, 0,64 mM dNTPs, 0,3 µM d'amorces et 0,2 U de *Taq* DNA polymerase (Sigma). Les cycles d'amplification par PCR sont les mêmes que ceux décrits pour les anchois, à ceci près que la température d'annealing était ici 52°C. La séparation des 2 brins de l'ADN (dénaturation) se fait suivant le protocole déjà décrit pour les anchois : ajout de bleu de charge dénaturant, dénaturation par la chaleur (5 minutes à 95°C). Les fragments d'ADN ainsi amplifiés puis dénaturés sont chargés dans un gel d'acrylamide (urée 7M, acrylamide:bis solution (29:1) 6%, TBE 1X) pour une migration à 50 W dans un tampon de migration TBE 1X. Le temps de migration est fonction du marqueur étudié (Tableau 15). Enfin, les bandes correspondant à chaque allèle sont détectées par coloration au nitrate d'argent (Kit Promega). Les gels sont photographiés et la distance

Tableau 16 : Amorces utilisées pour l'amplification par PCR de marqueurs mitochondriaux chez les Lethrinidae

Gène, amorce	Séquence (5'-3')	Taille du fragment
<i>Cytochrome b</i>		
<i>Leth CytB UN 3</i>	5'-TACACTACACCTCCGATATCGCCAC-3'	194 pb
<i>Leth CytB UN 5</i>	5' - AACCCCGATATTTCAAGTTTCTTTGTA - 3'	
<i>Leth CytB DEUX 3</i>	5'-GTGTAGAATTGGCACCCTATAAG-3'	177 pb
<i>Leth CytB DEUX 5</i>	5'-CTTGGTGACCCAGACAACCTTTACC-3'	
<i>ARN 16 S</i>		
<i>Leth 16S 3</i>	5'-GCCCAACCAAAGACATTAGGGCAG-3'	205 pb
<i>Leth 16S 5</i>	5'-GACCCGTATGAATGGCATAACGAG-3'	

parcourue par les fragments d'ADN à travers le gel est mesurée pour déterminer les migrations (tailles) relatives des allèles.

ADN mitochondrial

Une étude phylogénétique de la famille des Lethrinidae (becs-de-cane et bossus), essentiellement basée sur le gène du cytochrome *b* (LoGalbo et al. 2002) nous a permis de définir 2 paires d'amorces spécifiques aux Lethrinidae dans les régions conservées de ce gène. Nous avons réalisé le même travail à partir de séquences de l'ARN 16S de Lethrinidae, obtenues lors d'une étude similaire portant sur la phylogénie des Sparidae (Orrell & Carpenter 2004). Ces amorces, fabriquées par Sigma Genosys, Australie, sont décrites au Tableau 16.

Les amorces mitochondriales, présentées au Tableau 16, nous ont permis d'amplifier des fragments courts d'ADN (~200pb). Ceux-ci ont fait l'objet d'analyses SSCP.

Ce sont des amorces spécifiques à la famille des Lethrinidae qui sont utilisées pour cette étude, notamment deux jeux d'amorces amplifiant chacun une partie différente du gène du cytochrome *b* (l'un à l'extrémité 5' et l'autre à l'extrémité 3'). Ces amorces ont été désignées à partir de l'alignement des séquences du gène du cytochrome *b* (LoGalbo et al. 2002) chez 14 espèces du genre *Lethrinus* (*L. atkinsoni*, GENBANK AF381255 ; *L. genivittatus*, GENBANK AF381272 ; *L. harak*, GENBANK AF381258 ; *L. lentjan*, GENBANK AF 381267 ; *L. microdon*, GENBANK AF381265 ; *L. miniatus*, GENBANK AF381266 ; *L. nebulosus*, GENBANK AF381269 ; *L. obsoletus*, GENBANK AF381271 ; *L. olivaceus*, GENBANK AF381252 ; *L. ornatus*, GENBANK AF381254 ; *L. reticulatus*, GENBANK AF381253 ; *L. rubrioperculatus*, GENBANK AF381263 ; *L. semicinctus*, GENBANK AF381276 ; *L. sp2*, GENBANK AF381262), 2 espèces du genre *Gymnocranius* (*G. grandoculis*, GENBANK AF381275 ; *G. griseus*, GENBANK AF381259) et l'unique représentant du genre *Wattsia* (*W. mossambica*, GENBANK AF381261).

Le gène de l'ARNr 16 S a été amplifié grâce au couple d'amorces spécifique des Lethrinidae "*Leth 16S*", désigné à partir de l'alignement de *Lethrinus ornatus* (GENBANK AF247446), *Lethrinus rubrioperculatus* (GENBANK AF247447) et *Beryx splendens* (GENBANK AY141406). Ces amorces ont ensuite été fabriquées par Sigma Genosys, Australie.

L'amplification des fragments d'ADN s'est fait selon le même protocole que pour les marqueurs introniques. La migration et l'analyse SSCP des échantillons d'ADN amplifiés ont été réalisées de la même manière que pour les anchois.

Ainsi, nous avons pu comparer les profils de migration des ADN simple-brin amplifiés à ces deux locus (*cytochrome b* et ARN 16S) chez les juvéniles de Lethrinidae qui n'ont pu être identifiés à l'espèce, à ceux des adultes de référence.

3. Résultats

3.1 *Engraulididae*

3.1.1 Série de développement pour *Encrasicholina devisi*

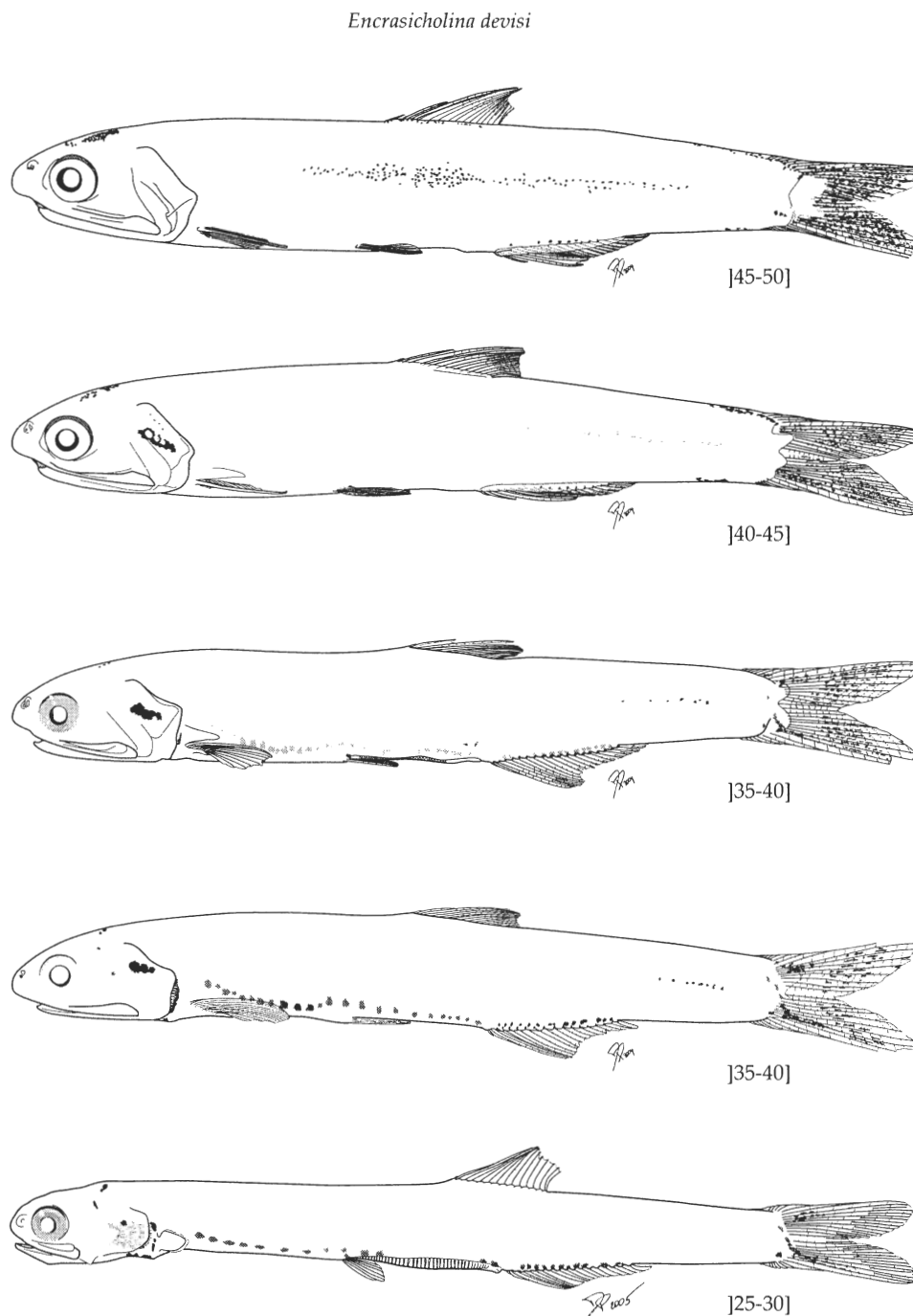


Figure 23. Série de développement, gamme de tailles (LS) en mm, pour *E. devisi* validée par les outils moléculaires (SSCP d'un fragments du gène du cytochrome b).

3.1.2 Série de développement pour *Encrasicholina heteroloba*

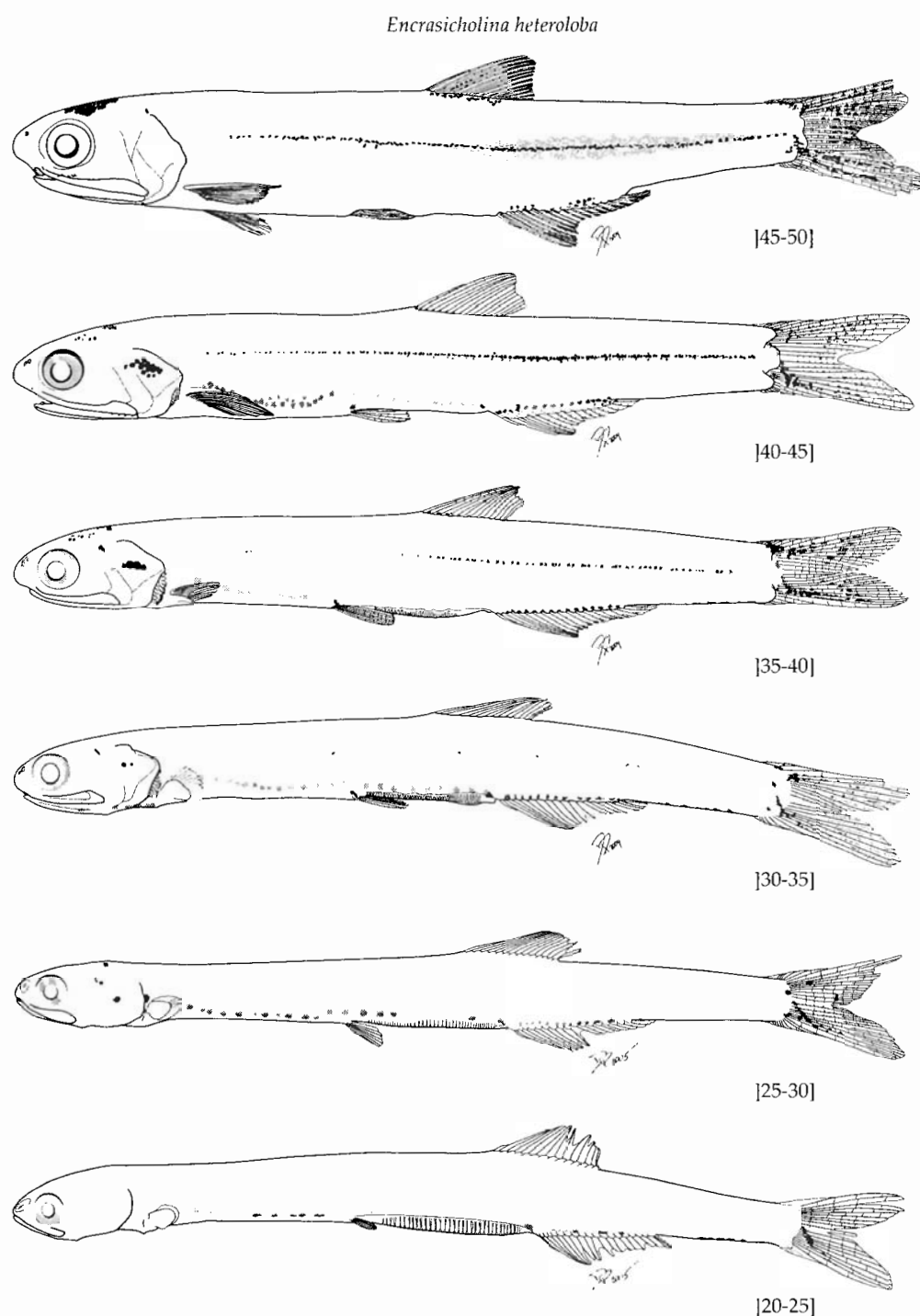


Figure 24. Série de développement pour *E. heteroloba* validée par les outils moléculaires (SSCP d'un fragments du gène du cytochrome b). On notera qu'aucun critère morphologique ou méristique ne permet de différencier les individus LS<25mm de *E. heteroloba* de ceux de *E. devisi* (Figure 23).

3.1.3 Caractérisation des individus au locus du cytochrome *b*

Quatre phénotypes SSCP apparaissent parmi les 60 individus adultes des deux espèces d'anchois qui dominaient, en abondance, dans les échantillons. Le phénotype *H* est typique de l'espèce *E. heteroloba*, excepté une occurrence du phénotype *h1* parmi les individus analysés chez cette espèce (Figure 25). De la même manière, le phénotype *D* est caractéristique de *E. devisi* (Figure 25), à l'exception d'un individu présentant le phénotype *d1*. Les 5 individus de l'espèce *E. punctifer* capturés lors des campagnes présentent le phénotype *P*, différent des précédents. En comparant les anchois juvéniles aux adultes de référence (Figure 26), 10 *E. devisi* ont été observés contre 54 *E. heteroloba*. Aucun juvénile *E. punctifer* n'a été détecté à l'aide des analyses génétiques. Ces résultats diffèrent, en partie, des identifications basées sur la morphologie : 1 juvénile ainsi assigné à l'espèce *E. devisi* s'est révélé être *E. heteroloba* au vu de son phénotype mitochondrial (*H*) ; en revanche, 3 juvéniles présumés être *E. heteroloba* d'après les séries morphologiques présentaient le pattern SSCP (*D*) caractéristique de *E. devisi*.

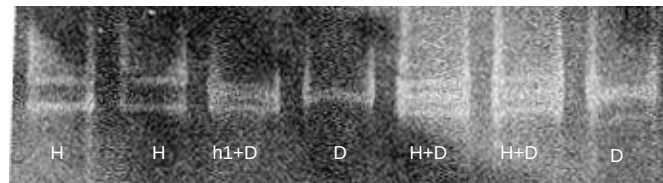


Figure 25 : Phénotypes SSCP obtenus au locus du cytochrome *b* chez les anchois *Encrasicholina devisi* et *E. heteroloba*. Gel de polyacrylamide vertical non dénaturant, coloré au nitrate d'argent. Les phénotypes *H* et *h1* sont caractéristiques de *E. heteroloba* ; *D* est caractéristique de *E. devisi*

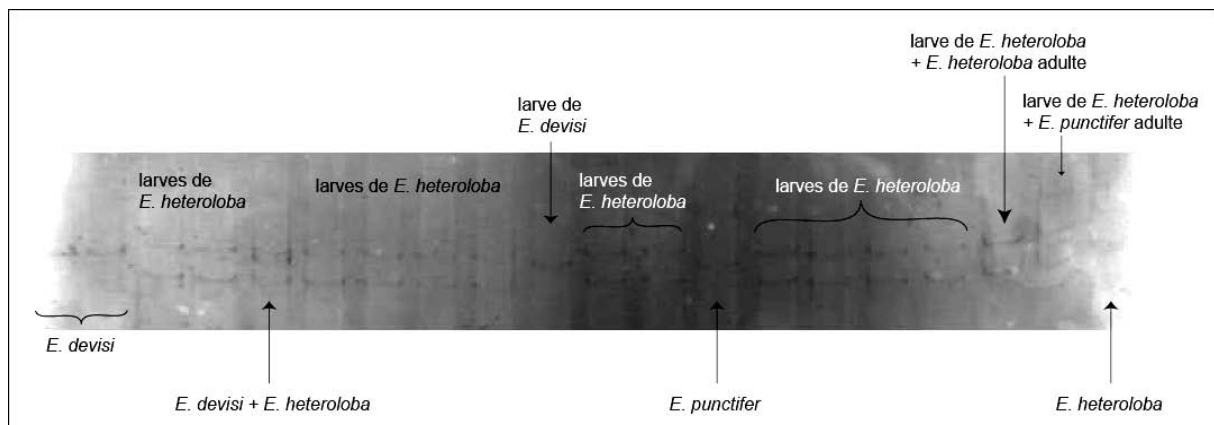


Figure 26: Gel de polyacrylamide vertical non dénaturant, coloré au nitrate d'argent, comparant les phénotypes SSCP obtenus au locus du cytochrome *b* chez les larves d'anchois *Encrasicholina* spp. à ceux d'adultes de référence.

