

DIVERSITE ET STRUCTURE GENETIQUE DE SAROTHERODON MELANOTHERON (PISCES : CICHLIDAE) REVELEES PAR LES MICROSATELLITES

Ahou Nicole Yoboue

Université Jean Lorougnon Guédé,
UFR Environnement, Daloa, Côte d'Ivoire

Abou Béatrice Adepo-Gourene

Université Nangui Abrogoua, Laboratoire d'Ecologie et de Biologie
Aquatique, Abidjan, Côte d'Ivoire

Jean-François Agnese

Laboratoire Biologie Intégrative, Université de Montpellier II,
Montpellier Cedex, France

Raymond Laë

Centre IRD de Bretagne, Plouzané, France

Abstract

The genetic diversity and structure of the specimens of *Sarotherodon melanotheron* (220 specimens), representing two endemic subspecies of West Africa, *Sarotherodon melanotheron melanotheron* (158 individuals) and *Sarotherodon melanotheron heudelotii* (62 individuals), were studied using microsatellites markers. All the samples come from seven sites. Specimens of *S. m. heudelotii* were caught in two sites (Sibassor and Albreda) and those of *S. m. melanotheron* were from five sites (Grand-Lahou, Layo, Adiaké, Ayamé and Kétesso). Ten locus microsatellites (PrII AC, PrII GT, UNH 860, UNH 874, UNH 887, UNH 957, UNH 1003, Smelt1, Smelt2 and Smelt4) were analyzed for the whole samples. The seven sites of sampling gathered in three distinct populations that are population of *S. m. heudelotii* those of *S. m. melanotheron* from Lake Ayamé (Ayamé and Kétesso) and those of *S. m. melanotheron* from lagoon environment (Grand-Lahou, Layo and Adiaké). The strongest genetic variability was observed with specimens of *S. m. melanotheron* of lagoon environment ($A = 15,60$; $H_O = 0,479$ and $H_E = 0,618$) and weakest with individuals of *S. m. melanotheron* of the Lake Ayamé ($A = 7$; $H_O = 0,393$ and $H_E = 0,533$).

The study of the structure highlighted a significant genetic differentiation ($P < 0,001$) between the three populations. This differentiation was also

revealed by the AFC which isolated the specimens from these various populations in orthogonal space. Moreover, a significant deficit in heterozygotes was observed within these three populations on all of the ten locus analyzed.

Keywords: Microsatellite, genetic diversity, differentiation, *Sarotherodon melanotheron*, West Africa.

Résumé

La diversité et la structure génétique de *Sarotherodon melanotheron* (220 spécimens), représentant deux sous-espèces endémiques de l’Afrique de l’Ouest, *S. m. melanotheron* (158 individus) et *S. m. heudelotii* (62 individus), ont été étudiées à l’aide de marqueurs microsatellites. Les échantillons proviennent de sept sites dont deux (Sibassor et Albreda) pour *S. m. heudelotii* et cinq (Grand-Lahou, Layo, Adiaké, Ayamé et Kétesso) pour *S. m. melanotheron*. Pour l’ensemble de ces échantillons, dix locus microsatellites (PrII AC, PrII GT, UNH 860, UNH 874, UNH 887, UNH 957, UNH 1003, Smelt1, Smelt2 et Smelt4) ont été analysés.

Les sept sites ont été répartis en trois populations distinctes. La première est constituée des spécimens de la sous-espèce *S. m. heudelotii*. Les deux autres populations sont composées des individus de *S. m. melanotheron* provenant respectivement du lac d’Ayamé (sites d’Ayamé et de Kétesso) et des milieux lagunaires (sites de Grand-Lahou, Layo et d’Adiaké).

La plus forte variabilité génétique a été observée dans la population de *S. m. melanotheron* des milieux lagunaires ($A=15,60$; $H_O = 0,479$ et $H_E = 0,618$) et la plus faible dans celle de *S. m. melanotheron* du lac d’Ayamé ($A =7$; $H_O = 0,393$ et $H_E = 0,533$).

Une forte différenciation génétique ($P < 0,001$) existe entre les trois populations. Cette différenciation a été également révélée par l’AFC qui isole les spécimens des trois populations dans l’espace orthogonal. En outre, un déficit en hétérozygotes significatif a été observé au sein de ces trois populations sur l’ensemble des dix locus analysés.

Mots clés : Microsatellites, diversité génétique, différenciation, *Sarotherodon melanotheron*, Afrique de l’Ouest

Introduction

Sarotherodon melanotheron Rüppell, 1852, poisson endémique de l’Afrique de l’Ouest (Faunce, 2000), est présent dans la plupart des écosystèmes aquatiques (milieux lacustres, estuariens, marins et hypersalés). Il se rencontre depuis le Sénégal jusqu’au Congo. C’est un taxon d’un grand intérêt économique de part sa forte présence dans les captures de pêcheries.

