

Différenciation génétique des populations de *Chrysichthys nigrodigitatus* (Lacépède, 1803) .

(1) Béatrice Gourène et (2) Jean François Agnèse.

(1) Centre de Recherches Océanologique, B P V18, Abidjan, Côte d'Ivoire.

(2) ORSTOM, Centre de Recherches Océanologique, B P V18, Abidjan, Côte d'Ivoire.

Introduction

Chrysichthys nigrodigitatus est une espèce de Claroteidae que l'on trouve dans la plupart des bassins hydrographique du Sénégal jusqu'en Angola. Dans le milieu naturel, ce poisson se nourrit de larves d'insectes, de petits mollusques, d'alevins, d'hémiptères nageurs mais aussi de zooplancton. *Chrysichthys nigrodigitatus* est une des espèces de Siluriforme d'intérêt piscicole. Pour cette raison, il est apparu nécessaire d'étudier la variabilité génétique des populations naturelles sur une vaste zone représentant la majeure partie de son aire de répartition. Une précédente étude a été réalisée grâce à l'électrophorèse des protéines enzymatiques, Agnèse *et al.* (1989), sur les populations de Côte-d'Ivoire et du Mali. Cette étude a montrée l'existence d'une grande différenciation entre la population du fleuve Niger (à Bamako) et celles des principaux bassins de Côte d'Ivoire (Bandama, Sassandra lagunes Ebrié et Aby). Au cours de ce travail, nous avons utilisé les mêmes techniques biochimiques mais nous avons étendu l'air de répartition des populations étudiées.

Matériel et méthode

Neuf échantillons représentant autant de populations de *Chrysichthys nigrodigitatus* ont été étudiés : Layo et S.I.A.L. (Côte d'Ivoire), Dagana (Sénégal), Sélingué (Mali), Battor (Ghana) Kouilou et Louémé (Congo). Les échantillons ont été conservés à -80°C jusqu'à leur analyse. La SIAL ou Societé Ivoirienne d' Aquaculture Lagunaire est une ferme piscicole où un échantillon de poissons domestique a été pris à titre comparatif.

Trois indices ont été utilisés pour évaluer la variabilité génétique : la diversité allélique (A) qui est le nombre moyen d'allèles par locus, le taux de polymorphisme (P) qui correspond au nombre de locus polymorphes par rapport au nombre de locus étudiés, l'hétérozygotie moyenne (H), Nei (1978).

Les tests de déviation des fréquences alléliques par rapport à celles attendues sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg ont été effectuées à l'aide du test G fourni par le programme BIOSYS de L. Swoford (1989).

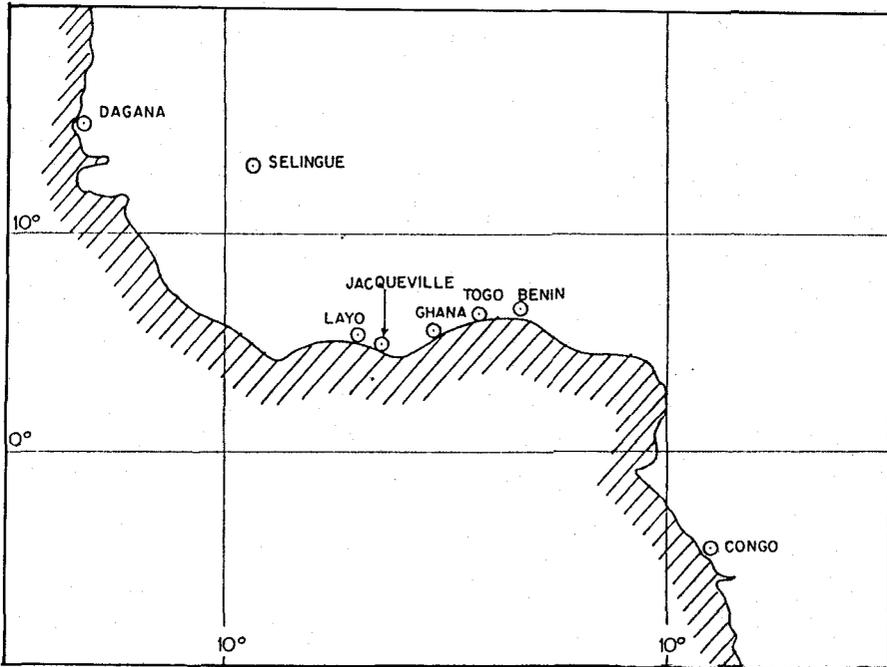


Figure 1. Sites d'échantillonnage des populations de *Chrysichthys nigrodigitatus*.