Tableau 17. Comparaison des caractéristiques méristiques des jeunes Lethrinidae *LETH_1* à *LETH_4* avec celles des genres *Gnathodentex*, *Gymnocranius*, *Lethrinus*, *Monotaxis* et *Wattisia* présents en Nouvelle-Calédonie. Avec D : dorsale, A : anale, Pect : pectorales, Pelv : pelviennes et C : caudale. Les caractéristiques méristiques pour les genres proviennent de Leis & Carson-Ewart (2000), celles pour les espèces de Carpenter & Niem (2001), les chiffres soulignés indiquent ceux le plus couramment observés.

Genre	espèce	D	A	Pect	Pelv	C	Écailles sur ligne latérale	Écailles de ligne latérale à base de D	Écailles sur joues
Larves									
	<i>LET_1</i>	X, 9	III, 8	13	I, 5				oui
	<i>LET_2</i>	X, 9	III, 8	13	I, 5				oui
	<i>LET_3</i>	X, 9	III, 8	13	I, 5				oui
	<i>LET_4</i>	X, 10	III, 10	14	I, 5				oui
<i>Gnathodentex</i>									
	<i>aurolineatus</i> (Lacepède, 1802)	X, 10	III, 8 - 9	15	I, 5	9 + 8	68 - 74	5	oui
<i>Gymnocranius</i>									
	<i>euanus</i> Günther, 1879	X, 10	III, 10	14			48 - 49	4,5	oui
	<i>grandoculis</i> (Valenciennes, 1830)	X, 10	III, 10	14			48	5,5	oui
	sp.	X, 10	III, 10	14			47 - 48	5,5	oui
<i>Lethrinus</i>									
	<i>atkinsoni</i> Seale, 1910	X, 9	III, 8	13	I, 5	9 + 8			
	<i>erythracanthus</i> Valenciennes, 1830	X, 9	III, 8	13			46 - 47	4,5	non
	<i>genivittatus</i> Valenciennes, 1830	X, 9	III, 8	13			46 - 48	4,5	non
	<i>harak</i> (Forsskål, 1775)	X, 9	III, 8	13			45 - 47	4,5	non
	<i>lentjan</i> (Lacepède, 1802)	X, 9	III, 8	13			46 - 47	4,5 - <u>5,5</u>	non
	<i>miniatus</i> (Forster, 1801)	X, 9	III, 8	13			46 - 47	5,5	non
	<i>nebulosus</i> (Forsskål, 1775)	X, 9	III, 8	13			46 - 48	4,5	non
	<i>obsoletus</i> (Forsskål, 1775)	X, 9	III, 8	13			46 - 48	5,5	non
	<i>olivaceus</i> Valenciennes, 1830	X, 9	III, 8	13			45 - 48	5,5	non
	<i>rubrioperculatus</i> Sato, 1978	X, 9	III, 8	13			46 - 48	5,5	non
	<i>semicinctus</i> Valenciennes, 1830	X, 9	III, 8	13			47 - 49	4,5	non
	<i>variegatus</i> Valenciennes, 1830	X, 9	III, 8	13			46 - 48	4,5	non
	<i>xanthochilus</i> Klunzinger, 1870	X, 9	III, 8	13			45 - 47	4,5	non
	sp. 2	X, 9	III, 8	13			47 - 48	4,5	non
<i>Monotaxis</i>									
		X, 10	III, 9	14	I, 5	9 + 8	48 - 49	4,5	non
<i>Wattisia</i>									
	<i>grandoculis</i> (Forsskål, 1775)	X, 10	III, 9	14			44 - 47		oui
	<i>mossambica</i> (Smith, 1957)	X, 10	III, 10	14	I, 5	9 + 8			
		X, 10	III, 10	14			41 - 47	5	oui

3.2 *Lethrinidae*

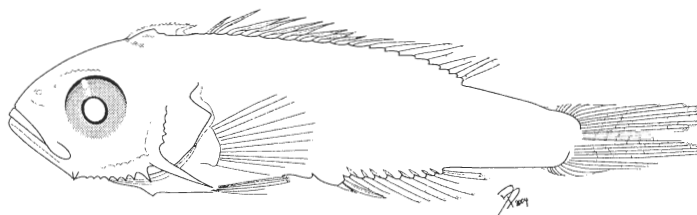
3.2.1 Caractéristiques méristiques des jeunes comparées à celles des adultes

Les jeunes *Lethrinidae* capturés ont été regroupés en quatre groupes sur la base de leur morphologie, de leurs caractéristiques méristiques (Tableau 17), et de leur patron de mélanophores. On notera que les caractéristiques méristiques ne permettaient pas d'identifier ces individus jusqu'au genre, encore moins jusqu'à l'espèce.

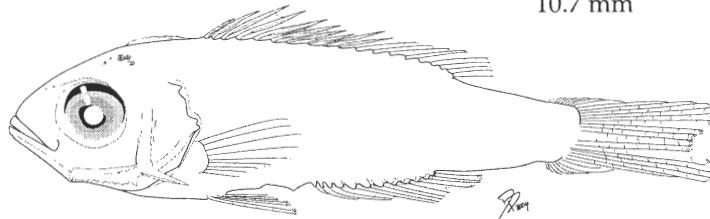
3.2.2 Série de développement pour LET_1 ; LET_2

Lethrinidae sp1

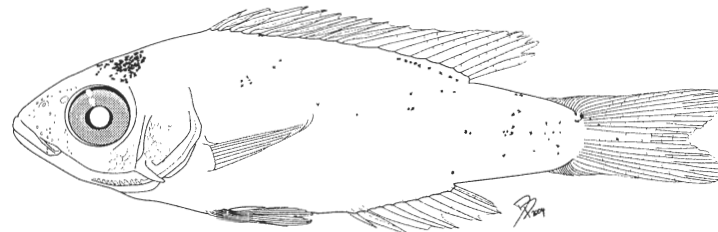
LET_1



10.7 mm



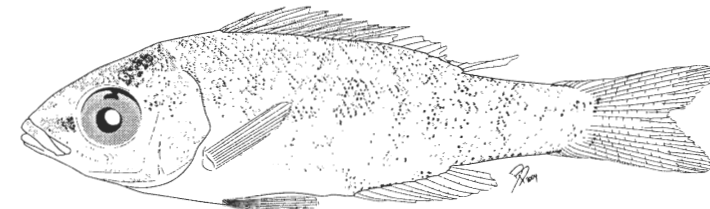
13.0 mm



19.8 mm

Lethrinidae sp2

LET_2



19.9 mm

Figure 27 : Série de développement de *Lethrinidae* sp1 (LET_1) et individu initialement identifié comme *Lethrinidae* sp2 (LET_2) sur la base de son patron de mélanophores et l'absence d'épine operculaire par rapport aux plus grands des LET_1.

3.2.3 LET_3

Lethrinidae sp3 LET_3

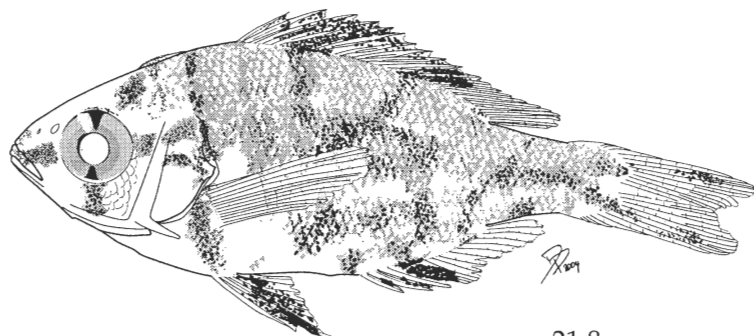


19.3 mm

Figure 28. Individu identifié comme *Lethrinidae* sp3 sur la base de la pigmentation de ses nageoires dorsale, anale et pelviennes.

3.2.4 LET_4

Lethrinidae sp4 LET_4



21.8 mm

Figure 29. Individu identifié comme *Lethrinidae* sp4 sur la base de ses caractéristiques méristiques (cf. Tableau 17).

Tableau 18: Caractérisation génétique (fréquences alléliques par échantillon) des Lethrinidae de Nouvelle-Calédonie au locus mitochondrial de l'ARNr16S et à 3 locus introniques (*Aldo-B slow*, *Aldo-B fast* et *GnRH3-1*). Caractérisation des jeunes identifiés comme *LET_1*, *LET_2*, *LET_3* et *LET_4* d'après leurs caractéristiques méristiques, leur morphologie et leurs patrons de mélanophores. *N* taille d'échantillon ; – absent

Echantillon	Locus							
	ARNr16S		Aldo-B slow		Aldo-B fast		GnRH3-1	
	(N)	Allèle	(N)	Allèle	(N)	Allèle	(N)	Allèle
Adultes de référence								
<i>Gymnocranius euanus</i>	(9)	A":1.00	(5)	–	(5)	1000:1.00	(5)	1004:1.00
<i>Gymnocranius grandoculis</i>	(4)	H:0.75 A":0.25	(2)	–	(2)	1000:1.00	(1)	972:0.50 1004:0.50
<i>Lethrinus atkinsoni</i>	(19)	D:0.89 D2:0.11	(5)	900:1.00	(8)	1000:0.81 1010:0.19	(6)	1000:1.00
			(3)	–				
<i>Lethrinus genivittatus</i>	(11)	G:1.00	(1)	900:1.00	(1)	1000:1.00	(11)	976:1.00
<i>Lethrinus harak</i>	(9)	E:0.89 E*:0.11	(4)	900: 1.00	(4)	1000:1.00	(9)	984:1.00
<i>Lethrinus lentjan</i>	(17)	B:0.59 B2:0.18	(1)	900:1.00	(1)	1000:1.00	(17)	984:0.12 992:0.71
		B3:0.18 B4:0.06						1000:0.18
<i>Lethrinus miniatus</i>	(42)	C:0.98 C2:0.02	(1)	900:0.50 910:0.50	(1)	990:1.00	(42)	1000:0.79 984:0.21
<i>Lethrinus nebulosus</i>	(49)	E*:0.94 E'2:0.04 E'3:0.02	(1)	900:1.00	(1)	1000:1.00	(88)	984:1.00
<i>Lethrinus obsoletus</i>	(2)	E":1.00	(1)	900:1.00	(1)	1000:1.00	(2)	984:1.00
<i>Lethrinus olivaceus</i>	(20)	L:0.65 L2:0.05 L3:0.01 L4:0.05	(2)	900:1.00	(2)	1000:1.00	(3)	1000:1.00
<i>Lethrinus ravus</i>	(16)	K:1.00	(11)	900:1.00	(11)	1000:1.00	(16)	1000:1.00
<i>Lethrinus</i>	(6)	K:0.67 K2:0.33	(6)	910:1.00	(6)	1000:1.00	(6)	1000:1.00
<i>Lethrinus semicinctus</i>	(2)	F:1.00	(2)	900:1.00	(2)	1000:1.00	(2)	1000:1.00
<i>Lethrinus variegatus</i>	(2)	I: 1.00	(1)	–	(1)	980:1.00	(2)	1016:1.00
<i>Lethrinus xanthochilus</i>	(7)	J: 0.71 J2:0.29	–		–		(6)	1000:1.00
<i>Monotaxis grandoculis</i>	(2)	A:0.50 A2:0.50	(1)	–	(1)	990:1.00	(1)	1004:1.00
Jeunes non identifiés								
<i>LET_1</i>	(13)	G:1.00	(12)	900:1.00	(19)	1000:0.89 1010:0.11	(134)	976:1.00
			(7)	–				
<i>LET_2</i>	(1)	G	(1)	900:1.00	(1)	1000:0.50 1010:0.50	(1)	976:1.00
<i>LET_3</i>	(1)	L	(1)	900:1.00	(1)	1000:1.00	(1)	1000:1.00
<i>LET_4</i>	(1)	A"	(1)	–	(1)	1000:1.00	(1)	1004:1.00

3.2.5 Analyses génétiques

Leth 16S

L'analyse SSCP à ce locus produit des patterns uniques à chaque espèce de la famille des Lethrinidae, à l'exception des paires *Gymnocranius euanus* / *G. grandoculis* et *Lethrinus ravus* / *L. rubrioperculatus* (Tableau 18). Ce type de marqueur PCR s'avère ainsi très utile pour l'identification en routine de larves de Lethrinidae. Le gel d'électrophorèse présenté en Figure 30 permet ainsi d'identifier à l'espèce trois des quatre groupes de larves établis à partir de l'examen de la morphologie. Tous les phénotypes des larves *LET_1* et *LET_2* sont identiques entre eux et identiques à celui de *L. genivittatus* ; le phénotype de la larve *LET_3* est celui de *L. olivaceus*. Le phénotype de la larve *LET_4* ne semble, pour l'instant, correspondre à aucun de ceux des adultes de référence présents sur le gel, sauf, peut-être, *Gymnocranius grandoculis*. L'incertitude quant à l'identification de *LET_4* pourrait être due, soit à l'absence sur ce gel d'adultes de référence de l'espèce à laquelle appartient *LET_4* (il pourrait alors s'agir de *Gymnocranius* sp. ou *Wattsia mossambica*, deux Lethrinidae connus en Calédonie mais absents de notre échantillon de référence), soit à du polymorphisme infraspécifique non détecté, pour l'instant, dans les échantillons de référence. L'analyse d'un plus grand nombre d'individus de chaque espèce permettra de mesurer le polymorphisme infraspécifique et d'évaluer, *in fine*, la puissance de ce marqueur à des fins d'identification.

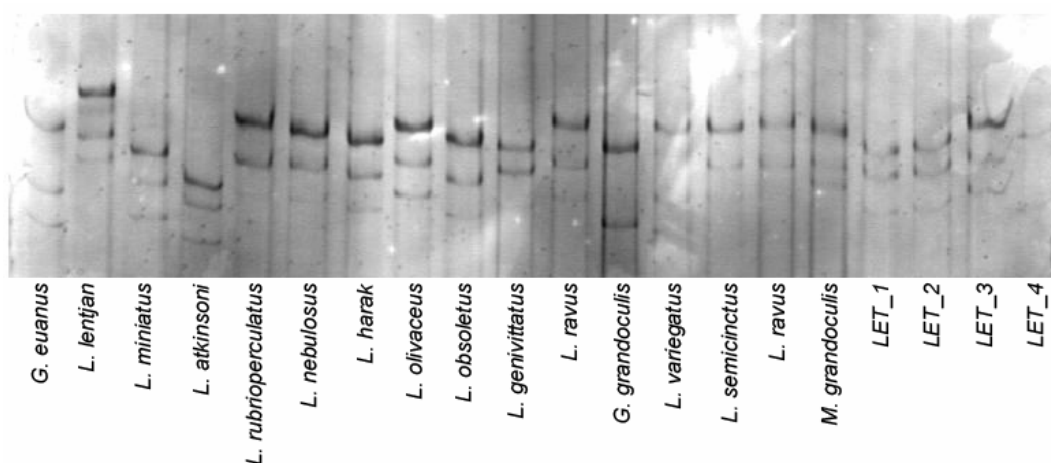


Figure 30 : Phénotypes SSCP au locus de l'ARNr16S, associés à chaque espèce de la famille des Lethrinidae échantillonnée dans les eaux calédoniennes. L'ADN a été révélé au nitrate d'argent. Gel de polyacrylamide vertical, non dénaturant

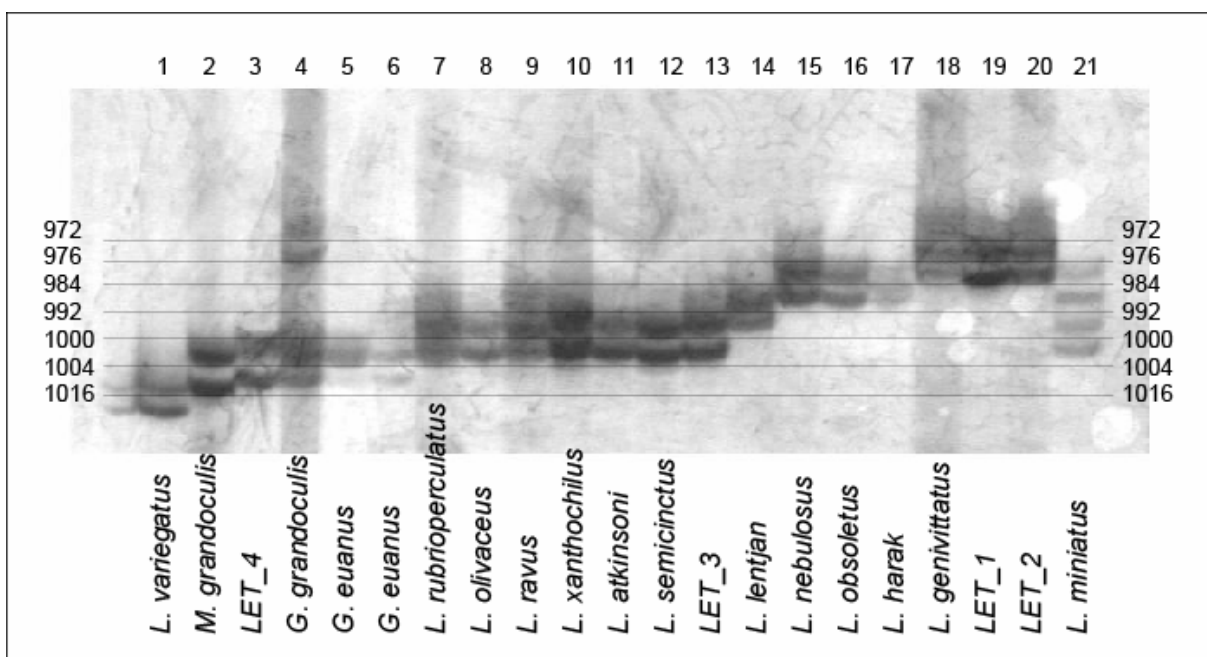


Figure 31 : Diversité allélique au locus *GnRH3-1* chez les Lethrinidae. Gel de polyacrylamide vertical dénaturant, coloré au nitrate d'argent. La dénomination des allèles au locus *GnRH3-1* a été choisie comme la mobilité relative du fragment amplifié correspondant, par rapport à l'allèle le plus commun ('1000') chez *L. miniatus*.