En effet, ce poisson constitue 59 % à 90 % des captures de pêche en milieu estuarien et lagunaire (Watanabe & Saito, 1998). En Côte d'Ivoire, il fait l'objet de pêche artisanale intensive dans les systèmes lagunaires (Légendre & Ecoutin, 1989). Dans le lac d'Ayamé, il représente 50 % des captures commerciales (Gourène *et al.*, 1999 ; Vanga *et al.*, 2002). Selon Vanga (2011), avec une proportion de 29%, l'espèce *Sarotherodon melanotheron* constitue l'essentiel des captures de la pêche commerciale dans ce lac. L'espèce est eurytherme (17 à plus de 32° C) et euryhaline [90 g.l⁻¹ dans l'estuaire de la Casamance (Albaret, 1987) ; plus de 130 g.l⁻¹ dans l'estuaire du Saloum (Panfili *et al.*, 2005)]. Elle présente également une forte tolérance aux faibles taux d'oxygène dissous (Philippart & Ruwet, 1982) et à la turbidité (Mélard, 1999). *S. melanotheron* est un incubateur buccal qui se reproduit tout au long de l'année (Legendre & Ecoutin, 1989). Trewavas (1983) a subdivisé *S. melanotheron* en cinq sous-espèces, parmi lesquelles *S. m. melanotheron* et *S. m. heudelotii*, objet du présent travail. Leurs aires de répartition s'étendent respectivement de la Côte d'Ivoire au Cameroun et du Sénégal jusqu'en Guinée. Plusieurs travaux génétiques (Mc Andrew et Majumdar, 1983 ; Adepo-Gourène *et al.*, 1993 ; Agnèse et Pouyaud, 1994 ; Pouyaud, 1994) effectués à l'aide de marqueurs enzymatiques ont permis de décrire la diversité et la structure génétique de l'espèce *Sarotherodon melanotheron*. Toutefois les limites que présente ce type de marqueur dans l'étude de la diversité et la structuration génétique des espèces telle que la sous-estimation de la variabilité génétique totale selon Ayala (1982) ont motivé la recherche de marqueurs plus polymorphes tels que les microsatellites. C'est dans cette optique que ce marqueur a été ciblé dans ce présent travail pour décrire la diversité et la structure génétique entre populations des deux sous-espèces de *Sarotherodon melanotheron* en provenance de différents milieux géographiques.

Matériel et méthodes

Sites d'étude

Six hydrosystèmes ouest-africains (Siné-Saloum (Sénégal), Gambie en Gambie et quatre hydrosystèmes de Côte d'Ivoire (lagune Ebrié, lagune Grand-Lahou, lagune Aby et lac d'Ayamé)) ont été prospectés au cours de cette étude. Sept sites d'échantillonnage ont été retenus sur l'ensemble de ces hydrosystèmes. Il s'agit des sites de Sibassor sur le Saloum, Albreda sur la Gambie, Grand-Lahou, Layo et Adiaké respectivement sur les lagunes de Grand-Lahou, Ebrié et Aby et enfin les sites d'Ayamé et Kétesso sur le lac d'Ayamé (**Figure 1A**).

Les spécimens de *S. m. heudelotii* proviennent des sites de Sibassor et Albreda, ceux de *S. m. melanotheron* des sites retenus sur les hydrosystèmes de Côte d'Ivoire (**Figure 1B**).

Le site de Sibassor, situé sur l'estuaire inverse du Sine Saloum, est caractérisé par une salinité très élevée pouvant atteindre 135g.l^{-1} en saison sèche. Elle est relativement faible dans les milieux saumâtres (Albreda, Grand-Lahou, Layo et Adiaké) et nulle à Ayamé et Kétesso.

