

## Différenciation génétique de 20 populations d'*Oreochromis niloticus* (Linnaeus, 1758).

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

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

### Introduction

*Oreochromis niloticus* est une espèce de tilapia dont l'aire de répartition s'étend de l'Afrique de l'Ouest (on le trouve dans le Sénégal, le Niger et la Volta) jusqu'aux rivières et lacs de la vallée du Rift en passant par le Nil. C'est l'espèce de tilapia la plus utilisée en pisciculture tropicale. Son comportement reproducteur, incubation buccale des oeufs par la femelle, lui a valu d'être rangée dans le genre *Oreochromis* par Trevawas, (1983). Les populations qui composent cette espèce sont relativement différenciées morphologiquement puisque Trevawas (1983) décrit sept sous espèces : *Oreochromis niloticus niloticus* (dans le Nil et les bassins d'Afrique de l'Ouest) *O. n. cancelatus* (dans les lacs et rivières d'Ethiopie), *O. n. filoa* (dans les sources d'eau chaude du système de l'Awash en Ethiopie), *O. n. barengoensis* (dans le lac Baringo), *O. n. vulcani* (dans le lac Turkana), *O. n. sugutae* (dans la rivière Suguta) et *O. n. eduardianus* (dans les lacs Eduard, Kivu, Albert, Tanganika). Une huitième sous espèce a été décrite par Seyoum et Kornfield (1992a); *Oreochromis niloticus tana* qui vit dans le lac Tana sur le Nil bleu.

Seyoum et Kornfield (1992a) ont étudiés les populations d'Afrique de l'Est alors que Rognon (1993) a étudié les populations d'Afrique de l'Ouest et du Nil. Au cours de ce travail, nous avons étudié le polymorphisme des protéines enzymatiques d'un nombre important (18) de populations naturelles de cette espèce. Notre étude prend en compte la quasi totalité des sous espèces existantes (seule la sous-espèce *O. n. tana* est absente).

### Matériel et méthodes

Après dissection sur place, les échantillons ont été conservés dans l'azote liquide jusqu'au laboratoire où ils ont été maintenus à -80°C jusqu'à leur analyse. Un total de 583 individus ont été analysés, représentant 20 populations et sept sous espèces (Fig. 1): *O. n. niloticus*, Sénégal (Dagana), Niger (Sélingué et Bamako), Tchad (lac Tchad, N'djamena) Volta (Battor) et Nil (Chobra, Caire, Manzalla); *O. n. cancelatus*, lacs

Ziway, Awasa, Koka; *O. n. filoa*, sources chaudes dans le bassin de la rivière Awash (Sodoré); *O. n. sugutae*, rivière Suguta à Kapédo; *O. n. eduardianus*, Lac Eduard; *O. n. baringoensis*, lac Baringo; *O. n. vulcani*, lac Turkana à Loyangalani. Trois échantillons ont été prélevés dans des stations piscicoles, Quaroun en Egypte, la souche Bouaké d'une part et la souche Volta d'autre part de la station piscicole (Institut DES SAVANES) de Bouaké en Côte d'Ivoire.

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. 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 (Département 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 (1/0) d'allèles. Cette matrice a ensuite été traitée par un algorithme de parcimonie (Eck et Dayhoff, 1966; Kluge et Farris, 1969) par le programme MIX de J. Felsenstein.

## Résultats et discussion

Sur les 25 locus qui ont été étudiés, seul 10 se sont révélés polymorphes. Parmi ces derniers, FBP1 présente un allèle, FBP1-110, dans les populations de la sous espèce *O. n. cancelatus* (lacs Ziway, Awasa, Koka, rivière Awash) et dans celle de *O. n. filoa* (Sodoré). De même, l'allèle FBP2-110 n'est présent que dans l'échantillon de *O. n. edouardianus*. Le locus LDH2 est représenté par 2 allèles Ldh2-100 et Ldh2-80 dans la Volta. On retrouve ces deux allèles dans l'échantillon domestique de Bouaké-Volta.

Comparativement à d'autres espèces de tilapia, *O. niloticus* est très peu polymorphe (0.0 % < P < 3 %). Chez *Sarotherodon melanotheron* par exemple, on observe des valeurs de P égales à 15 % (Pouyaud, 1994). L'hétérozygotie est également faible, elle varie de 0.0% à 4.5% . Par comparaison, cette hétérozygotie varie de 2,8% à 9,7% chez *Sarotherodon melanotheron* (Pouyaud, 1994).