La divergence génétique entre les échantillons a été évaluée par une méthode d'agglomération hiérarchique à partir d'une matrice de distance de Rogers (1972). Cette matrice obtenue à partir du tableau de fréquences alléliques a été traitée par le programme FITCH de J. Felsenstein (Department of genetics, Université de Washington, Seattle, Washington 98195) utilisant l'algorithme d'agglomération de Fitch et Margoliash (1967). Le tableau de fréquences alléliques a également été transformé en une matrice de présence/absence d'allèles. Cette matrice a été traitée par un algorithme de parcimonie (Eck et Dayhoff, 1966; Kluge et Farris, 1969) par le programme MIX de J. Felsenstein.

Résultats

L'étude du polymorphisme enzymatique de *C. nigrodigitatus* a porté sur 22 locus (tableau I). Les locus polymorphes, la fréquence des allèles et les indices estimant le degré de polymorphisme sont résumés dans le tableau II. Tous les locus étudiés se sont révélés monomorphes pour le même allèle dans les deux échantillons du Congo (Kouilou et Louéme). Pour cette raison, ces deux échantillons ont été considérés comme représentant une seule population dans l'analyse. Dans l'ensemble des échantillons, 15 des 22 locus étudiés sont monomorphes pour le même allèle. Ce sont : AAT1, AAT2, EST2, GPI1, IDH1, SOD2, AK, CK, LDH1, LDH2, MDH1, MDH2, FUM, α GPD.

Tableau I. Liste des systèmes recherchés, des tissus et des tampons utilisés dans l'étude du polymorphisme enzymatique de *chrysichthys nigroditatus*, F : foie, M : muscle, O : oeil. Pour la composition des tampons voir Pasteur *et al* (1987).

Systèmes enzymatiques	locus	tissus			tampons
Aspartate aminotransf. (EC 2.6.1.1)	AAT-1	F	M	O	TC 6,7
	AAT-2	F	M	O	TC 6,7
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)	AK		M	O	MC 2
Creatine kinase (EC 3.1.3.1)	CK		M	O	MC 2
Esterase (E.C 3.1.1.1)	EST-1	F			TM 6,9
	EST-2	F			TM 6,9
Fructose biphosphatase (EC 3.1.3.11)	FBP	F			TM 6,9
Fumarase hydratase (EC 4.2.1.2)	FH		M	O	MC 2
Glucose 6 p isomérase (EC 5.3.1.9)	GPI1	F	M	O	TC6,7
	GPI2	F	M	O	TC6,7
Isocitrate deshydrogenase (EC 1.1.1.14)	IDHP-1		M	O	TC 6,7
	IDHP-2	F			TC 6,7
Lactate deshydrogenase (EC 1.1.1.27)	LDH-1		M	O	PC 6,3
	LDH-2	F		O	TC 6,7
Malate deshydrogenase (EC 1.1.1.37)	MDH-1		M		PC 6,3
	MDH-2		M		MC 2
Manose 6-phosphate isomérase (EC 5.3.1.8)	MPI	F			TM 6,9
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)	PGM		M		TM 6,9
Protéines totale	PROT-1		M		PC 6,3
Superoxyde dismutase (EC 1.15.1.1.)	SOD-1	F			TM 6,9
	SOD-2	F			TC 6,7

Le nombre d'allèles par locus (A) est de 1.16 en moyenne mais il varie de 1 (Congo) à 1.32 (Layo). Le taux de polymorphisme moyen (P) est de 9.60, il varie de 0.00 (Congo) à 18.18 (Côte-d'Ivoire) au seuil 95% (un locus est considéré polymorphe si l'allèle majoritaire a une fréquence inférieure ou égale à 95%).

Le taux d'hétérozygotie moyen (H) varie de 0.0 (Congo) à 0.081 (Côte-d'Ivoire). Sa valeur moyenne est de 0.044.

Sur les sept locus polymorphes, seul le locus SOD1 dans l'échantillon de Jacquville présente une distribution des génotypes différente de celle attendue sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy Weinberg. Ceci pourrait être dû à une erreur de lecture, un hétérozygote ayant été pris pour un homozygote.