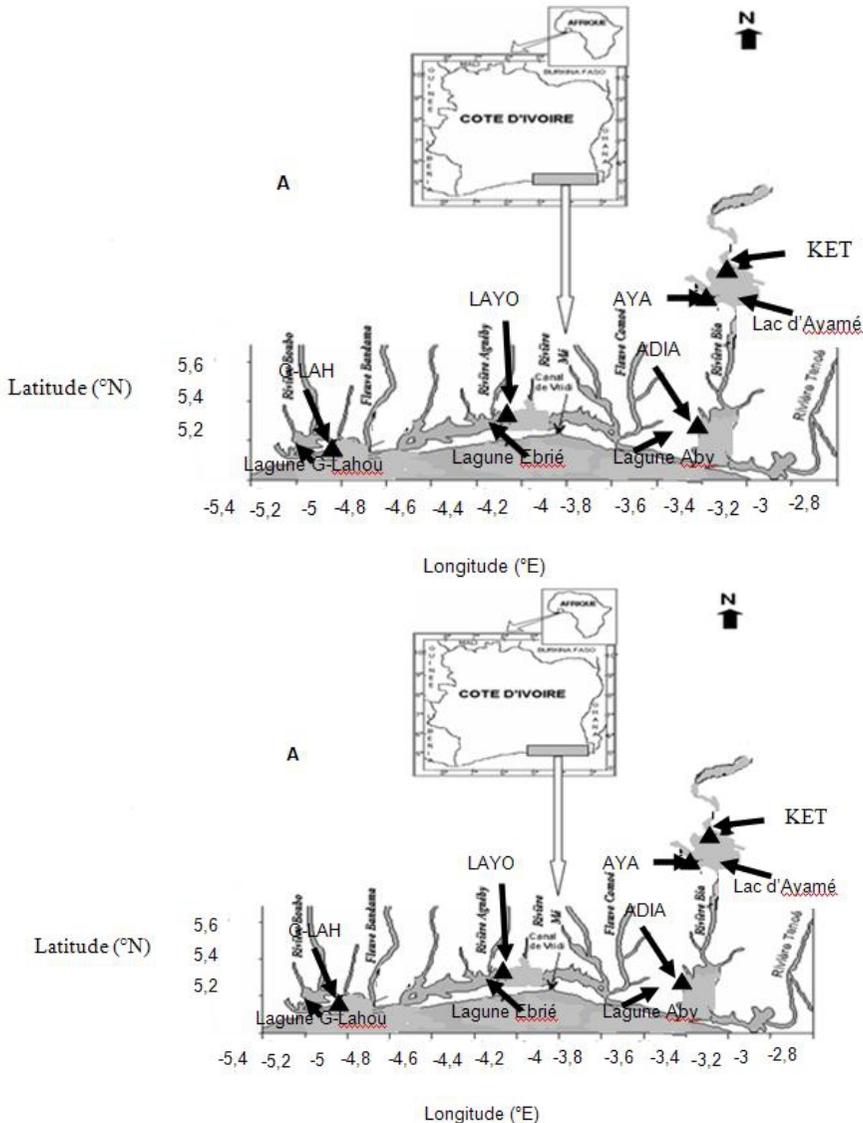


Figure 1 : Localisation des sites d'échantillonnage des spécimens de *Sarotherodon melanotheron* : A = *S. m. heudelotii* ; B = *S. m. melanotheron* : ADIA = Adiaké ; AYA = Ayamé ; KET = Kétesso ; G-LAH = Grand-Lahou.

Echantillonnage

Les spécimens de *S. m. heudelotii* (62) et *S. m. melanotheron* (158) ont été pêchés respectivement à l'aide de senne tournante en 2003 et de filets maillants en 2004, lors des missions de collecte. Le tableau 1 présente le

nombre de spécimens par échantillon et l'origine des poissons analysés. Des échantillons de muscle, représentant chacun un spécimen, ont été prélevés puis conservés dans l'éthanol à 95° jusqu'à l'extraction de l'ADN.

Tableau 1 : Origine des populations de *Sarotherodon melanotheron* étudiées-

Sous-espèces	Sites	Abréviation	Bassin hydrologique	Pays	Nombre d'individus analysés	
					2003	2004
<i>S. m. heudelotii</i>	Albreda	ALB	Estuaire de la Gambie	Gambie	30	----
	Sibassor	SIB	Fleuve Saloum	Sénégal	32	----
					Sous-total : 62	
<i>S. m. melanotheron</i>	Grand-Lahou	G-LAH	Lagune de Grand-Lahou	Côte d'Ivoire	----	29
	Layo	LAYO	Lagune Ebrié	Côte d'Ivoire	----	35
	Adiaké	ADIA	Lagune Aby	Côte d'Ivoire	----	39
	Ayamé	AYA	Bia	Côte d'Ivoire	----	35
	Kétesso	KET	Bia	Côte d'Ivoire	----	20
					Sous-total : 158	

Analyses génétiques et traitement des données

Analyse génétique

Tous les 220 spécimens capturés ont été analysés à l'aide des marqueurs microsatellites.

L'ADN total du tissu musculaire a été extrait, suivant le protocole standard avec 2,5 µl de protéinase K, à l'aide du kit d'extraction "GenElute Mammalian Genome DNA Miniprep" de référence G1N-350-Sigma. L'ADN extrait a été conservé dans un tampon Tris-EDTA à -20°C.