Le phénogramme obtenu (fig 2) montre que les populations sont génétiquement structurées. Elles se regroupent en fonction de leur origine géographique. Ainsi, les populations de l'ouest et du nord de l'Afrique sont nettement séparées de celles de l'Est. Le regroupement des populations correspond également aux sous espèces décrites par Trewavas (1983). Les sous espèces sont donc bien génétiquement différenciées à l'exception de *O. n. filoa* (Sodoré) qui ne se distingue pas du groupe des échantillons de *O. n. cancelatus*.



Figure 1. Carte de répartition des points d'échantillonnage des populations de *O. niloticus*.

Tableau 1: Liste des systèmes étudiés, des tissus et des tampons utilisés dans l'étude du polymorphisme enzymatique de *Oreochromis niloticus*. F: foie; M : muscle; O : oeil; TC 6,7 : Tris citrate pH 6,7; TEB 8,6 : Tris Edta Borate pH 6,8; MC 2 Amine Citrate pH 6,1; RW : Ridgeway pH 8,0.

Systèmes enzymatiques	Locus	Tissus			Tampons
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	AAT-1	F	M	O	TC 6,7
	AAT-2	F		O	TC 6,7
	AAT3		M	O	TC 6,7
Alcohol deshydrogenase (EC 1.1.1.1)	ADH	F			MC 2
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)	AK		M		MC 2
Creatine kinase (EC 3.1.3.1)	CK-1		M	O	MC 2
	CK-2		M	O	MC 2
Fructose biphosphatase (EC 3.1.3.11)	FBP-1		M		MC 2
	FBP-2	F			MC 2
Fumarase hydratase (EC 4.2.1.2)	FH		M		MC 2
Glucose 6 phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)	GPI1		M		RW
	GPI2	F		O	RW
Isocitrate deshydrogenase (EC 1.1.1.14)	IDHP-1	F			MC 2
	IDHP-2		M		MC 2
Lactate deshydrogenase (EC 1.1.1.27)	LDH-1		M	O	MC 2
	LDH-2	F	M	O	MC 2
	LDH-3			O	MC 2
Malate deshydrogenase (EC 1.1.1.37)	MDH-1		M	O	MC 2
	MDH-2	F	M	O	MC 2
Manose 6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)	MPI		M		TEB 8,6
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)	PGM		M		TEB 8,6
Protéine totale	PROT-1		M		MC 2
	PROT-2		M		MC 2
Superoxyde dismutase (EC 1.15.1.1.)	SOD	F			MC 2

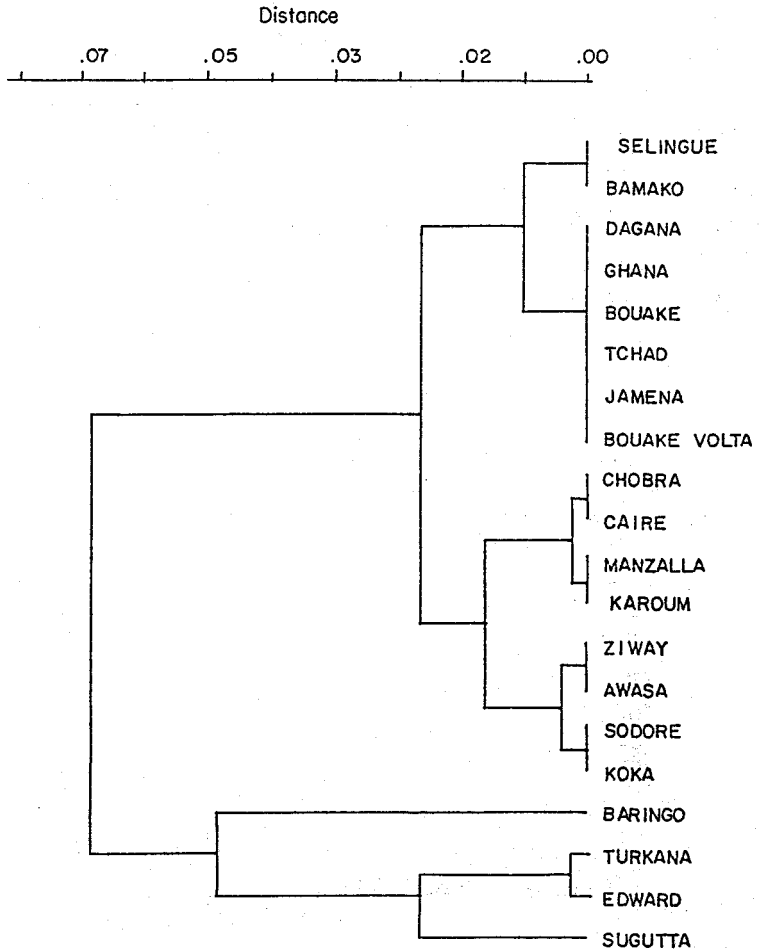


Figure 2. Dendrogramme obtenu avec le programme FITCH à partir de la matrice de distance génétique de Rogers (1972), montrant les relations génétiques entre les différentes populations de *O. niloticus*.