GnRH3-1

L'analyse du locus nucléaire *GnRH3-1* chez 17 espèces de Lethrinidae a révélé une diversité de 7 allèles (1016, 1004, 1000, 992, 984, 976 et 972 ; Figure 31). Seules trois espèces présentent du polymorphisme à ce locus (*G. grandoculis*, *L. lentjan* et *L. miniatus*). Le polymorphisme observé chez *L. lentjan* (allèles 1000, 992 et 984), concerne un échantillon de 12 individus récoltés en Indonésie en 2004. Les *L. lentjan* du marché de Nouméa (5 individus) présentent uniquement l'allèle 992.

Ce marqueur nucléaire permet de différencier plusieurs groupes, qui peuvent être composés d'une ou plusieurs espèces. Ainsi, trois espèces apparaissent comme distinctes de toutes les autres à ce locus : *L. variegatus*, *L. lentjan* et *L. genivittatus*, caractérisées respectivement par les allèles 1016, 992 (en Nouvelle-Calédonie, sur la base d'un échantillon de référence de taille $N=5$) et 976.

L'allèle de taille relative 1004 est commun aux espèces des genres *Monotaxis* et *Gymnocranius*, permettant de les distinguer du genre *Lethrinus*. Seul *G. grandoculis* présente du polymorphisme (1004, 972) et l'allèle 972 est caractéristique de cette espèce. Un autre groupe, caractérisé par l'allèle 1000, se compose de 6 espèces du genre *Lethrinus* : *L. rubrioperculatus*, *L. olivaceus*, *L. ravus*, *L. xanthochilus*, *L. atkinsoni* et *L. semicinctus*.

Il est intéressant de noter que 4 de ces dernières espèces (*L. olivaceus*, *L. ravus*, *L. rubrioperculatus*, *L. semicinctus*) font partie du clade I décrit par LoGalbo et al. (2002), et que toutes, ainsi que *L. xanthochilus*, sont du type trophique des "prédateurs mésocarnivores" (c'est-à-dire, possédant des canines et un corps allongé). Cependant, *L. atkinsoni* appartient au clade II, possède des dents molariformes broyeuses et a un corps haut. *L. nebulosus*, *L. obsoletus* et *L. harak* présentent l'allèle 984. Ces 3 espèces sont du même type trophique ("spécialistes mésocarnivores") possédant des dents molariformes et un corps haut, et font partie du clade II selon la phylogénie de LoGalbo et al. (2002). Enfin, chez *L. miniatus* on observe deux allèles qui sont ceux des deux grands groupes du genre *Lethrinus* (1000 et 984). LoGalbo et al. (2002) considéraient *L. miniatus* comme dérivant d'un branchement ancestral par rapport au reste de l'arbre des Lethrinidae, ce qui pourrait fournir une explication (rétention du polymorphisme ancestral) à la présence des deux types d'allèles chez *L. miniatus*. Une autre hypothèse pourrait être que l'ancêtre de *L. miniatus* résulte de l'hybridation de Lethrinidae appartenant l'un au groupe représenté par le clade I, l'autre au groupe représenté par le clade II. Une dernière hypothèse serait que les convergences d'allèles sont de nature fortuite. Le séquençage des différents allèles à ce locus permettrait de départager ces trois hypothèses (ce qui serait très intéressant par ailleurs).

Le locus *GnRH3-1* est également polymorphe chez deux espèces de la famille des Siganidae (Hassan et al. 2002), présageant des résultats intéressants pour une étude similaire d'identification des larves chez les espèces de cette famille.

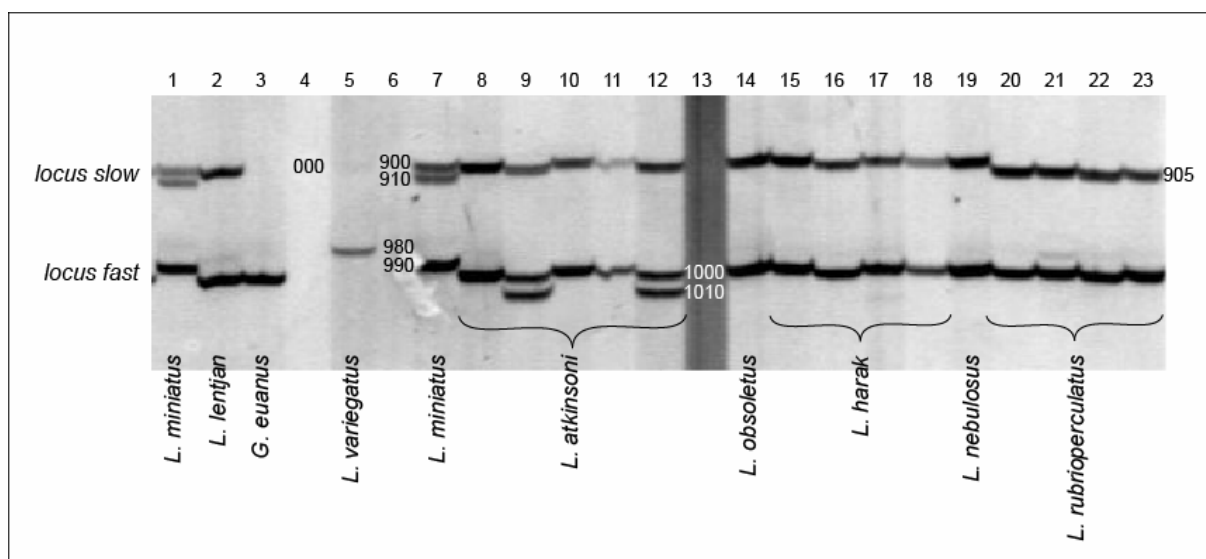


Figure 32 : Diversité allélique au locus *Aldo-B* chez les Lethrinidae de Nouvelle-Calédonie. Deux locus (ici dénommés "slow" et "fast") ont été révélés chez la plupart des espèces du genre *Lethrinus*. Un seul locus apparaît chez les espèces des genres *Gymnocranius* et *Monotaxis*, ainsi que chez *L. variegatus*. Gel de polyacrylamide vertical dénaturant, coloré au nitrate d'argent. La dénomination des allèles au locus *Aldo-B* slow et *Aldo-B* fast est arbitraire et provisoire.

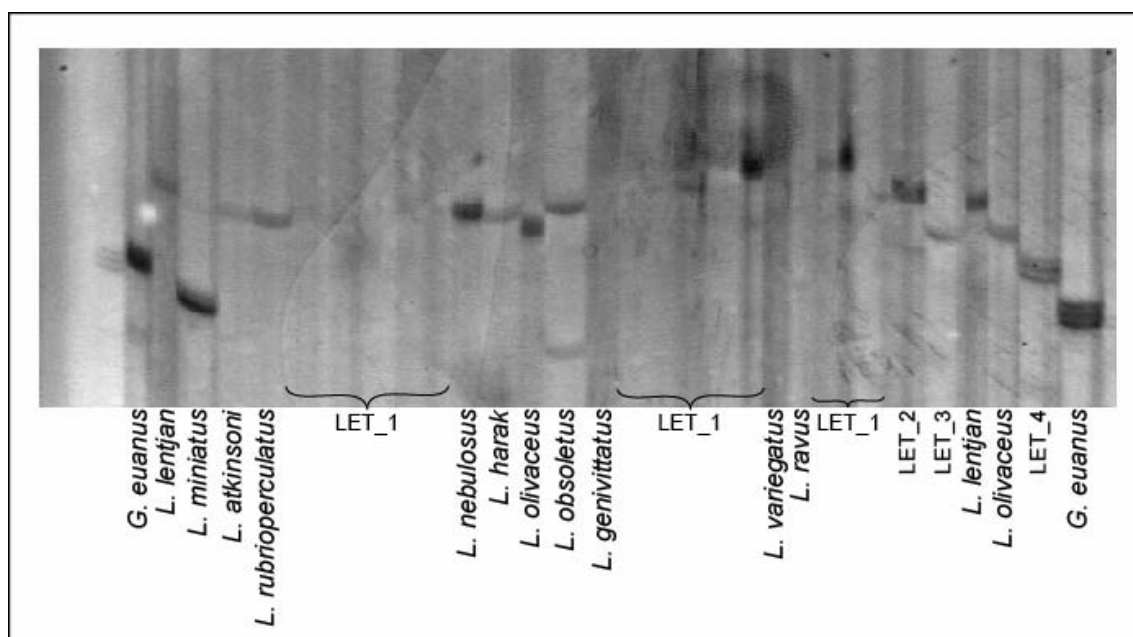


Figure 33 : Gel de polyacrylamide vertical dénaturant, coloré au nitrate d'argent, mettant en évidence la diversité allélique au locus *CK*. chez les Lethrinidae de Nouvelle-Calédonie.

Aldo B

Le couple d'amorces *aldo B 1.1F* / *aldoB 1R* amplifie deux fragments, de tailles proches, que nous avons assignés à deux locus dénommés par nous *locus slow* et *locus fast* (Figure 32). Ces deux fragments sont amplifiés chez la plupart des espèces mais il arrive qu'on n'en observe qu'un seul : c'est le cas pour les espèces des genres *Gymnocranius* et *Monotaxis*, ainsi que pour *L. variegatus*.

Seules deux espèces présentent des patterns singuliers à ces deux locus : *L. miniatus* (*slow* 900/910 ; *fast* 990) et *L. variegatus* (*slow* non amplifié – *fast* 980). Trois autres types de patterns ont été observés formant ainsi 3 groupes distincts : le premier regroupe les genres *Gymnocranius* et *Monotaxis* (*slow* non amplifié – *fast* 1000), le second regroupe la quasi-totalité des espèces du genre *Lethrinus* (*slow* 900 - *fast* 1000), enfin le troisième groupe est représenté par les espèces *L. atkinsoni* et *L. genivittatus* qui à la différence des autres espèces de *Lethrinus* présentent du polymorphisme au locus *fast* (1000, 1010). Des analyses complémentaires sont en cours afin d'étudier un plus grand nombre d'individus et détecter ainsi du polymorphisme éventuel chez d'autres espèces.

Les larves *LET_1* présentent un polymorphisme au locus *fast* semblable à celui observé chez *L. atkinsoni* (Figure 32). Les larves *LET_2* (1000/1010) et *LET_3* (1000) peuvent-être comparées aux 2^{ème} et 3^{ème} groupes : pour l'instant, et en attendant les vérifications nécessaires, on peut simplement dire qu'elles sont du genre *Lethrinus* et différentes de *L. variegatus*.

CK

Les résultats préliminaires obtenus pour le locus *CK* nous donnent un aperçu des patterns possibles chez 10 espèces de Lethrinidae (Figure 33). Les larves du groupe *LET_1* n'amplifient pas à ce locus (à l'exception de 3 individus sur les 13 analysés). On remarque qu'il n'y a pas non plus d'amplification pour l'individu *Lethrinus genivittatus* testé ici. Ce résultat nous conforte dans nos déductions précédentes selon lesquelles les larves du groupe *LET_1* sont de l'espèce *Lethrinus genivittatus*. Cependant, la larve *LET_2* présente une bande bien visible, qui est différente de celles obtenues pour les 3 *LET_1* qui ont amplifié. *LET_3* présente le même pattern que *Lethrinus olivaceus*. *LET_4* présente un pattern original.

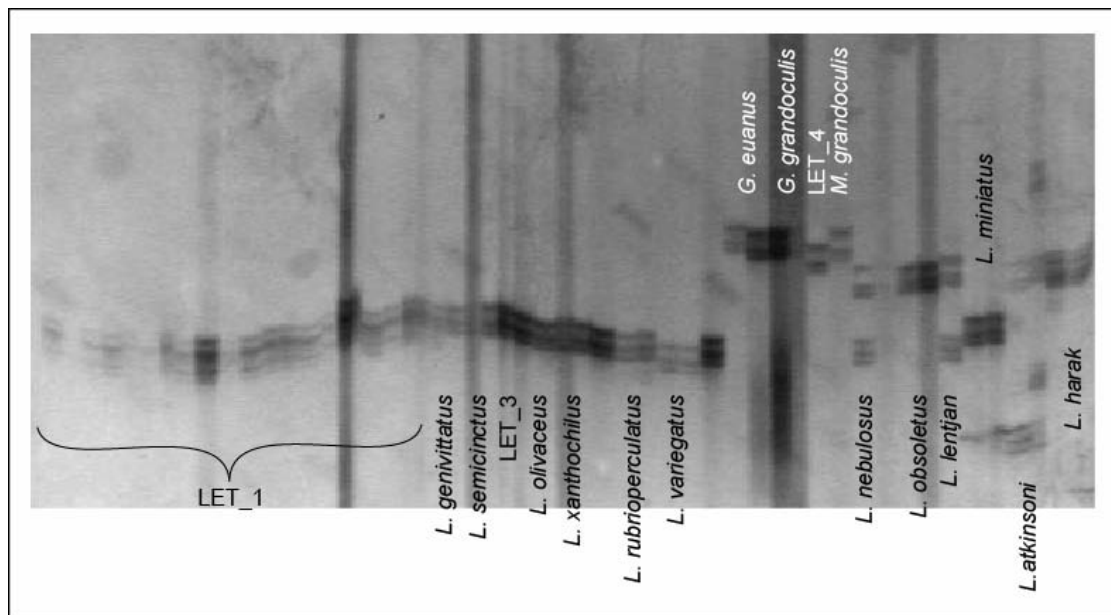


Figure 34 : Gel de polyacrylamide vertical dénaturant, coloré au nitrate d'argent, mettant en évidence la diversité allélique au locus *METCcSsTr*. chez les Lethrinidae de Nouvelle-Calédonie.

METCcSsTr

Comme précédemment pour le locus *CK*, les analyses au locus *METCcSsTc* ne sont pas encore complètes. Le gel présenté en Figure 34 nous permet néanmoins de confirmer l'homogénéité du groupe de larves *LET_1*, ainsi que leur ressemblance avec *LET_2* et *Lethrinus genivittatus*. La larve *LET_3* présente le même pattern que *L. olivaceus*, également commun à *L. rubrioperculatus*, *L. semicinctus* et *L. xanthochilus*.

Conclusions

Les marqueurs nucléaires et mitochondriaux ont permis d'identifier à l'espèce la plupart des larves de Lethrinidae récoltées dans trois baies du lagon sud de Nouvelle-Calédonie (Tableau 18). La PCR/SSCP du fragment du gène de l'ARNr 16S permet de distinguer entre eux les trois genres *Gymnocranius*, *Lethrinus* et *Monotaxis*, ainsi qu'entre elles les 13 espèces du genre *Lethrinus* présentes dans notre collection de référence. Toutes les larves *LET_1* ont été identifiées comme appartenant à l'espèce *Lethrinus genivittatus*. *LET_2* est également *L. genivittatus*. *LET_3* a été identifiée comme *L. olivaceus*. L'identification de *LET_4* reste incertaine, mais les données génétiques disponibles permettent de proposer *Gymnocranius euanus* et *G. grandoculis* comme candidats possibles tout en excluant les genre *Lethrinus* et *Monotaxis* ; les données morphologiques indiquaient qu'il pouvait aussi s'agir d'un *Wattsia*, ce que les données génétiques ne permettent pas, pour l'instant, de réfuter totalement. En l'absence d'un échantillon de référence de cette dernière espèce, seule la séquence nucléotidique d'un fragment du gène du cytochrome *b* permettrait la détermination précise de *LET_4*.

Le regroupement morphologique des larves de type *LET_1* s'est avéré être totalement homogène. Les critères morphologiques utilisés jusqu'ici pour le tri a priori des larves étaient donc pertinents. Dans la perspective de déterminations en routine, nous rechercherons un protocole optimal (en termes de temps et de coût) combinant tri selon des critères morphologiques et analyses génétiques d'une partie des individus, à l'aide de marqueurs moléculaires judicieusement choisis.