Dix marqueurs microsatellites ont été amplifiés en utilisant les amorces correspondantes. Ce sont PrII AC (numéro GenBank AY 995119) et PrII GT (UNH 860 (G68195), UNH 874 (G68202), UNH 887 (G68210) UNH 957 (G68251) et UNH 1003 (G68280) ainsi que Smelt1 (U69153), Smelt2 (X99799) et Smelt4 (X99801). Smelt1 (U69153), Smelt2 (X99799) et Smelt4 (X99801). Les marqueurs microsatellites, Smelt1 (SM1), Smelt2 (SM2) et Smelt4 (SM4), ont été isolés chez *S. melanotheron*. La réaction de polymérisation en chaîne (PCR) pour chacun des 10 locus microsatellites a été réalisée dans un volume final 10 µl contenant 0,25 mM de MgCl₂, 0,2 µM de chaque dNTP, 1 µM de chaque amorce, 10 unités de Taq DNA polymérase (Promega), 3 µl d'ADN génomique et 1µl de tampon de réaction de l'ADN. Le protocole d'amplification de chaque locus consiste en une prédénaturation de l'ADN à 94°C pendant 3 min, suivie de 35 cycles de

“dénaturation – hybridation - polymérisation ” (91°C, 30s; 55°C, 30s) puis d’une étape finale d’élongation à 72°C pendant 5 minutes. Pour la détermination des génotypes microsatellites de chaque locus, environ 1 µl de produit de PCR, auquel sont ajoutés 2 µl de chaque marqueur de taille, est analysé sur un gel de polyacrylamide (6%) relié à un séquenceur automatique d’ADN ALF (Amersham Pharmacia Biotechnologie, LKB). La taille des fragments est calculée avec le logiciel ALFWIN FRAGMENT ANALYSER version 1.00.36 (Amersham Pharmacia Biotech) en comparant la taille des marqueurs standards à celle des différents allèles (fragments) détectés.

Traitement des données

Pour déterminer le nombre exact de populations que représentent l’ensemble des sites échantillonnés, des traitements ont été faits à l’aide du logiciel STRUCTURE 2.3.4.

Les fréquences alléliques, les différents indices permettant d’évaluer la diversité génétique et les F statistiques ont été déterminés à l’aide du logiciel GENETIX 4.05 (Belkir *et al*, 2004). Le nombre moyen d’allèles par locus (A), l’hétérozygotie observée (H_O) et l’hétérozygotie attendue (H_E) ont permis d’évaluer la diversité génétique des populations. Concernant l’évaluation de la divergence génétique, deux paramètres de Wright (F_{IS} , F_{ST}) ont été calculés à partir d’estimateurs basés sur une analyse de variances des fréquences alléliques selon Weir & Cockerham (1984). Le nombre de migrants (Nm) par génération a été également calculé. Plus la valeur du Nm est supérieure à 1, plus l’échange de gènes est important (<http://www.takween.com>). Tous ces paramètres ont été déterminés à l’aide du logiciel GENETIX 4.05 (Belkir *et al*, 2004). La similarité génétique entre spécimens a été testée par l’analyse factorielle de correspondance (AFC). Pour la mise en évidence d’allèles nuls, le logiciel Microchecker a été utilisé.

Résultats

Nombre de populations constituées

Le test fait à l’aide du logiciel STRUCTURE 2.3.4 regroupe les spécimens en trois populations **Figure 2**. Ce sont les populations de *Sarotherodon melanotheron heudelotii* représentée par l’ensemble des spécimens de cette sous-espèce, celle de *S. m. melanotheron* des spécimens issus des milieux lagunaires et enfin celle de *S. m. melanotheron* constituée des individus du lac d’Ayamé.

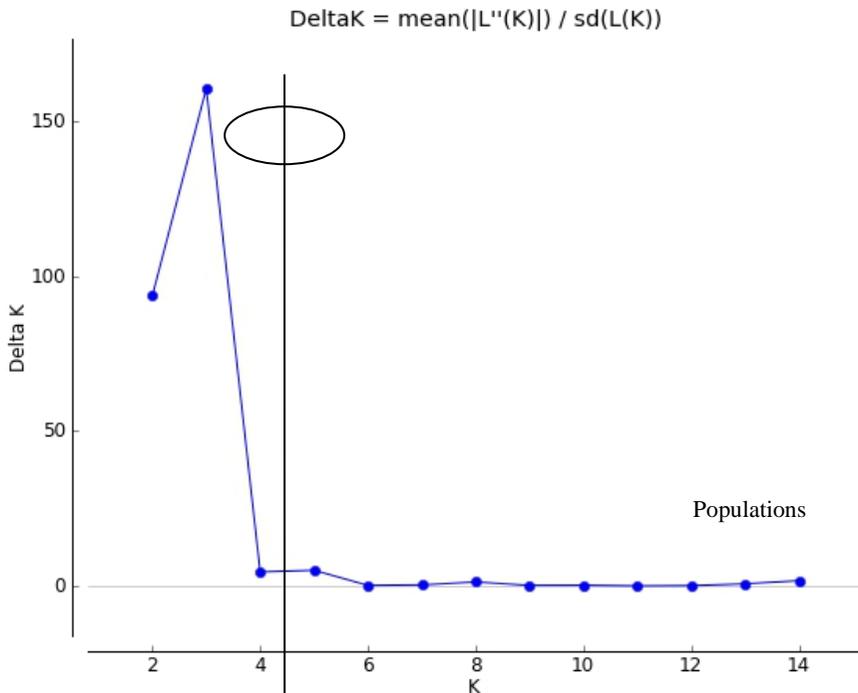


Figure 2 : Nombre de populations constituées à l'aide du logiciel Structure

Diversité génétique

Les valeurs moyennes des indices de diversité sont consignées dans le **tableau 2**.