Ces résultats montrent que la sous espèce la plus proche de *O. n. niloticus* est *O. n. cancelatus* contrairement aux résultats de Seyoum et Kornfield (1992b) qui observent, sur la base d'étude de fragments de restriction de l'ADN mitochondrial, une proximité génétique entre les échantillons de *O. n. niloticus*, *O. n. eduardianus* et *O. n. vulcani*.

Enfin concernant la sous espèce *O. n. niloticus* on observe une différenciation entre les populations de l'ouest (Sénégal, Niger, Volta, Tchad) et celles de l'est (Manzalla, Caire, Quaroun).

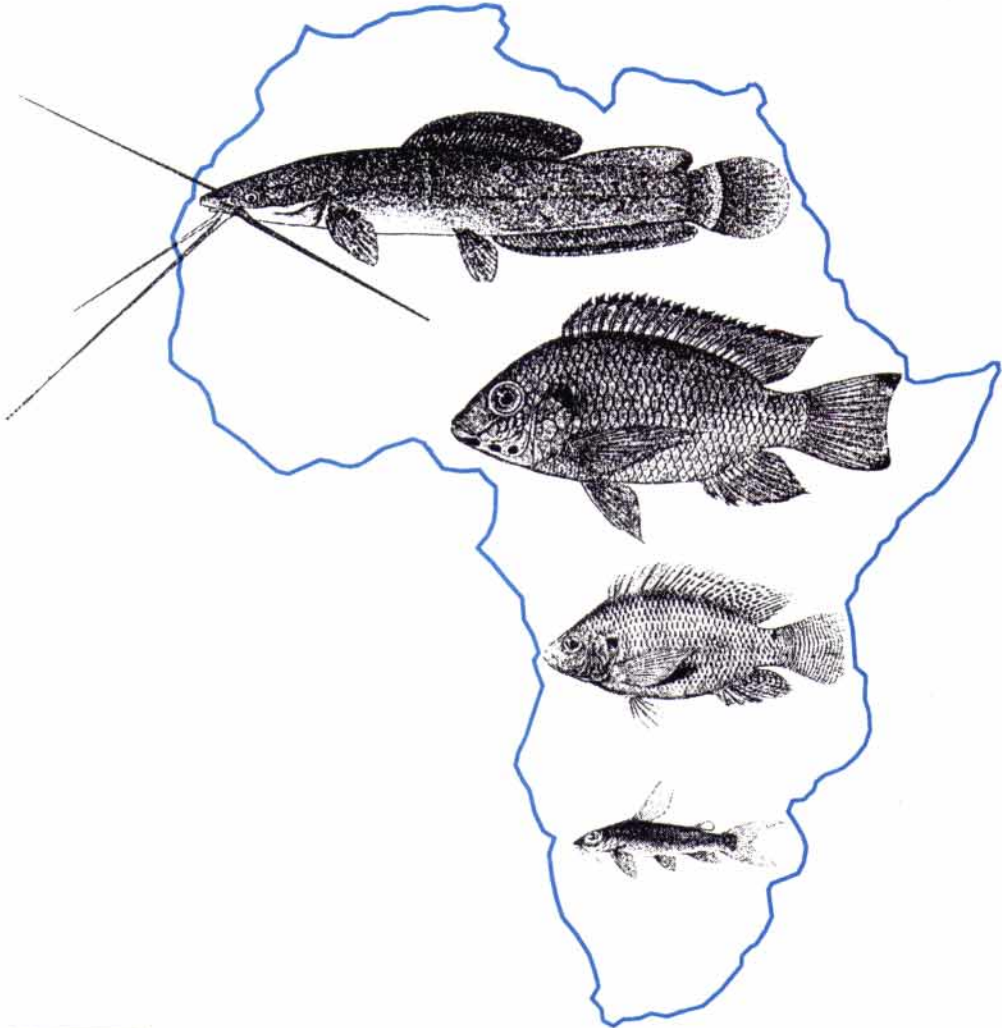
### Conclusion

Au terme de cette étude nous pouvons dire que l'espèce *O. niloticus* est relativement peu polymorphe. Malgré cette faible différenciation génétique, on observe une très forte structure génétique. Chaque sous espèce semble génétiquement différenciée (sauf la sous espèce *O. n. filoa*). Ces résultats confirment dans l'ensemble, le découpage de l'espèce en 7 sous espèces fait par Trevawas (1983).

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