4. Perspectives

La démarche suivie au cours de ce travail s'est avérée fructueuse, puisqu'elle a permis d'identifier à l'espèce des larves de poissons Engraulididae et Lethrinidae, pour lesquelles les clés d'identification disponibles étaient insuffisantes. Ces deux familles sont d'ailleurs réputées difficiles du point de vue de leur taxonomie, y compris lorsqu'il s'agit de distinguer et classer les espèces à partir de spécimens adultes. Du fait que les espèces représentent, en général, les unités fonctionnelles de base en écologie, nous pensons nécessaire de poursuivre les travaux commencés ici, dans le cadre des études en prévision sur l'écologie des populations et des communautés de poissons de l'habitat récifo-lagonaire de l'Indo-Pacifique.

Les perspectives portent donc, désormais, sur l'identification en routine des larves de poissons qui seront échantillonnées dans le cadre des recherches de notre équipe IRD sur l'écologie des habitats récifo-lagonaires de Nouvelle-Calédonie. Nous envisageons ainsi, d'une part, de poursuivre les identifications des Lethrinidae à partir de protocoles simplifiés. D'autre part, nous espérons pouvoir développer des tests génétiques similaires pour d'autres familles de poissons commerciaux, tels les Siganidae (picots), les Serranidae (loches) et les Carangidae (carangues).

5. Références citées

- Borsa P., Collet A., Durand J.-D. 2004. Nuclear-DNA markers confirm the presence of two anchovy species in the Mediterranean. *Comptes Rendus Biologies*, 327: 1113-1123.
- Borsa P., Quignard J.-P. 2001. Systematics of the Atlantic-Mediterranean soles *Pegusa impar*, *P. lascaris*, *Solea aegyptiaca*, *S. senegalensis*, and *S. solea* (Pleuronectiformes: Soleidae). *Canadian Journal of Zoology*, 79: 2297-2302.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds.) 1999. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 3: Batoid fishes, chimaeras and bony fishes part 1 (Elopidae to Linophrynidae). FAO, Rome, pp.1397-2068.
- Carpenter K.E., Niem V.H. (eds) 2001. FAO Species identification guide for fishery purposes. The living Marine resources of the Western central Pacific. Volume 5: Bony fishes part 3 (Menidae to Pomacentridae). FAO, Rome, pp. 2791-3380.
- Daguin C., Bonhomme F., Borsa P. 2001. The zone of sympatry and hybridization of *Mytilus edulis* and *M. galloprovincialis*, as described by intron-length polymorphism at locus *mac-1*. *Heredity*, 86: 342-354.
- Dalzell P., Adams T.J.H., Polunin N.V.C. 1996. Coastal fisheries in the Pacific Islands. *Oceanography and Marine Biology Annual Review*, 34: 395-531.
- Hassan M., Lemaire C., Fauvelot C., Bonhomme F. 2002. Seventeen new exon-primed intron-crossing polymerase chain reaction amplifiable introns in fish. *Molecular Ecology Notes*, 2: 334-340.
- Hoarau G., Borsa P. 2000. Extensive gene flow within sibling species in the deep-sea fish *Beryx splendens*. *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences, Série III* 323: 315-325.
- Hoarau G., Rijnsdorp A.D., Van der Veer H.W., Stam W.T., Olsen J.L. 2002. Population structure of plaice (*Pleuronectes platessa*) in northern Europe: microsatellites revealed large scale spatial and temporal heterogeneity. *Molecular Ecology*, 11: 1165-1176.
- Leis J.M., Carson-Ewart B.M. (eds.) 2000. *The Larvae of Indo-Pacific Coastal Fishes, an Identification Guide to Marine Fish Larvae*. Fauna Melanesia Handbooks, Australian Museum, Sydney, 850 pp.
- Leis J.M., Trnski T. 1989. *The larvae of Indo-Pacific shorefishes*. Ed. New South Wales University Press, Australia. 364 pp.
- Lemaire C. 2001. Flux génique et adaptations locales: étude de la divergence génétique en milieu marin chez *Dicentrarchus labrax* (Linné, 1758). Thèse de Doctorat, Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris.
- Lewis A.D. 1990. Tropical South Pacific tuna baitfisheries. In: Blaber S. J. M. and Copland J. W. (eds), Tuna Baitfish in the Indo-Pacific Region: proceedings of a workshop in Honiara, Solomon Islands, 11-13 December 1989. *Australian Centre for International Agricultural Research (ACIAR, Canberra) Proceedings* No 30, 10-21.
- Lindstrom D.P. 1999. Molecular species identification of newly hatched Hawaiian amphidromous gobioid larvae. *Marine Biotechnology*, 1: 167-174.
- LoGalbo A., Carpenter K.E., Reed D.L. 2002. Evolution of trophic types in emperor snappers (*Lethrinus*, Lethrinidae, Percoidei) based on Cytochrome *b* gene sequence variation. *Journal of Molecular Evolution*, 54: 754-762.
- Orita M., Iwahana H., Kanazawa H., Hayashi K., Sekiya T. 1989. Detection of polymorphisms of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphisms. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 86: 2766-2770.

- Orrell T.M., Carpenter K.E., 2004. A phylogeny of the fish family Sparidae (porgies) inferred from mitochondrial sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32: 425-434.
- Reed D.L., Carpenter K.E., deGravelle M.J. 2002. Molecular systematics of the jacks (Perciformes: Carangidae) based on mitochondrial cytochrome *b* sequences using parsimony, likelihood, and Bayesian approaches. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 23: 513-524.
- Rohfritsch A., Borsa P. 2005. Genetic structure of Indian scad mackerel *Decapterus russelli*: Pleistocene vicariance and secondary contact in the Central Indo-West Pacific seas. *Heredity*.
- Sambrook J., Fritsch E.F., Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning : a Laboratory Manual*. 2nd edn. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New-York.
- Zhang J., Huang L., Huo H. 2004. Larval identification of *Lutjanus* Bloch in Nansha coral reefs by AFLP molecular method. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 298: 3-20.

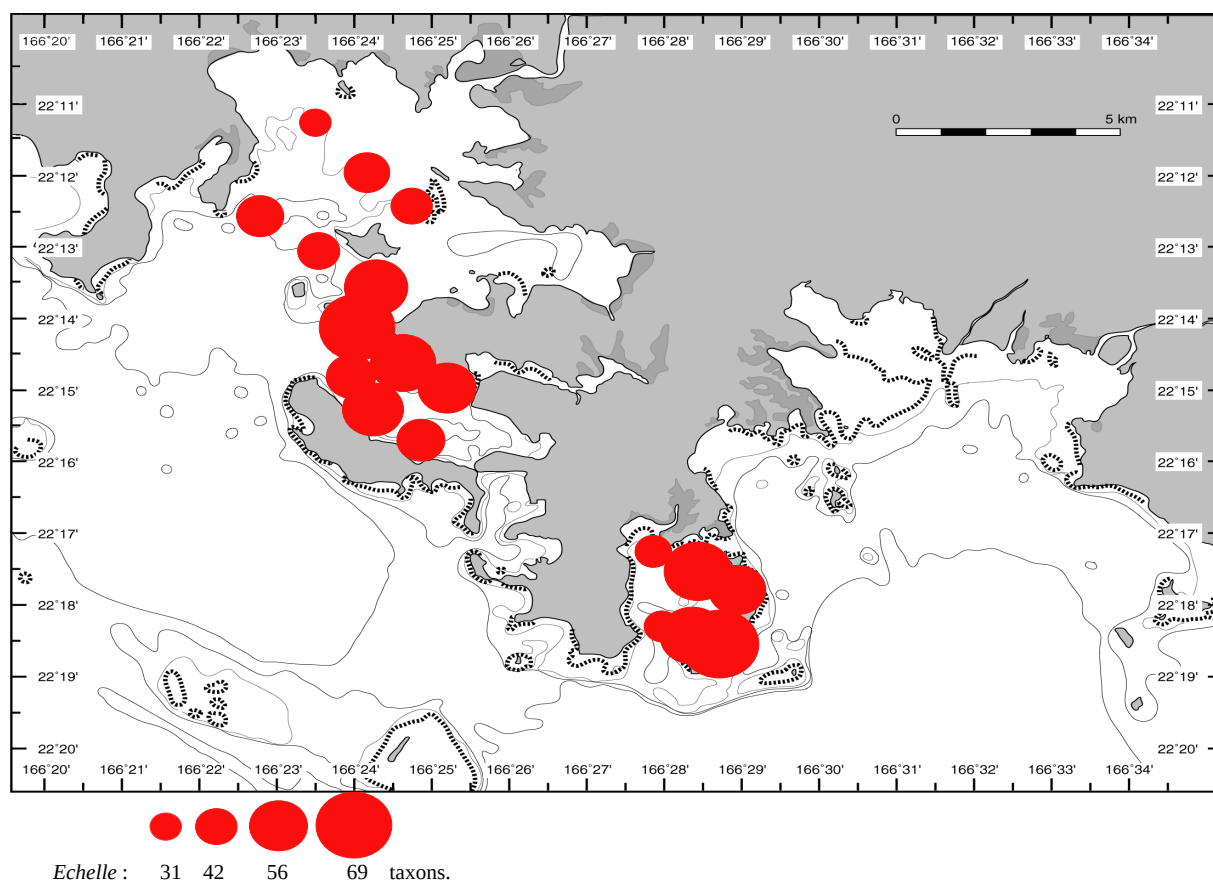
Partie C

Annexes

1. Annexe 1 : Distribution spatiale de la richesse taxonomique.

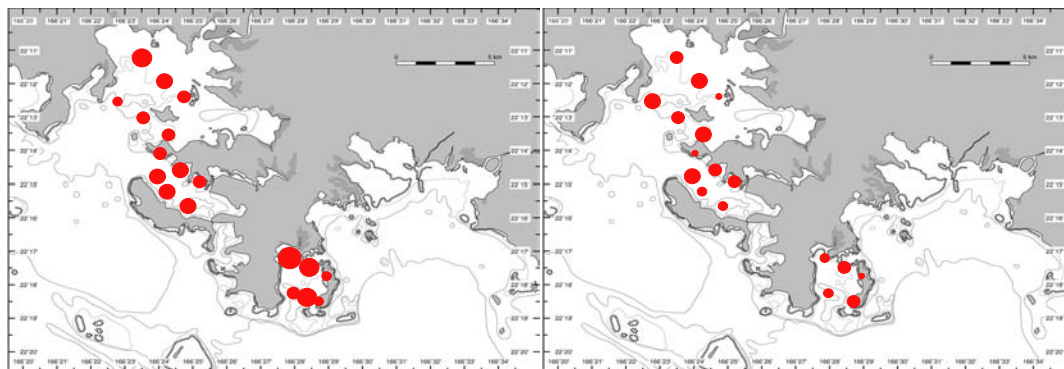
1.1 Annexe 1a : Richesse taxonomique totale observée sur l'ensemble de l'échantillonnage (toutes campagnes confondues) en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les valeurs ont été pondérées par le nombre total d'échantillons réalisées pour chaque station d'échantillonnage (de 16 à 18 échantillons), puis multipliées par un facteur 5 pour faciliter la lecture graphique des résultats.



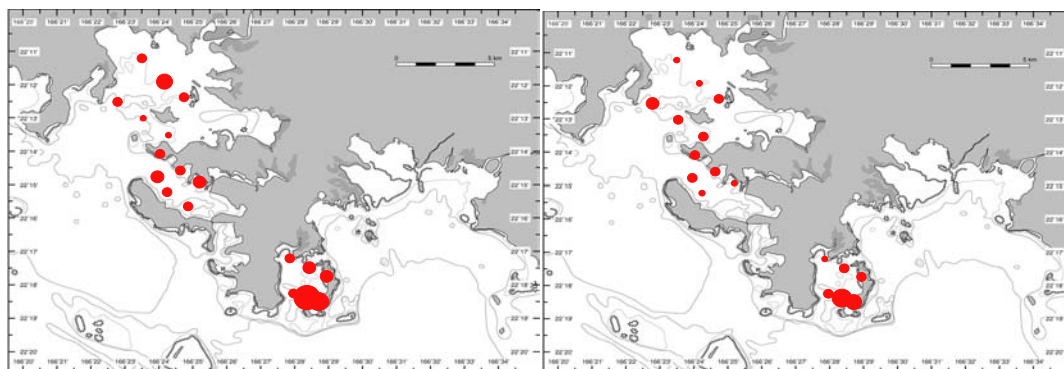
1.2 Annexe 1b : Richesses taxonomiques observées de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les données ont été transformées grâce à une relation linéaire du type : $x_2 = 2x_1 + 2$, pour faciliter la lecture graphique des résultats.