Les plus fortes valeurs de diversité génétique ont été obtenues chez les spécimens de *S. m. melanotheron* des milieux lagunaires ($A=15,60$; $H_O = 0,479$ et $H_E = 0,618$) et les plus faibles chez les individus de *S. m. melanotheron* du lac d’Ayamé ($A = 07,00$; $H_O = 0,393$ et $H_E = 0,533$).

Tableau 2 : Variabilité génétique des populations de Sarotherodon melanotheron. A, nombre moyen d’allèle par locus ; HE, Hétérozygotie théorique ; HO : Hétérozygotie observée.

	H_E	H_O	A
<i>S. m. heudelotii</i>	0,591	0,481	11,4
<i>S. m. melanotheron</i> des milieux lagunaires	0,618	0,479	15,60
<i>S. m. melanotheron</i> des milieux lacustres	0,533	0,393	07,00

Structure génétique

Paramètre F de Wright

Toutes les valeurs de F_{IS} multilocus obtenues (0,192 à 0,272) sont positives au sein des trois populations constituées. Elles traduisent un déficit très significatif ($P < 0,001$) en hétérozygotes (**Tableau 3**). Les F_{IS} calculés pour chaque locus révèlent que les locus 1003, 860 et SM4 présentent un déficit en hétérozygotes très significatif ($P < 0,001$) dans l’ensemble des populations. Par ailleurs, les valeurs de F_{IS} obtenues aux locus 957, 874 et

PRL1 GT sont positives et ne sont significativement différentes de zéro ($P < 0,001$) que pour les populations de *S. m. heudelotii* et de *S. m. melanotheron* de milieux lagunaires. Le locus 887 montre un déficit en hétérozygotes significatif dans toutes les populations de *S. m. melanotheron*. Les locus SM2 et PRL1 AC n’expriment un déficit en hétérozygotes significatif qu’au sein de la population de *S. m. melanotheron* du lac d’Ayamé.

Sur les dix locus analysés, le test réalisé à l’aide du logiciel Microcheckers a mis en évidence, la présence significative ($P < 0,001$) d’allèles nuls seulement au niveau de deux locus PRL1 AC et SM2 (Tableau 4). Les valeurs de F_{ST} calculées (0,062 à 0,107) montrent une différenciation génétique significative ($P < 0,001$) entre les trois populations (Tableau 5). A cette différenciation génétique sont associés des nombres de migrants supérieurs à 1 (Nm allant de 2,08 à 3,75 $2,08 \leq Nm \leq 3,75$).

Tableau 3 : Valeurs de F_{IS} à l’intérieur de chaque population de *S. melanotheron* : Les valeurs de F_{IS} portant au moins un astérisque sont significatives *** $P < 0,001$, ** $0,001 \leq P < 0,01$, * $0,01 \leq P < 0,05$.

Populations	<i>S. m. heudelotii</i>	Lag. <i>S. m. melanotheron</i>	Lac <i>S. m. melanotheron</i>
Multilocus	0,192***	0,230***	0,272***
1003	0,464***	0,316***	0,752***
957	0,458***	0,203***	0,162
887	-0,031	0,100***	0,236***
874	0,113***	0,231***	0,079
860	0,088***	0,247***	0,261***
SM4	0,351***	0,506***	0,354***
SM2	-0,025	0,000	0,308***
SM1	0,105	0,070	0,152
PRL1 AC			0,821***
PRL1 GT	0,206***	0,105***	0,032

Tableau 4 : Probabilité d’allèles nuls aux différents locus analysés

Locus	1003	957	887	874	860	SM4	SM2	SM1	PRL1 AC	PRL1 GT
P	P>0.05	P>0.05	P>0.05	P>0.05	P>0.05	P>0.05	P<0.001	P>0.05	P<0.001	P>0.05

Tableau 5: Valeurs de F_{ST} et Nm entre paires de populations : les valeurs de F_{ST} sont au dessus de la diagonale et celles du Nm en dessous. Seules les valeurs de F_{ST} portant au moins un astérisque sont significatives : *** $P < 0,001$, ** $0,001 \leq P < 0,01$, * $0,01 \leq P < 0,05$

F_{ST} / Nm	<i>S. m. melanotheron</i> du lac d’Ayamé	<i>S. melanotheron heudelotii</i>	<i>S. m. melanotheron</i> de milieux lagunaires
<i>S. m. melanotheron</i> du lac d’Ayamé	----	0,062***	0,107***
<i>S. melanotheron heudelotii</i>	2,11	----	0,106***
<i>S. m. melanotheron</i> des milieux lagunaires	2,08	3,75	----

Similarité génétique

L’AFC regroupe les individus des différentes populations en trois grands groupes en fonction de leur ressemblance génétique dans l’espace orthogonal (**Figure 3**). Le premier groupe est représenté par les individus de la population de *S. m. melanotheron* du lac d’Ayamé, le second par ceux de la population de *S. m. heudelotii* et enfin le dernier par les spécimens de la population de *S. m. melanotheron* des milieux lagunaires.