Certains échantillons sont caractérisés par la présence d'allèles diagnostiques, c'est à dire d'allèles que l'on ne trouve que dans ces populations. Ce sont : le Ghana avec l'allèle D de GPI2, Sélingué, avec les allèles B et C de IDHP, les échantillons de Côte-d'Ivoire avec l'allèle A de EST1 et de SOD1 et l'allèle B de PT, le Togo et le Bénin avec l'allèle E de IDHP, Sélingué et Togo avec l'allèle C de GPI2.

Le phénogramme obtenu à partir des distances génétiques, avec le programme FITCH (fig. 2), montre que les populations sont génétiquement structurées. On observe trois groupes : 1) les échantillons de Côte d'Ivoire, 2) échantillons du Congo, et enfin 3) du Togo, Bénin; Ghana; Sénégal et Mali .

Le réseau obtenu à partir de la matrice de présence/absence, avec le programme MIX (fig. 3), montre une répartition des échantillons selon les trois groupes précédemment décrits.

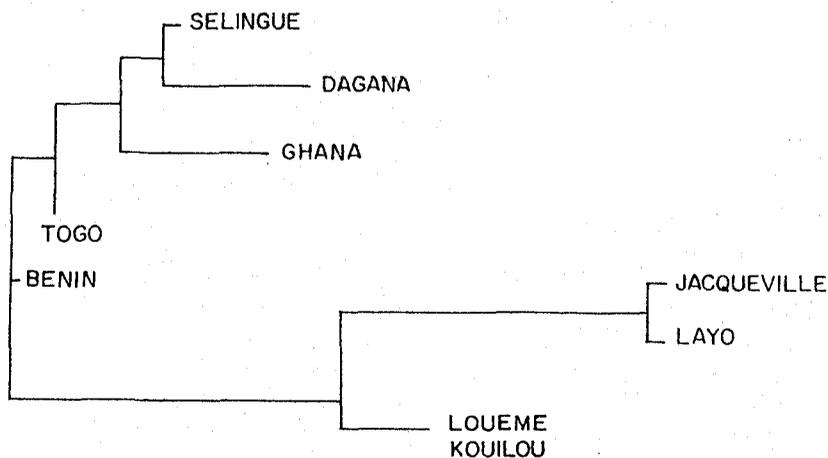


Figure 2. Dendrogramme représentant les affinités génétiques entre les différents échantillons de *C. nigrodigitatus*, obtenu grâce au programme FITCH à partir de la matrice de distance génétique.

Le taux d'hétérozygotie le plus élevé a été observé dans l'échantillon de Layo (0.081) et dans celui de la population domestique de la SIAL (0.08). Cette population domestique (cinquième génération de captivité) est issue de géniteurs prélevés dans le milieu naturel près de Layo (lagune Ebrié). La technique d'élevage utilisée permet d'éviter des pertes de variabilité génétique. En effet le grand nombre de géniteurs utilisés (plusieurs centaines), mais aussi l'introduction systématique de nouveaux géniteurs sauvages pris dans le milieu naturel permet de maintenir une variabilité génétique comparable à celle de la population sauvage originelle.

Les analyses phylogénétiques (phénétique ou cladistique) ont permis de mettre en évidence une différenciation des populations ainsi que leur structuration génétique. Les échantillons sont répartis en trois groupes. Le premier groupe est constitué des populations de Côte d'Ivoire (Layo et Jacqueville) individualisées par l'acquisition des allèles C de FBP, B de PT et A de SOD1. Layo en plus de ces allèles communs avec Jacqueville possède également l'allèle B de EST- I. Le deuxième groupe est formé des échantillons du Congo, ils se différencient des autres par la perte des allèles B de FBP, D de PGM et par l'allèle A de EST-I. Le dernier groupe se caractérise par la perte des allèles A de EST I et PGM; la possession de l'allèle B de GPI-2. Au sein de ce groupe, l'ensemble Ghana, Togo et Bénin se différencie des échantillons de Sélingué et Dagana par l'acquisition de l'allèle D de IDPH-2. L'échantillon du Ghana s'individualise de ceux du Togo et du Bénin par la perte de l'allèle A de FBP et la possession de l'allèle D de GPI-2. L'échantillon du Togo, en plus de l'allèle E de IDHP-2 qu'il a en commun avec l'échantillon du Bénin se différencie de ce dernier par la possession de l'allèle C de GPI-2.

L'ensemble Sélingué - Dagana ne possède pas l'allèle D de GPI-2 et l'échantillon de Sélingué se différencie de celui de Dagana par la possession des allèles C de FBP, GPI-2 et de IDHP-2 et B de IDHP-2.