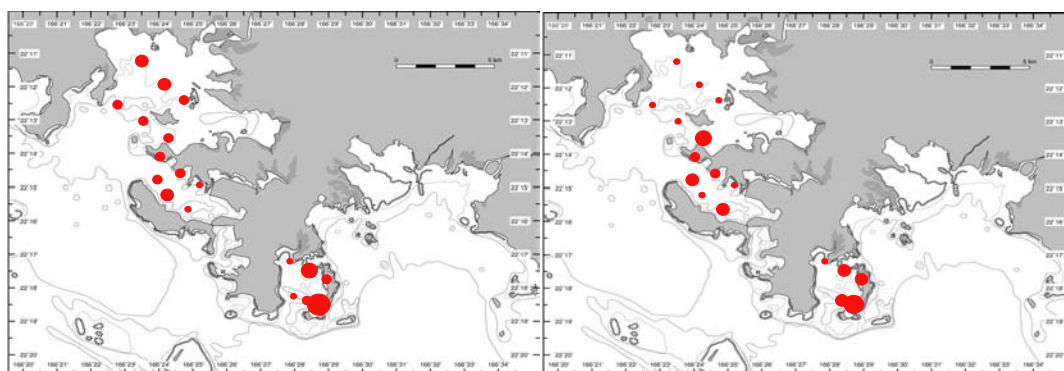
(1) Janvier 2002

(2) Février 2002



(3) Mars 2002

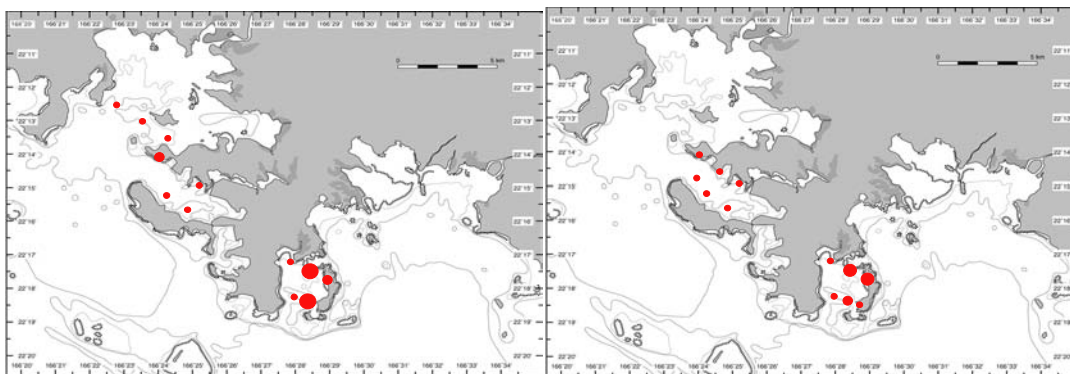
(4) Avril 2002



(5) Mai 2002

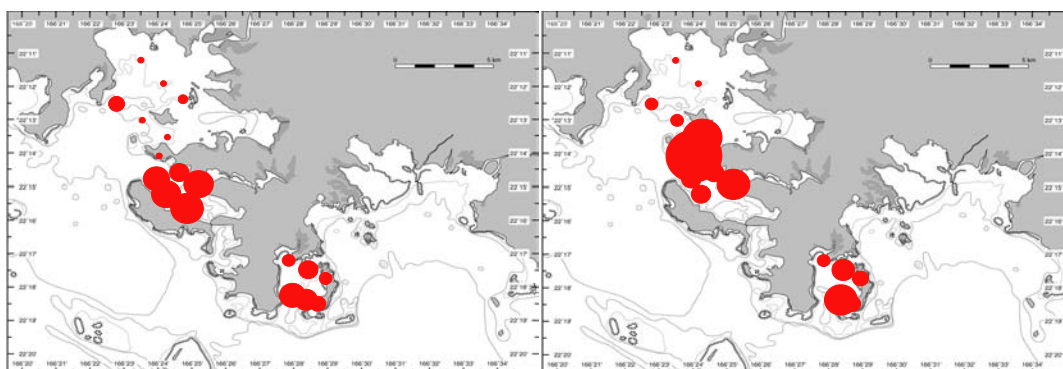
(6) Juin 2002





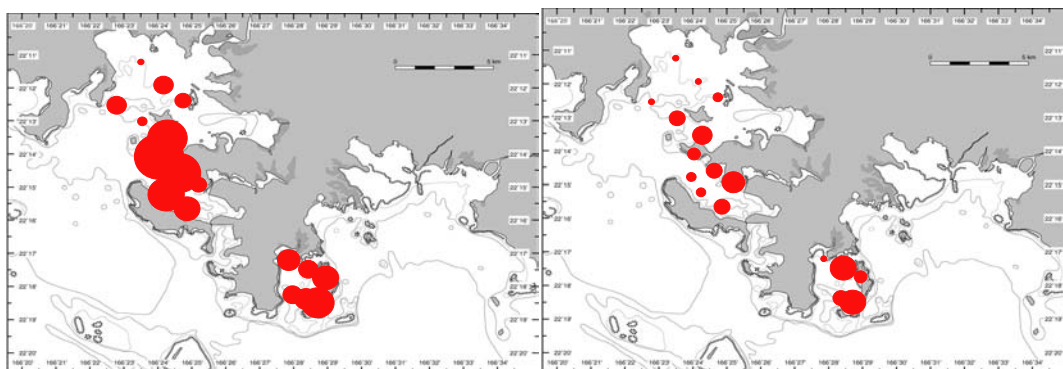
(7) Juillet 2002

(8) Août 2002



(9) Septembre 2002

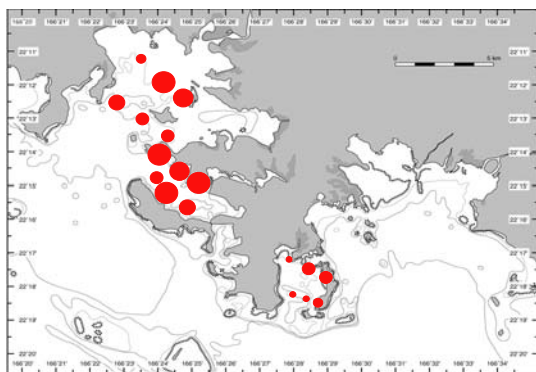
(10) Octobre 2002



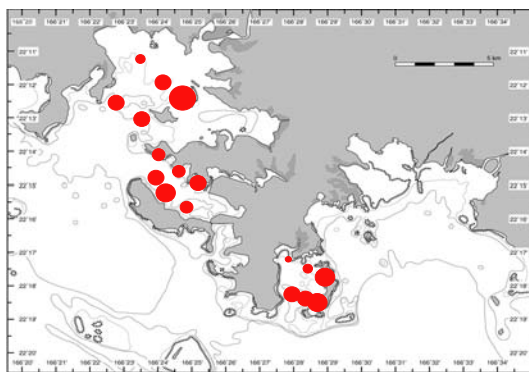
(11) Novembre 2002

(12) Décembre 2002

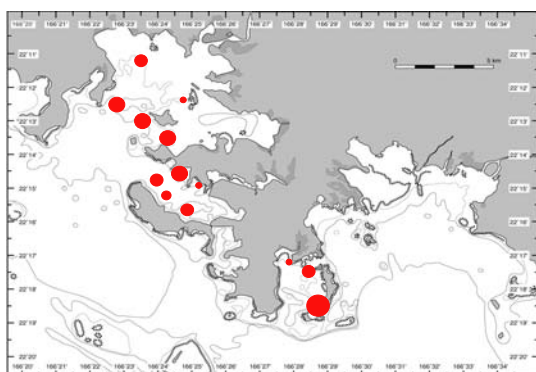




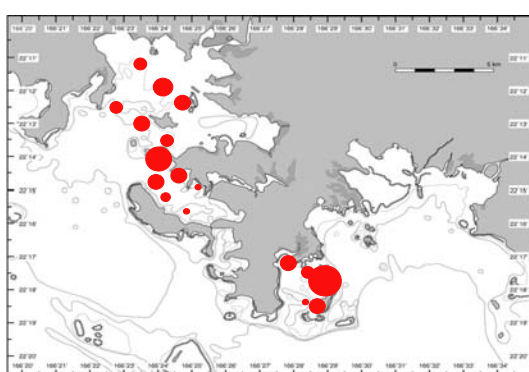
(13) Janvier 2003



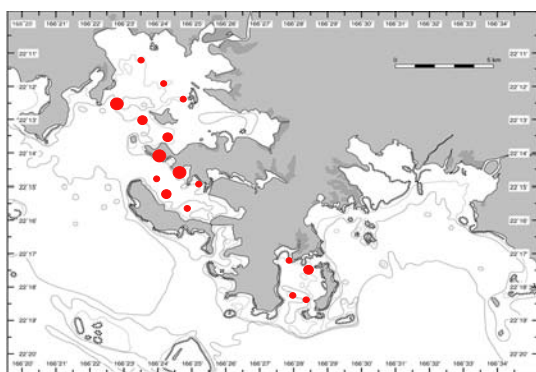
(14) Février 2003



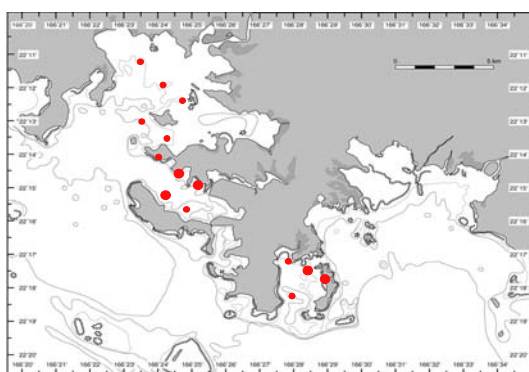
(15) Mars 2003



(16) Avril 2003



(17) Mai 2003



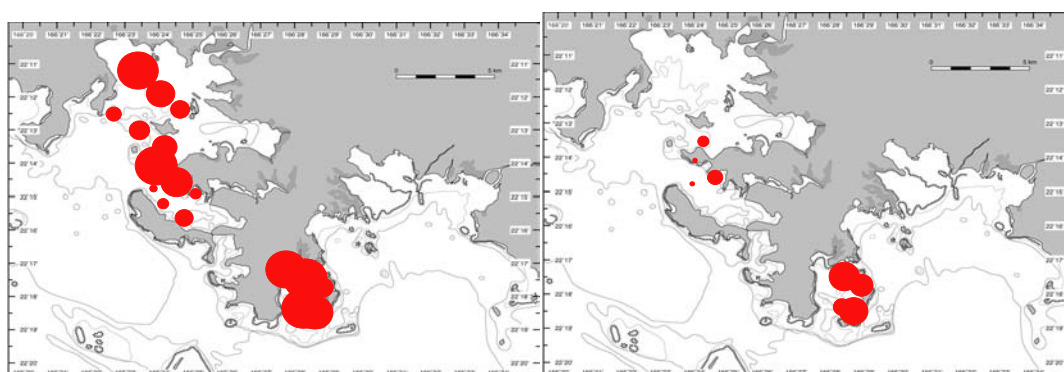
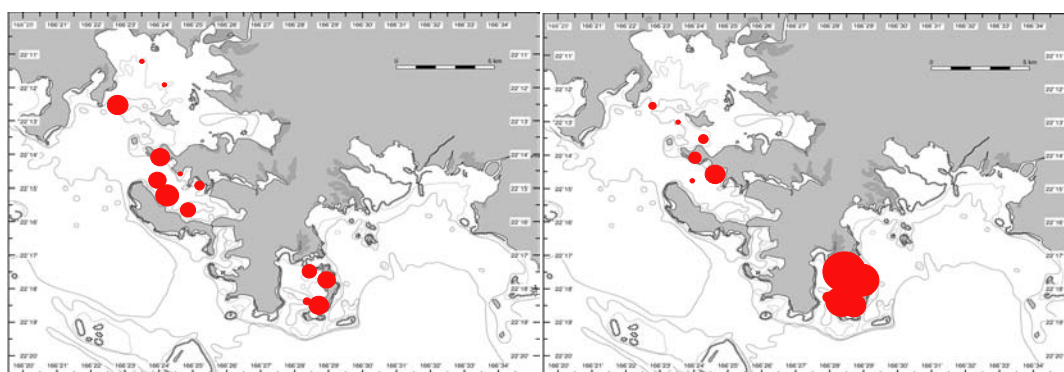
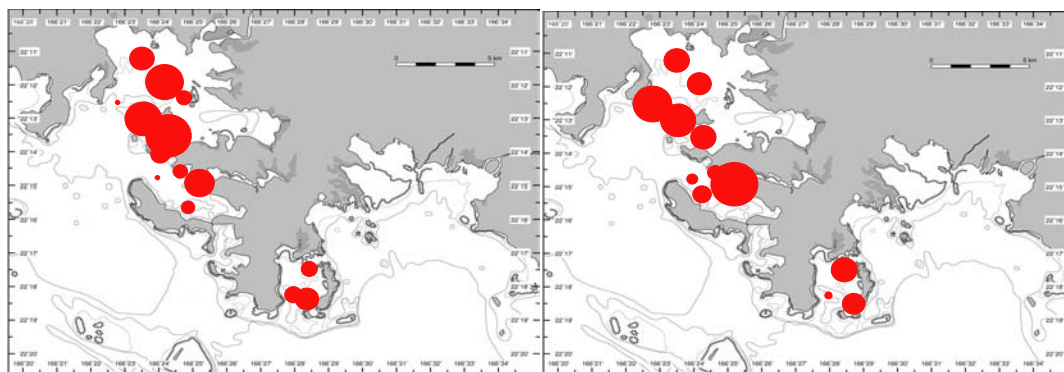
(18) Juin 2003

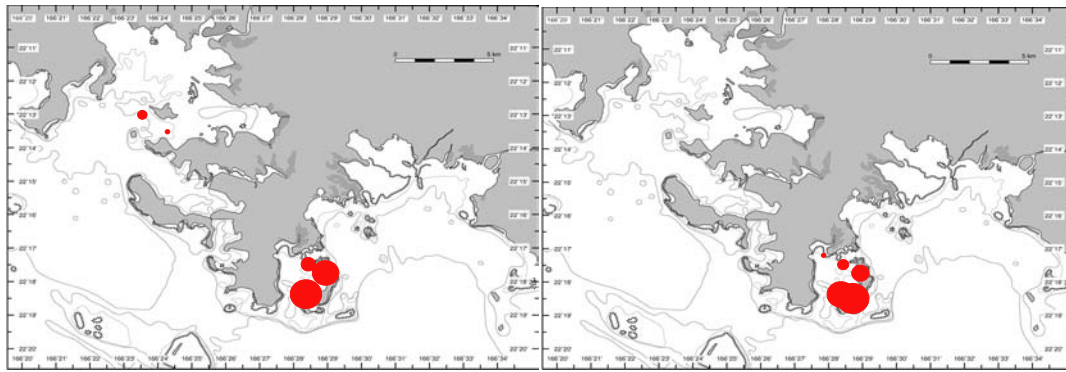

 Echelle : 1...4...7 16 taxons.

2. Annexe 2 : Cartographie des abondances de jeunes poissons.

2.1 Annexe 2a : Cartographie des abondances de jeunes *Clupeidae* capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

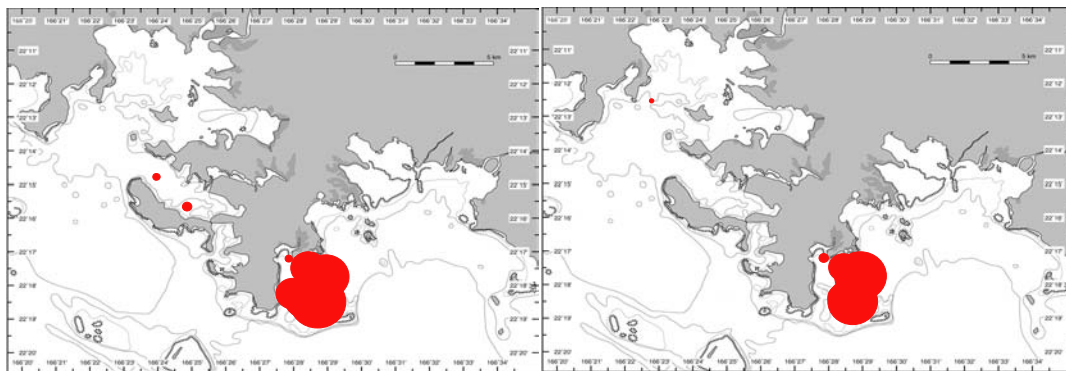
Les données ont été transformées grâce à une relation du type : $x_2 = \log_{10}(x_1 + 1) * 10$.