L’AFC révèle également l’existence de chevauchements, bien que légers, d’une part entre spécimens de la population de *S. m. heudelotii* et ceux de *S. m. melanotheron* provenant des milieux lagunaires et d’autre part entre certains individus des deux populations de *S. m. melanotheron*.

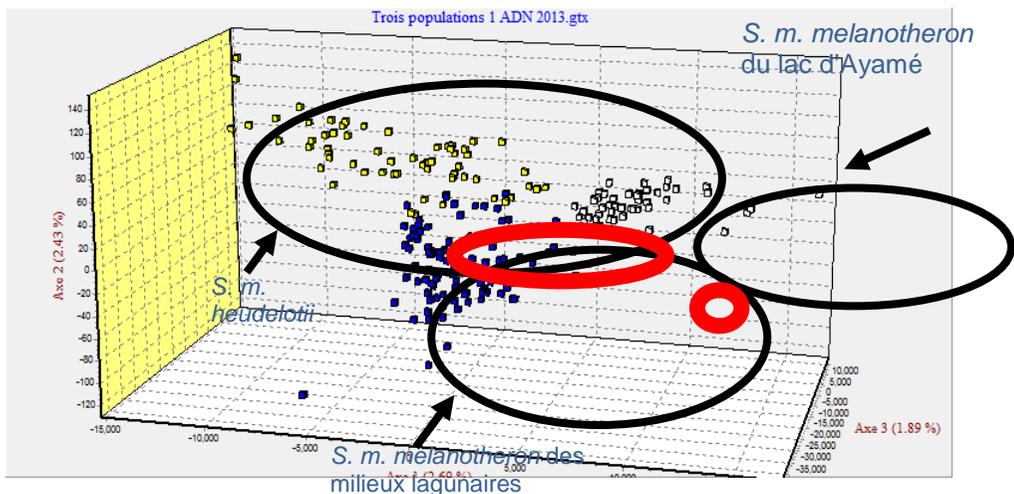


Figure 3 : Analyse factorielle de correspondance (AFC) des spécimens des deux sous-espèces de *Sarotherodon melanotheron* étudiées.

Discussion

Le test fait à l’aide du logiciel STRUCTURE a regroupé les sept sites d’échantillonnage en trois populations distinctes. Ce sont les populations de *Sarotherodon melanotheron heudelotii*, *S. m. melanotheron* des milieux lagunaires et *S. m. melanotheron* du lac d’Ayamé. L’isolement des spécimens *S. m. melanotheron* du milieu lagunaire et ceux du milieu lacustre serait dû au fait que les lagunes possèdent des caractéristiques hydrologiques et physicochimiques qui diffèrent de celles des milieux lacustres. En outre, la rivière Bia alimente la lagune Aby en eau douce (**Metongo, 1989**). La construction du barrage d’Ayamé sur cette rivière pourrait expliquer cette répartition des spécimens de *S. m. melanotheron* en deux populations distinctes. La rupture du continuum de cette rivière par la construction du barrage d’Ayamé réduirait la dispersion des organismes. Selon **Laroche & Durand (2004)**, la fragmentation des habitats peut augmenter la divergence

des populations en réduisant les flux géniques. Cette construction de barrage a entraîné la mise en place de barrières physiques empêchant la dispersion des individus de ce lac vers la rivière Bia.

L'analyse de la diversité génétique montre que sur l'ensemble des trois populations constituées, la population de *Sarotherodon melanotheron* du lac d'Ayamé ($A = 07,00$; $H_O = 0,393$ et $H_E = 0,533$) révèle la plus faible variabilité génétique comparativement à celle obtenue au sein des populations de *S. m. heudelotii* ($A = 11,4$; $H_O = 0,481$ et $H_E = 0,591$) et *S. m. melanotheron* des milieux lagunaires $A = 15,60$; $H_O = 0,479$ et $H_E = 0,618$). La présence d'allèles nuls aux locus SM2 et PRL1 AC chez ces spécimens du lac d'Ayamé expliquerait cette faible variabilité génétique observée. En outre, cette faible diversité génétique pourrait avoir été provoquée par un processus sélectif. En effet, *S. melanotheron* est naturellement une espèce d'eau saumâtre ou estuarienne de sorte que, les géniteurs introduits qui ont colonisé le lac pourraient avoir été la cible d'une sélection (résistance différentielle au changement du taux de salinité). Par ailleurs, la construction du barrage d'Ayamé pourrait également expliquer cette faible variabilité. En effet, selon **Nielsen *et al.* (1997)** et **Neraas & Spruell (2001)**, la segmentation des habitats réduit les flux géniques et peut induire le déclin démographique et la perte de diversité génétique inter et intra populations. En outre, le lac étant relativement de faible importance que les trois lagunes considérées individuellement ou ensemble ; sa population est donc relativement moins importante et génétiquement moins diversifiée. Cette faible variabilité génétique des spécimens de milieux lacustres a été également révélée par **Adepo-Gourène, (2008)**.