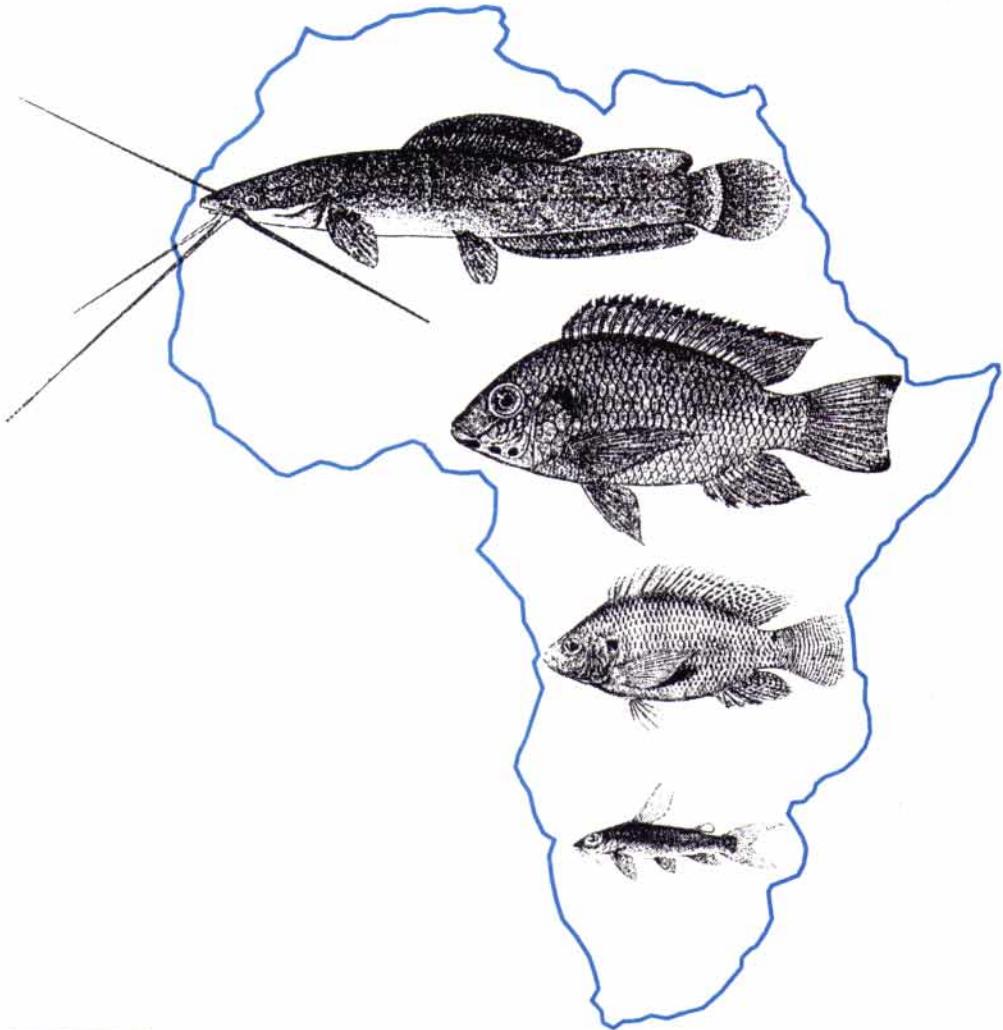
Conclusion

Cette étude des populations de *Chrysichthys nigrodigitatus* par la technique de l'électrophorèse des protéines enzymatiques a montré l'importance et la répartition de la variabilité génétique de ces populations. Les populations de la Côte d'Ivoire sont les plus polymorphes, même lorsqu'il s'agit d'une population domestique (Jacqueville). A l'inverse, celles du Congo sont les plus monomorphes. D'un point de vue piscicole, des croisements entre des individus du Niger et ceux de Côte d'Ivoire permettraient d'obtenir une souche possédant la plupart des allèles de l'espèce. Une telle souche serait susceptible de présenter des avantages zootechniques (vitesse de croissance, résistance aux maladies) en raison de son importante variabilité génétique.

ATELIER

BIODIVERSITÉ ET AQUACULTURE EN AFRIQUE

ABIDJAN 21/25 NOVEMBRE 1994



cro
CENTRE DE RECHERCHES
OCÉANOGRAPHIQUES
ABIDJAN



UNION EUROPÉENNE

ORSTOM

INSTITUT FRANÇAIS DE RECHERCHE SCIENTIFIQUE
POUR LE DÉVELOPPEMENT EN COOPÉRATION