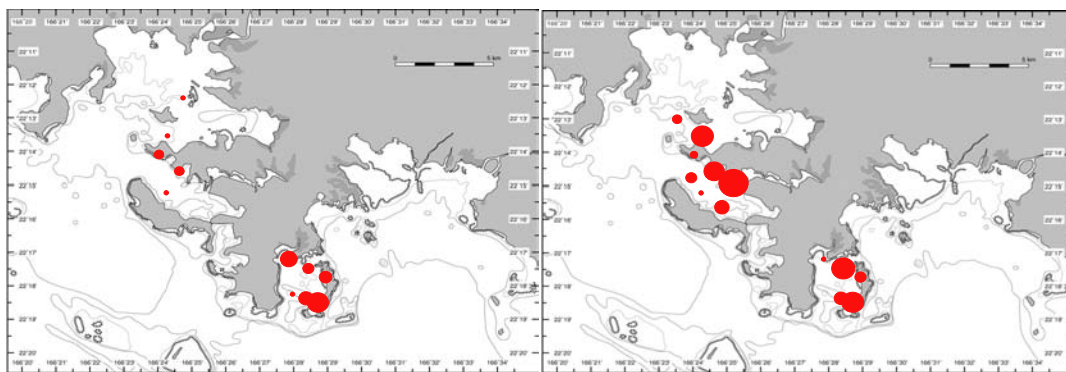
(7) Juillet 2002

(8) Août 2002



(9) Septembre 2002

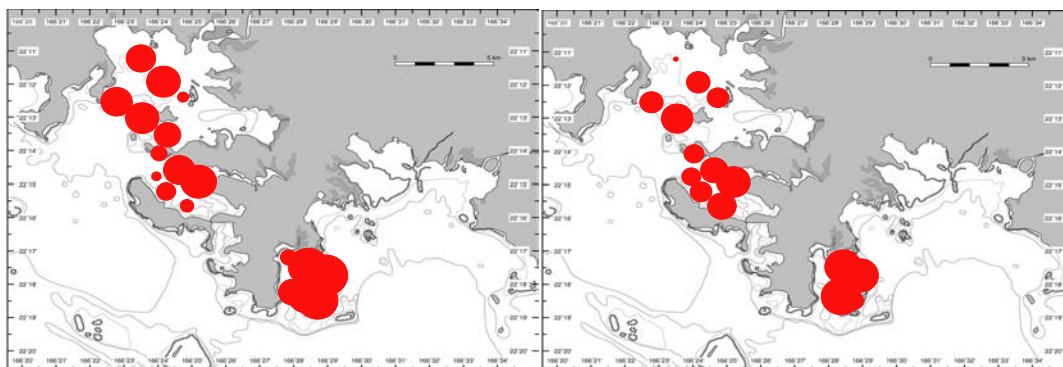
(10) Octobre 2002



(11) Novembre 2002

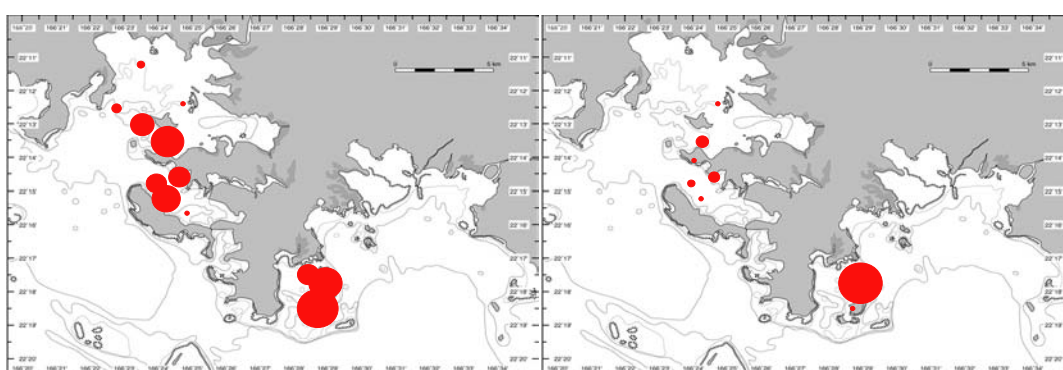
(12) Décembre 2002





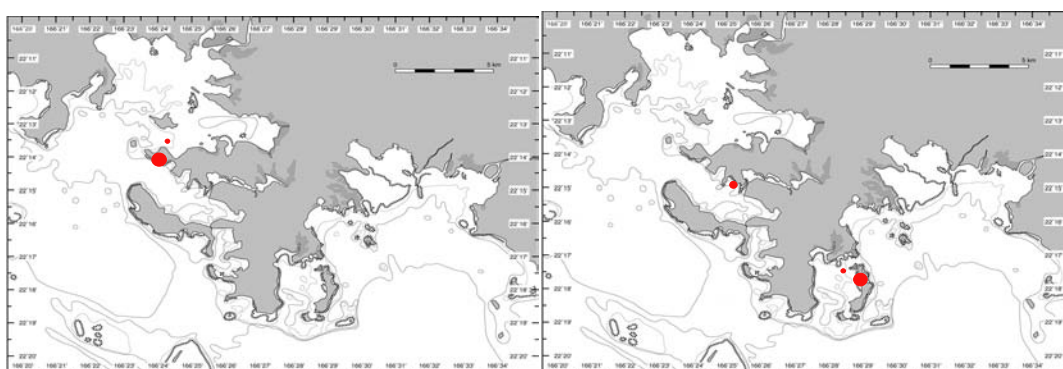
(13) Janvier 2003

(14) Février 2003



(15) Mars 2003

(16) Avril 2003



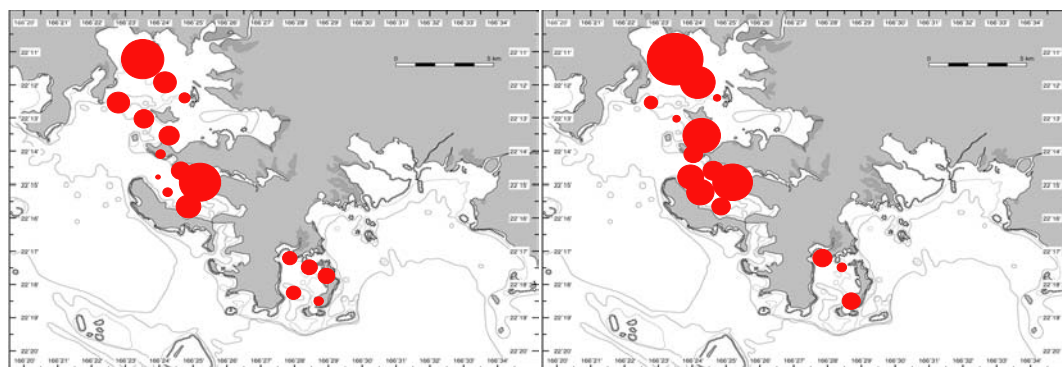
(17) Mai 2003

(18) Juin 2003



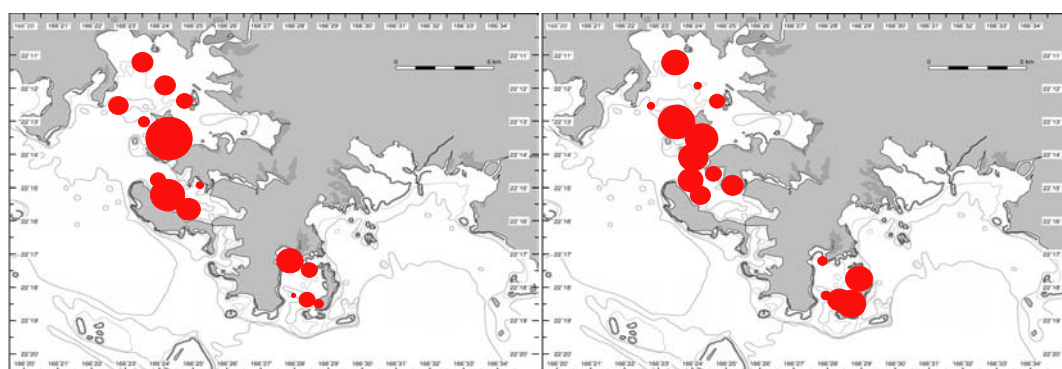
2.2 Annexe 2b : Cartographie des abondances de jeunes *Engraulididae* capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les données ont été transformées grâce à une fonction du type : $x_2 = \log_{10}(x+1) * 10$.



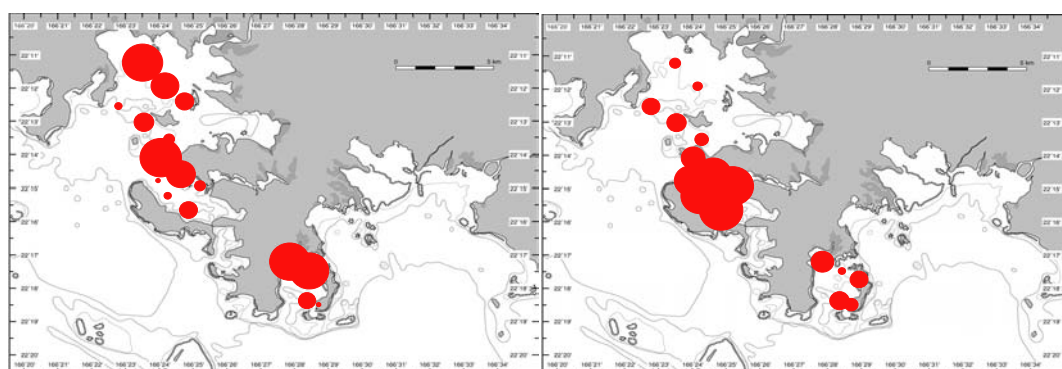
(1) Janvier 2002

(2) Février 2002



(3) Mars 2002

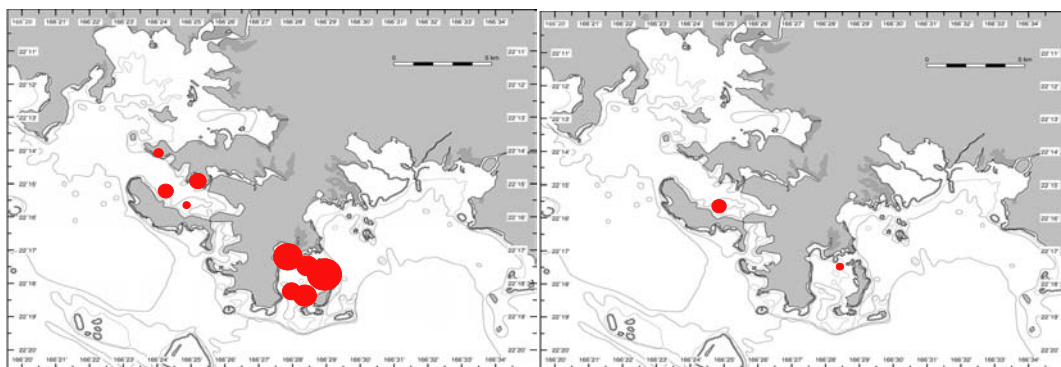
(4) Avril 2002



(5) Mai 2002

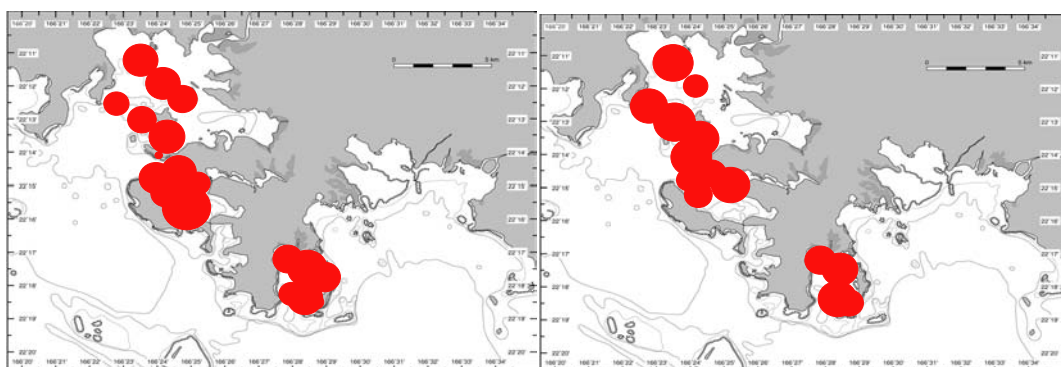
(6) Juin 2002





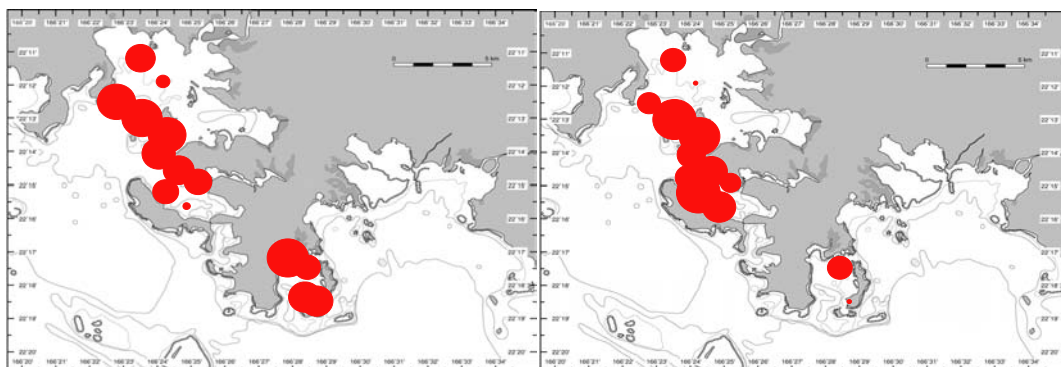
(7) Juillet 2002

(8) Août 2002



(9) Septembre 2002

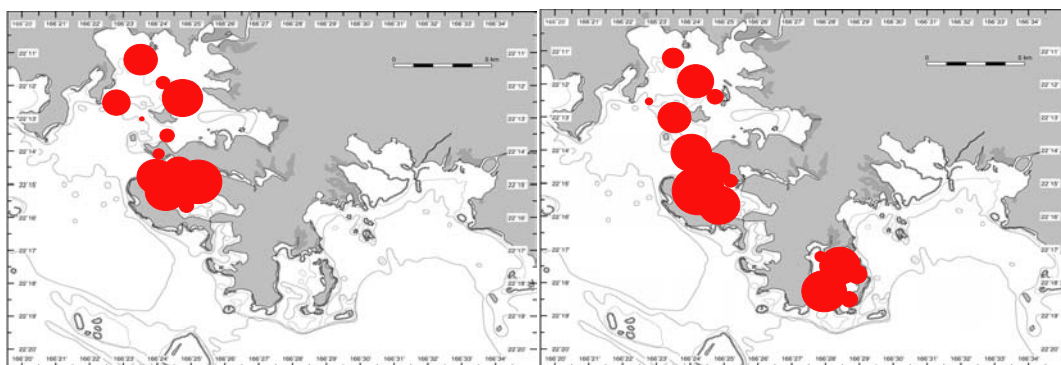
(10) Octobre 2002



(11) Novembre 2002

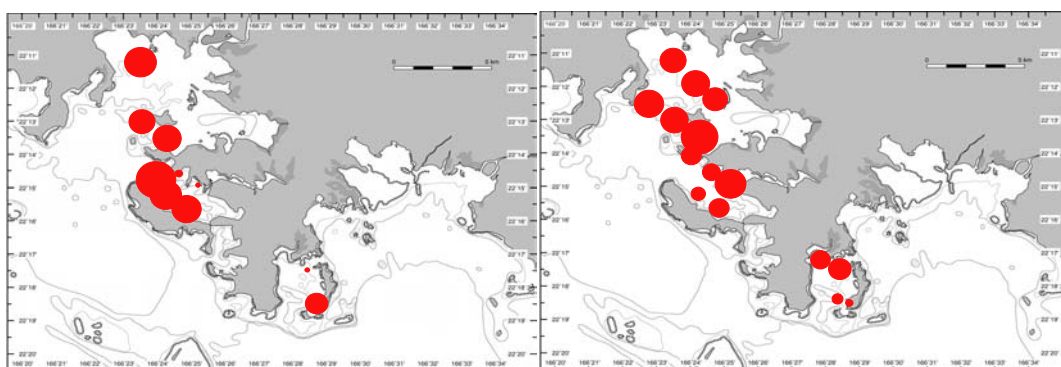
(12) Décembre 2002





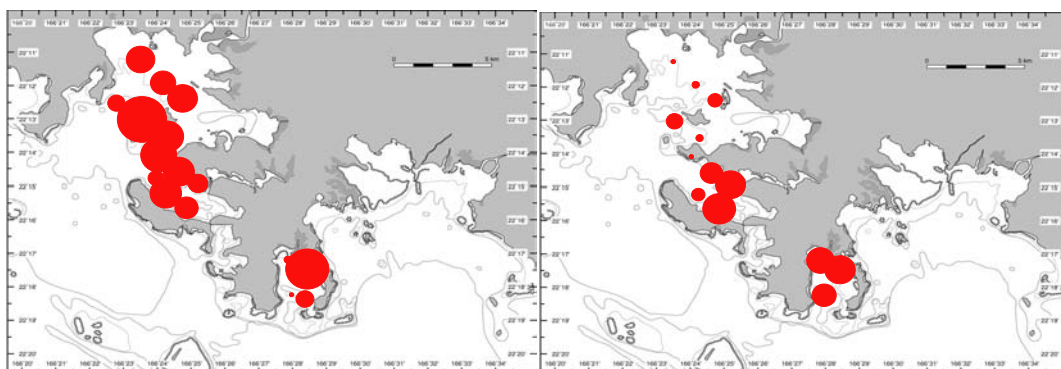
(13) Janvier 2003

(14) Février 2003



(15) Mars 2002

(16) Avril 2003



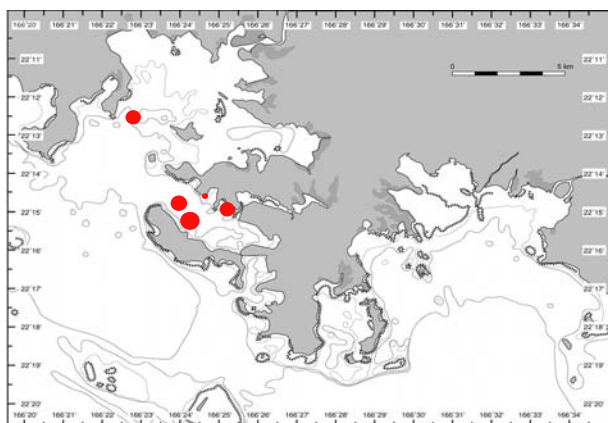
(17) Mai 2003

(18) Juin 2003

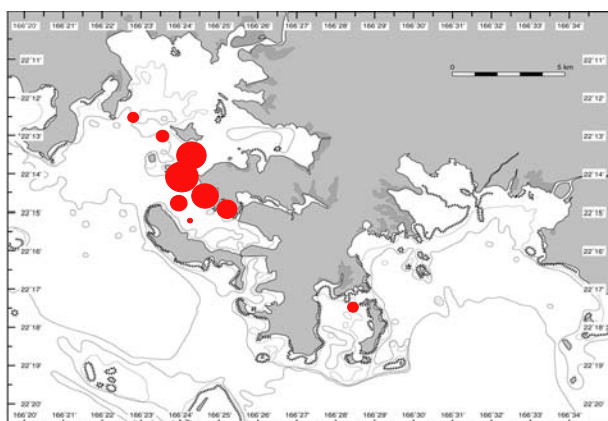


2.3 Annexe 2c : Cartographie des abondances de Pomacentridae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

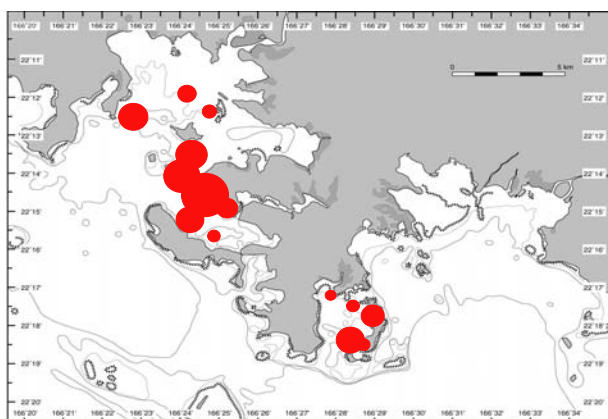
Les données ont été transformées grâce à une fonction du type : $x_2 = \text{Log}_{10}(x_1 + 1) * 10$. Sur les 14 mois de présence de la famille, ne sont représentés que ceux où les effectifs observés sont > à 10 poissons, de septembre (1) à novembre 2002 (3).