Les forts déficits en hétérozygotes significatifs, mis en évidence au niveau des deux sous-espèces de *S. melanotheron* traduisent des écarts des fréquences alléliques par rapport aux fréquences prédites par Hardy-Weinberg, donc une absence de panmixie. Ces déficits en hétérozygotes pourraient s'expliquer par la biologie de l'espèce et la présence d'allèles nuls. Cependant, l'option de la présence d'allèles nuls est à relativiser car sur un total de 10 locus analysés seulement deux ont mis en évidence une présence significative d'allèles nuls. En effet au niveau de la biologie, la pratique d'un régime de reproduction essentiellement endogamique (l'union entre individus apparentés) par cette espèce serait à l'origine du déficit observé au sein des populations (**Pouyaud *et al.*, 1999**). Un tel régime de reproduction, différent de la panmixie, a pour effet d'entraîner une réduction du taux d'hétérozygotes à chaque génération (**Adepo-Gourène, 2008**). L'existence de tels déficits en hétérozygotes suppose des flux de gènes relativement très faibles entre les populations de cette espèce, qu'elles appartiennent à la même sous-espèce ou au même bassin hydrologique.

L'analyse de la structuration par les F_{ST} révèle une différenciation génétique entre toutes les trois populations. La différenciation entre populations est vraisemblablement la conséquence du comportement sédentaire de l'espèce, de la reproduction endogamique et des soins parentaux prodigués à la descendance. Ces principaux mécanismes réduisent les flux de gènes entre populations. De telles divergences génétiques ont également été détectées entre des populations d'espèces plus sédentaires situées de part et d'autre de barrages du Bas-Rhône en France (**Laroche et al., 1999**).

Cette différenciation génétique a été également révélée par l'AFC qui de façon générale isole les spécimens des trois populations constituées dans l'espace orthogonale.

Cependant, un chevauchement a été révélé par l'AFC entre certains spécimens de la population de *S. m. heudelotii* et ceux de la population de *S. m. melanotheron* de milieu lagunaire ainsi qu'entre individus des deux populations de *S. m. melanotheron*. Ce chevauchement entre population de *S. m. melanotheron* pourrait traduire l'existence d'échanges bien que de faibles ampleurs (2,08). Si cela semble juste entre les deux populations de *S. m. melanotheron*; c'est peu probable entre population de *S. m. heudelotii* et *S. m. melanotheron* des lagunes compte tenu de la distance géographique entre ces deux populations. De sorte que le N_m (3,75) élevé entre eux traduirait une ressemblance due au fait que ces 2 populations vivent en eau saumâtre. Par ailleurs, l'absence d'allèles nuls aux différents locus analysés au sein de ces populations expliquerait cette ressemblance.

Conclusion

L'analyse de la diversité génétique des spécimens de *Sarotherodon melanotheron*, provenant de 7 sites d'échantillonnage, à l'aide de marqueurs microsatellites a permis de les regrouper en trois populations distinctes. Sur l'ensemble de ces trois populations, la plus faible variabilité génétique a été observée chez les spécimens de la population de *S. m. melanotheron* du lac d'Ayamé. L'étude de la structuration génétique des populations indique nettement une différenciation entre les trois populations. Cette étude a également confirmé l'existence de déficits en hétérozygotes très important chez l'espèce *Sarotherodon melanotheron*. Les microsatellites apparaissent ainsi adéquats pour mener des études moléculaires plus fines.

Remerciements

Nous remercions toute l'équipe de l'IRD du Sénégal qui nous a fourni les échantillons de *Sarotherodon melanotheron heudelotii* des estuaires du Siné-Saloum et de la Gambie. Nos remerciements vont également à l'endroit de l'équipe du Laboratoire d'Environnement et de

Biologie Aquatique de l'Université Nangui Abrogoua ex Abobo-Adjamé (Côte d'Ivoire) pour sa contribution à l'amélioration de ce manuscrit.

References:

- Adepo-Gourène A.B., 2008. Diversité génétique des populations naturelles de poissons africains d'intérêt économique des familles Carcharhinidae, Clupeidae et Cichlidae. Thèse de Doctorat d'Etat, Université d'Abobo-Adjamé (Côte d'Ivoire), 207p.
- Adepo-Gourène, A. B., Pouyaud, L. & Agnèse, J. E., 1993. Importance de certaines caractéristiques biologiques dans la structuration génétique des espèces de poissons : le cas de *Ethmalosa fimbriata* et de *Sarotherodon melanotheron*. *Journal Ivoirien d'Océanologie et de Limnologie*, **2** : 69-83.
- Agnèse, J. F. & Pouyaud, L. 1994. Différenciation génétique des populations de *Sarotherodon melanotheron*, Rüppell, 1853. In. Agnèse J. F (ed.) comptes rendus de l'atelier «Biodiversité et Aquaculture», Abidjan, 115p.
- Albaret J.J., 1987. Les peuplements de poissons de la Casamance (Sénégal) en période de sécheresse. *Revue d'Hydrobiologie tropicale*, **20**: 291-310.
- Ayala F.J., 1982. Le polymorphisme enzymatique. In : Biologie moléculaire et évolution (éd. Masson N.), 1-82, Paris.
- Belkhir k., Borsa P., Goudet G., Chikhi L. & Bonhomme F., 2004. GENETIX (version 4.05.2) logiciel sur windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, Adaptations, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Faunce C.H., 2000. Reproduction of blackchin tilapia *Sarotherodon melanotheron* within an impounded mangrove ecosystem in east-central Florida. *Environmental Biology of Fishes*, **57** : 353-361.
- Gourène G., Teugel G.G., Hugueny B. & Thys van den Audenaerde D.F.E., 1999. Evolution de la biodiversité ichtyologique d'un bassin ouest africain après la construction d'un barrage. *Cybium*, **23** : 147-160.
- Laroche J. & Durand J-D., 2004. Genetic structure of fragmented populations of a threatened endemic percoid of the Rhône river : *Zingel asper*. *Heredity*, **4** : 329-334.
- Laroche J., Quiniou L., Juhel G., Auffret M. & Moraga D., 1999. Genetic structure and differentiation among populations of two cyprinids, *Leuciscus cephalus* and *Rutilus rutilus*, in a large European river. *Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, **56** : 1-10.
- Legendre M. & Ecoutin J.M., 1989. Suitability of brackish water tilapia species from the Ivory Coast for lagoon aquaculture. I-Reproduction. *Aquatic Living Resources*, **2** : 71-79.
- Mc Andrew, B. J. & Majumdar, K. C., 1983. Tilapia stock identification using electrophoretic markers. *Aquaculture*, **30** : 249-261.

- Melard C., 1999. Bases biologiques de l'aquaculture. Notes de cours, Université de Liège, Belgique, 238p.
- Métongo B.S., 1989. Production primaire d'une lagune tropicale à forte influence continentale, la lagune Aby. *Centre de Recherches Océanologiques*,17: 1-27.
- Neraas L.P. & Spruel P., 2001. Fragmentation of riverine systems: the genetic effects of dams on bull trout (*Salvelinus confluentus*) in the Clark Fork River System. *Molecular Ecology*, 10 : 1153-1164.
- Nielsen E.E., Hansen M.M. & Loeschcke V., 1997. Analysis of microsatellite DNA from old scale samples of Atlantic salmon *Salmo salar* : a comparison of genetic composition over 60 years. *Molecular Ecology*, 6 : 487-492.
- Panfili J., Durand J.D., Gourène-Adepo A.B. & Simier M., 2005. Fluctuating asymmetry in fish otoliths and heterozygosity in stressful estuarine environments (West Africa). *Marine and freshwater Research*, 56: 505-516.
- Philippart J. & Ruwet J.C., 1982. Ecology and distribution of Tilapias. In: Pullin R.S.V., Lowe McConnell R.H. Eds., The biology and culture of Tilapias. ICLARM Conference Proceedings. Manilla, Philippines. pp. 16-60.
- Pouyaud L., Desmarais E., Chenuil A., Agnès J.F. & Bonhomme F., 1999. Kin cohesiveness and possible inbreeding in the mouthbrooding tilapia *Sarotherodon melanotheron* (Pisces Cichlidae). *Molecular Ecology*, 8: 584-594.
- Site Web: <http://www.takween.com>
- Trewavas E., 1983. Tilapiine fishes of the genera *Sarotherodon*, *Oreochromis* and *Danakilia*. British Museum (Natural History), London, 583p.
- Vanga A.F., 2011. Evolution de la pêche au lac d'Ayamé (Côte d'Ivoire) depuis l'expulsion des pêcheurs non nationaux. *Tropicultura*, 29 : 8-1.
- Vanga A.F., Gourène G. & Ouattara M., 2002. Impact de la pêche sur la disponibilité ? en poisson dans les régions des lacs d'Ayamé et de Buyo (Côte d'Ivoire). *Archives Scientifiques Centre de Recherches Océanologiques Abidjan*, XXII : 1-12.
- Watanabe Y. & Saito H., 1998. Feeding and growth of early juvenile Japanese sardines in the pacific waters central Japan. *Journal of Fish Biology*,52 : 519-533.
- Weir B.S. & Cockerham C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.