(1) Septembre 2002



(2) Octobre 2002



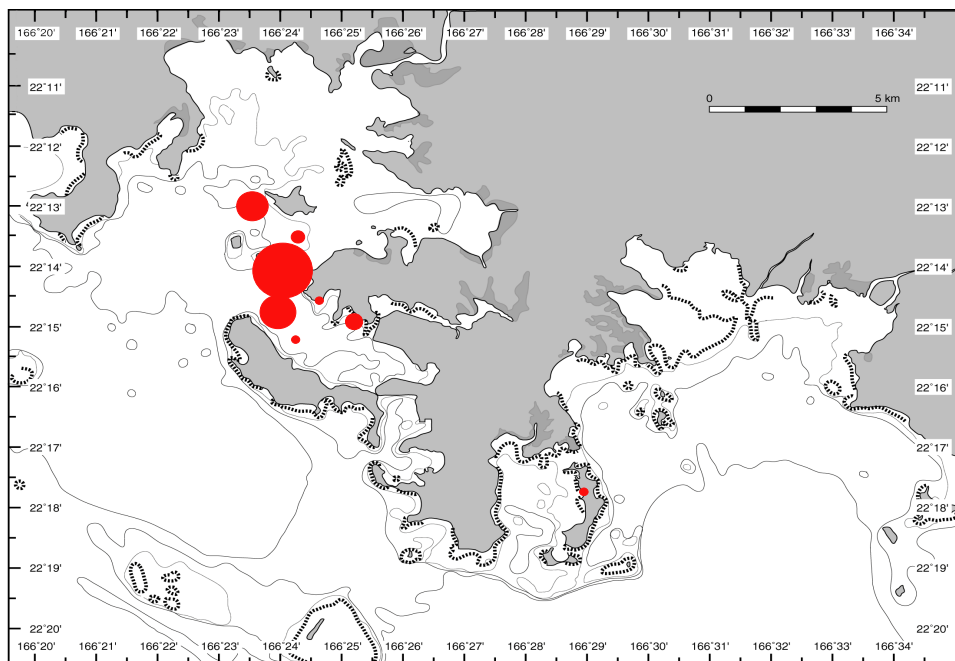
(3) Novembre 2002

Echelle : 1...47...84.....312

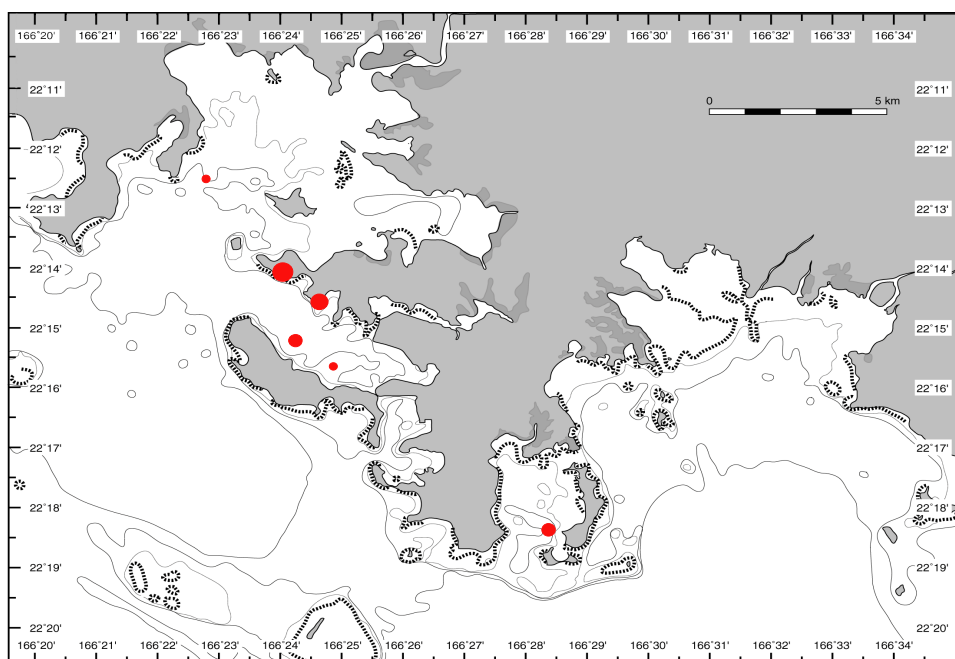
2.4 Annexe 2d : Cartographie des abondances de jeunes *Lethrinidae* capturées de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les données ont été transformées grâce à une fonction du type : $x_2 = \log_{10}(x_1 + 1) * 10$.

La famille est présente en septembre (n=1), octobre ((1) ; n=137) et novembre 2002 ((2) ; n=14) puis en janvier 2003 (n=2). Ne sont représentés que les mois où les effectifs sont supérieurs à 10 individus.



(1) Octobre 2002



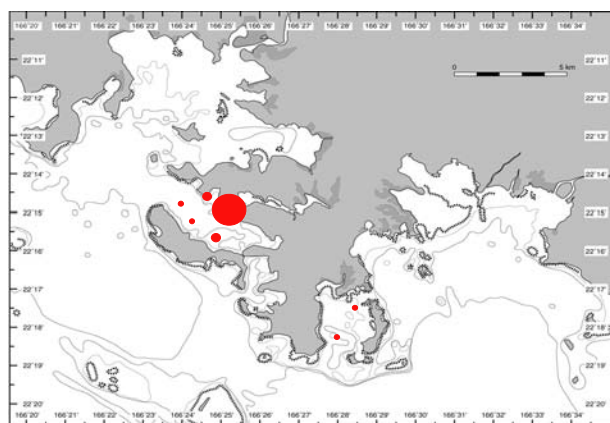
(2) Novembre 2002



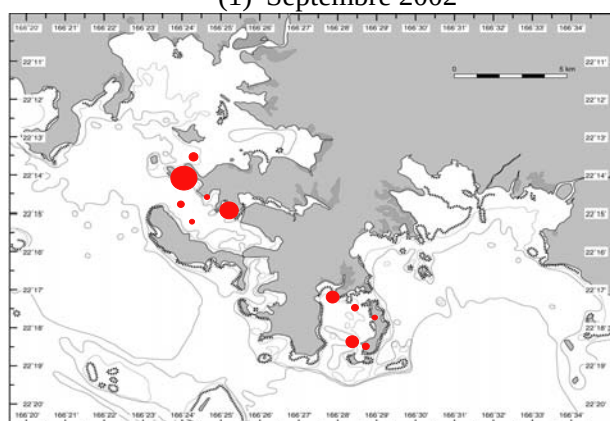
2.5 Annexe 2e : Cartographie des abondances de Blenniidae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les données ont été transformées grâce à une relation linéaire du type : $x_2 = x_1 + 2$.

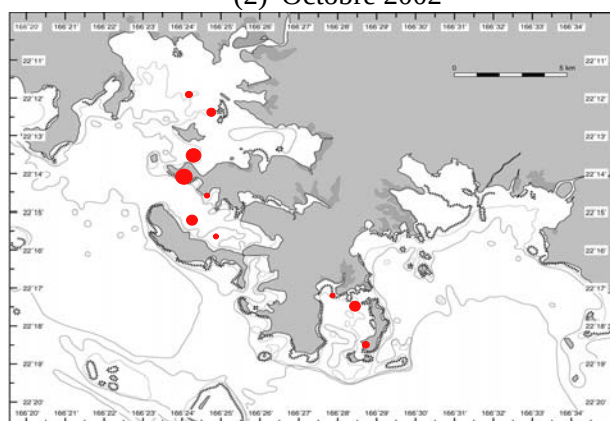
Sur les quatre mois de présence de la famille, ne sont représentés que ceux pour lesquels les effectifs observés sont supérieurs à 10 poissons : septembre (1), octobre (2) et novembre 2002 (3).



(1) Septembre 2002



(2) Octobre 2002



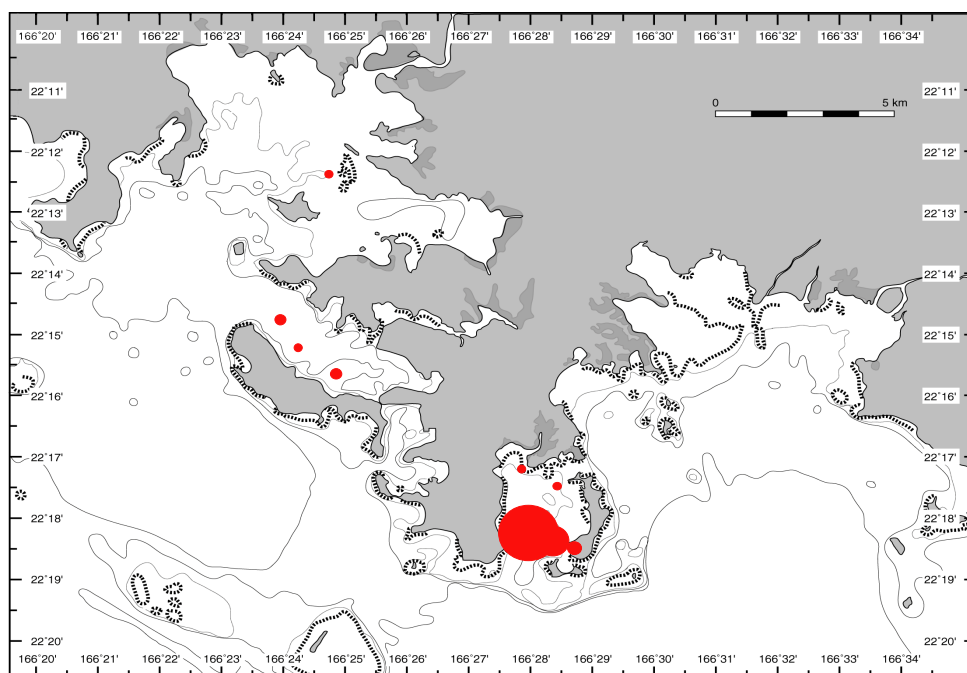
(3) Novembre 2002



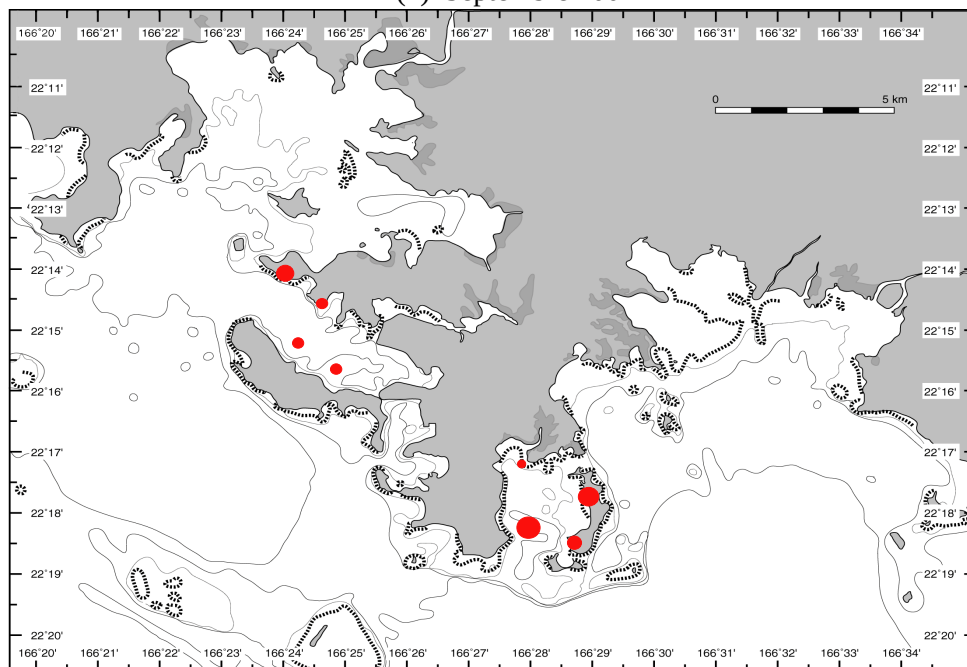
2.6 Annexe 2f : Cartographie des abondances d'Apogonidae capturées au piège lumineux de janvier 2002 à juin 2003 en baie de Dumbéa, Grande Rade et baie de Sainte-Marie.

Les données ont été transformées grâce à une relation liénaire du type : $x_2 = x_1 + 2$.

Sur les dix mois de présence de la famille, ne sont représentés que ceux pour lesquels les effectifs observés sont supérieurs à 10 poissons, soit les mois de septembre (1) et novembre 2002 (2).



(1) Septembre 2002



(2) Novembre 2002



3. Annexe 3 : Protocoles d'extraction de l'ADN de poisson utilisés au laboratoire

		Phénol chloroforme	CTAB
des tissus	❶	Prélever un morceau de tissu : muscle, branchie, nageoire ...	
	❷	Broyer les tissus en morceaux les plus petits possibles	
	❸	Laisser sécher quelques heures à température ambiante (tissus conservés dans l'alcool)	
	❹	ajouter 1 ml de tampon d'extraction (Tris 5mM, SDS 1%, EDTA 25mM) et 50 µl de protéinase K à 1 mg/ml	Ajouter 400 µl de solution de lyse (CTAB 2%, NaCl 1.4M, Tris-HCl 100mM EDTA 20mM) et 40 µl de protéinase K à 1mg/ml
	❺	Laisser digérer une nuit au bain-marie à 55°C	Incuber au bain-marie pendant quelques heures à 55°C
Purification	❶		Centrifuger quelques instants à pleine vitesse (13000 tpm)
	❷	Ajouter 1 volume de phénol chloroforme	Ajouter 400 µl de CHCl ₃
	❸	Mélanger délicatement pendant 10 minutes	Mélanger délicatement pendant 3 minutes
	❹	Centrifuger 10 minutes à 13000 tpm	Centrifuger 3 minutes à 3000 tpm
	❺	Prélever le surnageant et le transférer dans 2 nouveaux tubes (2 x 400 µl)	Transférer le surnageant dans un nouveau tube (~400 µl)
Précipitation	❶	Ajouter 40 µl d'acétate de sodium 3M, vortexer 10 secondes puis ajouter 800 µl d'éthanol absolu à -20°C	Ajouter 40 µl d'acétate de sodium 3M et 1 ml d'éthanol absolu à -20°C et mélanger lentement par inversion
	❷	Laisser au moins 3 heures au congélateur	Si l'ADN précipite sous forme de fuseau blanchâtre, récupérer ce fuseau et le transférer dans un nouveau tube rempli par 1 ml d'éthanol à 70%, mélanger et aller au point ❹
	❸	Centrifuger 15 minutes à 13000 tpm, puis enlever tout le surnageant et rincer avec 1 ml d'éthanol à 70%	Si rien n'est visible, centrifuger 5 minutes à 13000 tpm, puis enlever tout le surnageant et rincer avec 1 ml d'éthanol à 70%
	❹	Centrifuger 10 minutes à 13000 tpm	Centrifuger 2 minutes à 13000 tpm
	❺	Enlever tout le surnageant puis laisser sécher 5 minutes dans l'étuve à 70°C	
	❻	Remettre le culot en solution dans 100 µl d'eau ultra pure	

4. Annexe 4 : Séquences nucléotidiques

4.1 Annexe 4a : Séquences nucléotidiques de 12 espèces de Lethrinidae à un locus du cytochrome b, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.

Les zones surlignées font apparaître les séquences qui correspondent aux amorces.

pb = paire de bases

G. grandoculis

TACATTACACCTCCGACATCGCCACAGCATTCTCCTCCGTAGCACACATTTGCCGAGATGTCAACTTCGGATGACTCATTGTAACCTCCATGCCAACGG
AGCCTCATTTTCTTTATCTGTATCTATCTCCATATTGGCCGAGGACTATACTACGGCTCCTACCTATACAAAGAAACCTGAAATATCGGAAT

L. atkinsoni

TGCATTACACCTCCGACATCGCTACCGCCTTCTCCTCCGTGCCCCATATTTGCCGAGACGTCAACTATGGCTGACTCATCCGAATCTTCATGCAAACGG
AGCCTCCTTTCTTTTCATTGTCATCTACCTCCACATCGGTCGAGGCCATATTATGGCTCTTACCTTACAAAGAAACCTGAAATATCGGAAT

L. genivittatus

TACACTATACCTCCGACATCGCCACCGCCTTCTCCTCCGTGCCCCACATCTGCCGAGATGTCAACTACGGCTGACTTATCCGAACCTTCACGCAAACGG
AGCTTCTTCTTCTTCATCTGTATCTATCTCCACATTTGGCCGGGCTATACTACGGATCCTACCTTACAAAGAAACCTGAAATATCGGAAT

L. harak

TACATTATACCTCTGACATGGCTACGCTTCTCATCCGTTGCCACATTTGCCGAGACGTAACTACGGCTGACTCATCCGAACCTTCATGCAAACGG
GGCTCCTTCTTCTTCATCTGCATCTACCTCCACATCGGCCGAGGGCTGTATTATGGATCCTACCTTACAAAGAGACTTGAAACATTGGCGTT

L. lentjan

TACATTACACCTCCGACATCGCTACCGCCTTCTCCTCCGTGCCCCACATTTGCCGAGACGTCAACTACGGCTGACTCATCCGAACCTTCATGCAAACGG
AGCCTCCTTCTTCTTCATTGTCATCTACCTCCACATCGGCCGAGGCCGTGTACTATGGATCCTACCTTACAAAGAGACTTGAAACATCGGAAT

L. miniatus

TACACTACACCTCCGACATCGCCACAGCATTCTCCTCTGTGCCCCACATTTGCCGAGATGTAACTATGGCTGACTTATCCGAATCTTCACGCAAACGG
AGCCTCCTTTCTTCTTCATTGTCATCTACCTGCATATTGGACGAGGCTGTACTATGGGTCTACCTATATAAGAAACTTGAAATATCGGTAT

L. nebulosus

TACACTACACCTCCGACATCGCCACCGCCTTCTCATCCGTTGCCACATTTGCCGGGATGTCAACTACGGCTGACTCATCCGAATCTTCATGCAAACGG
AGCCTCCTTCTTCTTTATTTGTCATCTATCTCCACATCGGCCGAGGCCATATTACGGGTCTACCTTACAAAGAGACTTGAAACATTGGGGTT

L. obsoletus

TACACTACACCTCCGATATCGCTACCGCCTTCTCATCCGTTGCCACATTTGCCGAGACGTCAACTACGGCTGACTCATTGTAACCTTCACGCAAACGG
AGCCTCCTTCTTCTTCATCTGTATCTACCTCCACATCGGCCGAGGCCATATACTATGGGTCTACCTTACAAAGAACTTGAAACATCGGAAT

L. olivaceus

TACATTACACCTCTGATATCGCCACCGCCTTCTCCTCTGTGCGACACATTTGCCGAGACGTCAACTATGGCTGACTTATCCGAACCTCCACGCAAACGG
AGCCTCCTTCTTCTTTATTTGATTTATCTTCATATTGGCCGCGGCCATATACTATGGGTCTACCTTACAAAGAGACTTGAAACATCGGAAT

L. rubrioperculatus

TACATTACACCTCTGATATCGCCACAGCATTCTCCTCTGTGCGACACATTTGCCGAGACGTAACTATGGTTGGCTCATCCGAACCTCCACGCAAATGG
AGCCTCCTTCTTCTTCATCTGCATCTACCTCCATATTGGCCGCGGCCATATACTATGGATCTTACCTTACAAAGAACTTGAAATATCGGGTT

TACATTACACCTCTGATATCGCCACAGCATTCTCCTCTGTGCGACACATTTGCCGAGACGTAACTATGGTTGGCTCATCCGAACCTCCACGCAAATGG
AGCCTCCTTCTTCTTCATCTGCATCTACCTCCATATTGGCCGCGGCCATATACTATGGGTCTTACCTTACAAAGAACTTGAAATATCGGGTT

L. semicinctus

TACACTACACCTCCGATATCGCCACAGCCTTCTCTTCCGTTGCACACATTTGCCGAGACGTCAACTATGGCTGACTCATCCGAACCTCCATGCAAACGG
AGCCTCCTTCTTCTTCATCTGCATCTACCTACACATTTGGCCGGGCTATACTACGGATCCTACCTATACAAAGAACTTGAAATATCGGGTT

L. sp2

TACACTACACCTCTGATATCGCCACAGCCTTCTCCTCCGTTGCACACATCTGCCGGGACGTCAATTATGGTTGACTTATCCGAATCTTCATGCAAACGG
AGCCTCCTTTCTTCTTCATCTGCATTTATCTCCACATTTGGCCGTGGGCTATACTACGGGTCTACCTATACAAAGAACTTGAAACATCGGAAT

LETH CYTB UN 3

5' - TACACTACACCTCCGATATCGCCAC - 3'

LETH CYTB UN 5

5' - AACCCGATATTTCAAGTTTCTTTGTA - 3'

Les amorces amplifient un fragment de 194 pb du gène du cytochrome b.

4.2 Annexe 4b : Séquences nucléotidiques de 12 espèces de Lethrinidae à un locus du cytochrome b, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.

Les zones surlignées font apparaître les séquences qui correspondent aux amorces.

pb = paire de bases

G. grandoculis

CTTGGAGACCCAGACAACCTTACACCCGCAAAATCCCTCGTAACACCTCCCCACATTAAGCCAGAATGATATTTCTATTTGCATACGCGATCCTACGTT
CAATCCCAATAAACTTGGCGGCTACTCGCGCTTCTGGCTCCATCCTGGTTCTTATAGTGGTGCCATCTCCAC

L. atkinsoni

CTAGGAGACCCAGACAATTTACCCCGCTAACCCGCTAGTTACTCCACCCACATCAAACCCGAATGGTATTTCTCTTCGCTTACGCTATCCTACGTT
CAATCCCAATAAACTAGGAGGTGTCTTAGCCCTACTTGCCTCCATCCTGGTCTTATAGTGTACCAATCTTGCAT

L. genivittatus

CTTGGTGATCCGATAACTTACCCAGCCAATCCTCTAGTCACCCACCTCACATTAACCTGAATGGTACTTCTATTCGCTTACGCCATCCTTCGTT
CAATCCCAATAAACTAGGCGGAGTCTGGCCCTTCTCGCTCCATCCTTGTCTTATAGTGTACCAATCTTGCAT

L. harak

CTTGGTGACCCAGACAACCTTACCCCGCTAACCCGCTAGTTACGCCACCTCACATTAAGCCTGAATGATACTTCTATTTGCCTACGCTATTCTACGTT
CAATCCCAATAAACTAGGAGGAGTCTAGCCTTGTCTTCCATTCTAGTTCTTATAGTGGTGCCATCTGCAC

L. lentjan

CTTGGCGACCCAGACAATTTACGCCCAACCCGCTAGTCACCCGCCCCACATCAAGCCTGAATGATACTTCTCTTTGCCTACGCCATTCTACGTT
CAATCCCAATAAACTAGGAGGCGTTTAGCTCTACTTGCATCTATCTAGTTCTTATAGTGTGCCATCTGCAC

L. miniatus

CTCGGTGACCCAGACAATTAACCTTACCCCGCAACCCACTAGTCACACCCCTCACATTAAGCCTGAATGGTACTTCTTTTTGCATACGCAATCCTTCGCT
CAATCCCAATAAACTAGGAGGAGTCTAGCGCTACTTGTCTCCATTCTTGTCTTATAGTGGTGCCAAATTCTACAC

L. nebulosus

CTCGGTGATCCAGACAATTTACCCCGCAACCCGCTAGTTACTCCCCACACATTAAGCCTGAATGATACTTCTCTTTGCCTACGCTATTCTACGTT
CAATCCCAATAAACTAGGAGGTGTCTAGCCCTACTTGCCTCCATCCTAGTCTTATAGTGTGCCAATCTCCAC

L. obsoletus

CTTGGTGACCCAGACAATTTACACCCGCAACCCATTAGTCACCCCGCCCCACATTAAGCCTGAATGGTACTTCTCTTTGCCTACGCTATCCTACGTT
CAATCCCAATAAACTAGGCGGAGTCTAGCCTTGTCTTGCCTCTATCTAGTCTTATAGTGTGCCAATTCTGCAC

L. olivaceus

CTCGGTGACCCAGACAACCTTACCTCAGCCAACCCCTTAGTTACCCCTCCCATATCAAGCCGAATGATACTTTCTCTTTGCCTATGCCATCCTCCGAT
CAATCCCTAACAACTAGGGGGGTCTAGCCCTACTTGCCTCCATCTTAGTCTTATAGTGTCCAAATTCTACAC

L. rubrioperculatus

CTTGGTGACCCAGACAACCTTACCCCGCAACCCCTGGTTACTCCGCCCATATTAACCTGAATGATACTTCTCTTTGCATACGCTATCCTTCGAT
CAATCCCAATAAACTAGGGGGTGTCTGGCCCTACTTGTCTCCATCTTAGTCTTATAGTGTCCGATCTCCAC

CTTGGGACCCAGACAACCTTACCCCGCAACCCCTGGTTACTCCACCCATATTAACCTGAATGATACTTCTCTTTGCATACGCTATCCTTCGAT
CAATCCCAATAAACTAGGGGGTGTCTGGCCCTACTTGTCTCCATCTTAGTCTTATAGTGTCCGATCTCCAC

L. semicinctus

CTTGGTGACCCAGACAACCTTTACCCCTGCCAACCCACTAGTCACTCCACCCATATCAAACCTGAATGATACTTCTCTTTGCCTACGCCATCCTTCGAT
CGATCCCTAATAAACTAGGGGGAGTCTTAGCCCTCCTTGCCTCTATTCTAGTCTTATAGTGTACCAATTCTACAC

L. sp2

CTTGGAGACCCAGACAATTTTACCCCGCAACCCGCTAGTTACCCACCTCACATCAAGCCGAATGATACTTCTCTTTGCATACGCTATCCTCCGAT
CAATCCCTAATAAGCTAGGAGGAGTCTGGCCCTCCTTGCCTCTATTTGGTTCTTATAGTGTACCTATCTCCAC

LETH CYTB DEUX 3

5' -GTGTAGAATTGGCACCACATAAG-3'

LETH CYTB DEUX 5

5' -CTTGGTGACCCAGACAACCTTACC-3'

Les amorces amplifient un fragment de 177 pb du gène du cytochrome b.

4.3 Annexe 4c : Séquences nucléotidiques de 2 espèces de Lethrinidae au locus de l'ARNr 16S, séquences nucléotidiques du couple d'amorces amplifiant ce locus et taille du fragment amplifié.

Les zones surlignées font apparaître les séquences qui correspondent aux amorces.

pb = paire de bases

L. ornatus

GACCTGTATGAATGGCATAACGAGGGTTCAACTGTCTCCTCTCTCAAGTCAGTTAAATTGATCTCCCGTGCAGAAGCGGGGATAGCACCATAAGACGAG
AAGACCCTATGGAGCTTTAGACACCAAGGTAGATTATGTTTAACCTTCTTCGACAAGAGAAGAAAACTAAATAAACCCCTGCCCTAATGTCTTTGTT
GGGGC

L. rubrioperculatus

GACCTGTATGAATGGCATAACGAGGGTTCAACTGTCTCCTCTCTCGAGTCAGTTAAATTGATCTCCCGTGCAGAAGCGGGGATAGCCCATAGACGAG
AAGACCCTATGGAGCTTTAGACACCAAGGCAGACTTATGTTTAACCTTCTCCAATACGAGAAGAAAACTAAATAAGCTCTGCCCTAATGTCTTTGTT
GGGGC

LETH 16 S 3

5' - GCCCAACCAAGACATTAGGGCAG - 3'

LETH 16 S 5

5' - GACCCGTATGAATGGCATAACGAG - 3'

Les amorces amplifient un fragment de 205 pb du gène de l'ARNr 16S.

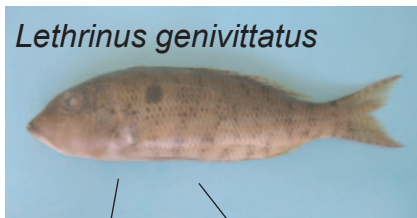
5. Annexe 5. Bossus et becs de cane de Nouvelle-Calédonie

BOSSUS ET BECS DE CANE DE NOUVELLE-CALÉDONIE

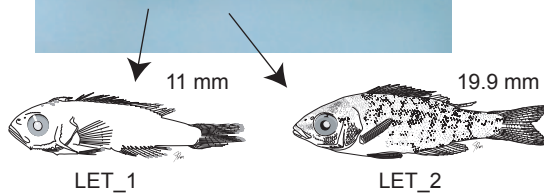
Lethrinus atkinsoni



Lethrinus genivittatus



Lethrinus harak



Lethrinus lentjan



Lethrinus miniatus



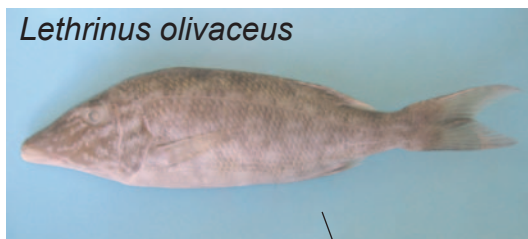
Lethrinus nebulosus



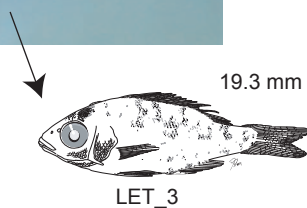
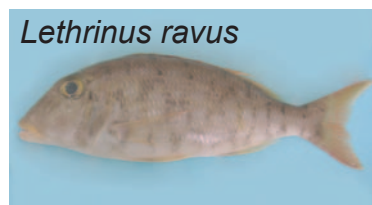
Lethrinus obsoletus



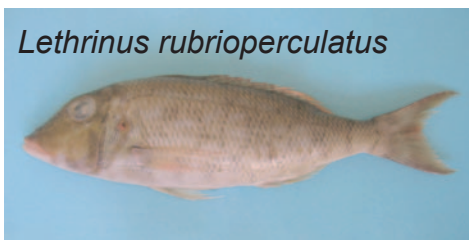
Lethrinus olivaceus



Lethrinus ravus



Lethrinus rubrioperculatus



Lethrinus semicinctus



Lethrinus variegatus



Monotaxis grandoculis



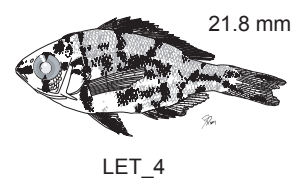
Gymnocranius microdon



Gymnocranius euanus



Gymnocranius grandoculis



RÉSUMÉ

Partie A : Distribution spatio-temporelle des jeunes poissons à l'échelle locale ; richesse spécifique, abondances et identification des facteurs environnementaux les plus structurants

La présente étude avait pour but de décrire les assemblages de jeunes poissons dans les zones côtières du lagon de Nouvelle-Calédonie, et de relier la structure de ces assemblages avec des facteurs environnementaux locaux. Des échantillons de jeunes poissons ont été collectés à l'aide de pièges lumineux dans trois baies proches de Nouméa pendant 18 mois (de janvier 2002 à juin 2003). La température, la salinité et la turbidité dans la colonne d'eau ont été mesurées et associées à des données météorologiques, bathymétriques, de distance à la côte et de type de fond. 43 002 jeunes poissons ont été récoltés, répartis en sept ordres et dominés par les Clupéiformes (>96%), les Perciformes (3%), les Tetraodontiformes (0,2%) et les Atheriniformes (0,1%). Parmi les 26 familles identifiées, certaines sont présentes toute l'année dans les trois baies et d'autres exclusivement en début ou en fin d'année. Aucune différence évidente ne permet de distinguer les trois baies d'après leurs caractéristiques environnementales. Cependant, les assemblages y sont différents huit mois sur 18. Les Clupeidae, Engraulidae, Pomacentridae et Lethrinidae contribuent majoritairement à ces différences. De par la forte saisonnalité qui caractérise à la fois l'environnement et les assemblages de jeunes poissons en Nouvelle-Calédonie, une méthode d'analyse originale, l'analyse triadique partielle à K-tableaux STATICO, a été appliquée. Cette méthode a permis de mettre en évidence une relation stable dans le temps entre la structure des assemblages et les variables environnementales étudiées, influencée surtout par la direction moyenne du vent et la pluviométrie pour les assemblages totaux, et le marnage, la vitesse et la direction du vent lorsque les Clupeidae et Engraulidae sont exclus du jeu de données. De nombreuses familles de poissons commerciaux ont été recensées dans les trois baies d'étude. Cette diversité et les fortes abondances rencontrées dans les trois baies permettent de supposer que, en Nouvelle-Calédonie, les zones côtières participent davantage au cycle de vie des poissons récifaux qu'autour des îles océaniques où la distance de la côte à la barrière récifale est moindre.

Partie B : Identification des premiers stades de vie de poissons à l'aide de techniques morphologiques complétées par des outils moléculaires

Afin d'analyser de façon approfondie la composition et les facteurs structurants des communautés de jeunes poissons, il est nécessaire d'identifier les individus à l'espèce. Ceci est a priori possible à l'aide de marqueurs moléculaires, pourvu que ceux-ci (ou une combinaison de plusieurs d'entre eux) soient variables d'une espèce à l'autre et idéalement monomorphes à l'intérieur de chaque espèce. La démarche suivie au cours du présent travail a été (1) constituer une collection d'ADN des différentes espèces d'Engraulidae et de Lethrinidae présentes en Nouvelle-Calédonie ; (2) mettre au point des marqueurs génétiques (introniques, mitochondriaux) diagnostiques des espèces ; (3) déterminer à l'espèce, à l'aide de ces marqueurs, les larves et juvéniles préalablement répartis en différents groupes anonymes d'après leur morphologie générale, leur méristique, ainsi que leurs patterns de pigmentation. Pour chaque individu, un fragment du génome mitochondrial (gène du cytochrome *b* chez les Engraulidae ; gène de l'ARNr 16S chez les Lethrinidae) a été amplifié par la réaction de polymérisation cyclique (PCR) et soumis à une analyse de polymorphisme de conformation simple-brin (SSCP). Des introns de gènes nucléaires [aldolase B, créatine-kinase, hormone de contrôle de la gonadotropine (GnRH-3), métallothionéine] ont également été amplifiés par PCR chez les Lethrinidae et soumis à une analyse de polymorphisme de longueur. Les profils observés à l'aide de ces différents marqueurs ont été comparés à ceux obtenus pour une collection d'adultes de référence. La PCR / SSCP d'un fragment du gène du cytochrome *b* permet de distinguer entre elles les trois espèces du genre *Encrasicholina* (*E. devisi*, *E. heteroloba*, *E. punctifer*). Seules *E. devisi* et *E. heteroloba* étaient présentes dans les échantillons de juvéniles. La PCR / SSCP d'un fragment du gène de l'ARNr 16S permet de distinguer entre eux les trois genres *Gymnocranius*, *Lethrinus* et *Monotaxis*, ainsi qu'entre elles toutes les espèces du genre *Lethrinus* présentes dans notre collection de référence (*L. atkinsoni*, *L. genivittatus*, *L. harak*, *L. lentjan*, *L. miniatus*, *L. nebulosus*, *L. obsoletus*, *L. olivaceus*, *L. ravus*, *L. rubrioperculatus*, *L. semicinctus*, *L. variegatus*, *L. xanthochilus*). *L. genivittatus* dominait largement dans les échantillons de juvéniles. L'autre espèce identifiée parmi ces derniers était *L. olivaceus*. Un seul individu, probablement du genre *Gymnocranius*, n'a pu être identifié à l'espèce. Les profils de longueur d'intron à deux locus de l'aldolase B et au locus de la GnRH-3 étaient en accord avec ces résultats.