

## Etude phylogénétique des populations de *Chrysichthys Nigrodigitatus* de trois bassins aquatiques de Côte d'Ivoire

### [ Phylogenetic study of *Chrysichthys Nigrodigitatus* populations in three aquatic basins in Côte d'Ivoire ]

Coulibaly Tionrotia Alice Sita Ouattara<sup>1</sup>, Yebe Zohoré Pascal Ougah<sup>2</sup>, and Adepo-Gourene Beatrice Abouo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centre de Recherche Océanologique, Département Aquaculture, Abidjan, Côte d'Ivoire

<sup>2</sup>Université Nangui Abrogoua, UFR Sciences de la Nature, Pôle Pêche et Aquaculture, Abidjan, Côte d'Ivoire

Copyright © 2024 ISSR Journals. This is an open access article distributed under the **Creative Commons Attribution License**, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

**ABSTRACT:** The aim of this study was to define the molecular variability of three populations of the species *Chrysichthys nigrodigitatus*. The mitochondrial D-loop gene from 27 specimens was sequenced. Geneious software was then used to analyse and compare the nucleotide sequences obtained. The results showed that there was no difference between the nucleotide sequences of fish from the Bia river and the Aby lagoon. These two populations are therefore similar for the gene examined. However, the nucleic acid molecule of the Ebrié lagoon population differs from that of the other two populations by at least three mutations. On the phenogram, two genetically different sets were identified: specimens from the Bia river and Aby lagoon on the one hand, and individuals from the Ebrié lagoon on the other. The three populations of the *Chrysichthys nigrodigitatus* species are therefore divided into two ecological siblings depending on the environment in which they live.

**KEYWORDS:** mâchoiron, polymorphism, nucleotide, mitochondrial, ivoirians.

**RESUME:** L'objet de cette étude était de définir la variabilité moléculaire de trois populations de l'espèce *Chrysichthys nigrodigitatus*. Le gène mitochondrial D-loop, de 27 spécimens, a été soumis à un séquençage. Par la suite, le logiciel Geneious a été utilisé pour l'analyse et la comparaison des séquences nucléotidiques obtenues. Les résultats ont montré qu'il n'existait aucune différence entre les suites de nucléotides des poissons en provenance de la rivière Bia et de la lagune Aby. Ces deux populations sont donc similaires pour le gène examiné. Par contre, la molécule d'acide nucléique de la population de la lagune Ebrié se distingue de celle des deux autres populations par au moins trois mutations. Sur le phénogramme, deux ensembles génétiquement différents ont été identifiés: d'une part, les spécimens de la rivière Bia et de la lagune Aby et d'autre part, les individus de la lagune Ebrié. Les trois populations de l'espèce *Chrysichthys nigrodigitatus* sont donc divisées en deux fratries écologiques selon le milieu de vie.

**MOTS-CLEFS:** mâchoiron, polymorphisme, nucléotide, mitochondrial, ivoiriens.

## 1 INTRODUCTION

Le poisson *Chrysichthys nigrodigitatus* subit une intense pression de la pêche parce que sa chair est fortement appréciée par les populations locales [1]. Pour répondre à la forte demande, l'élevage de ce mâchoiron est largement pratiqué dans de nombreuses régions de la Côte d'Ivoire. Bien que sa production piscicole demeure encore faible, cette espèce occupe la troisième position après le tilapia et l'hétérotis [2]. Du fait de son importance économique, cette espèce fait l'objet de nombreux travaux

de recherche. Appartenant aux poissons à systématique difficile et confuse [3], l'étude de la biologie des populations utilise conjointement des approches biométriques et génétiques afin d'évaluer la biodiversité des stocks disponibles. Lors de travaux préliminaire de recherche sur *Chrysichthys nigrodigitatus*, Ouattara [4] a montré que la population de la lagune Ebrié était morphologiquement distincte de celles issues de la lagune Aby et de la rivière Bia qui présentaient une forte similarité morphologique. La présente étude a pour objectif de ressortir le degré de différenciation génétique entre les populations de ces trois cours d'eau ivoiriens. En effet, les techniques de biologie moléculaire aident à une analyse plus fine des différences entre individus. Les données relatives à la caractérisation génétique ont des applications variées dans la recherche sur l'évolution, la conservation et la gestion des ressources naturelles, les programmes d'amélioration génétique, etc [5].

## 2 MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 2.1 MATÉRIEL BIOLOGIQUE

Le genre *Chrysichthys* qui appartient à la famille des *Claroteidae* compte 32 espèces dont cinq (5) sont connues des cours d'eau de la Côte d'Ivoire. Ce sont: *C. nigrodigitatus*, *C. maurus*, *C. auratus*, *C.johnelsi* et *C. teugelsi*. L'espèce *Chrysichthys nigrodigitatus* est caractérisée par un museau pointu, une bouche assez petite. Les barbillons mandibulaires fins ont les points d'insertion bien séparés [6]. Le présent travail a porté sur 27 spécimens de cette espèce. La photo 1 présente un spécimen de *Chrysichthys nigrodigitatus* et le tableau 1, la répartition des poissons par hydrosystème.



**Photo 1: Un spécimen de l'espèce *Chrysichthys nigrodigitatus***

**Tableau 1. Répartition des échantillons par hydrosystème.**

Hydrosystèmes	Echantillons
Rivière Bia	Ay24; Ay19; Ay2
Lagune Aby	As7; As32; As14; As1; As4; As13; As34; As6; As15
Lagune Ebrié	A28; J4; N5; N14; J2; L1; J8; J7; J1; N27; J10; J3; L2; M37; N38

### 2.2 MILIEU D'ÉTUDE

En Côte d'Ivoire, le complexe lagunaire essentiellement rassemblé le long de la moitié orientale de la façade littorale, est constitué des systèmes lagunaires qui sont reliés entre eux par des canaux artificiels. Les spécimens de l'espèce *Chrysichthys nigrodigitatus* ont été échantillonnés dans les trois cours d'eau suivants: la rivière Bia, la lagune d'Aby et la lagune Ebrié (Figure 1).

#### 2.2.1 LA RIVIÈRE BIA

La rivière Bia est située entre 5° et 7° 5' de latitude Nord et 2° 6' et 3° 3' de longitude Ouest. Elle prend sa source au Ghana [7]. Ce cours d'eau qui se jette dans la lagune Aby dans le Sud-est de la Côte d'Ivoire, couvre un bassin de 9650 km<sup>2</sup> [8] (VandenBossche

et Bernacsek, 1990). Il est long de 290 km dont 120 km en Côte d'Ivoire. Les barrages d'Ayamé 1 et d'Ayamé 2 sont construits sur son cours principal.

### 2.2.2 LA LAGUNE ABY

Située à l'extrême Sud-est de la Côte d'Ivoire, entre 5°05' et 5°22' de latitude Nord et 2°51' et 3°21' de longitude Ouest, le système lagunaire Aby constitue une frontière naturelle entre la Côte d'Ivoire et le Ghana. Ce complexe, d'une superficie de 424 km<sup>2</sup> rassemble les lagunes Aby, Tendo et Ehy. La lagune Aby est alimentée en eau douce par la Bia au Nord-Ouest et la Tanoé à l'Est. Elle reçoit au Sud du secteur Aby des eaux marines par la passe d'Assinie [9] (N'Goran, 1995).

### 2.2.3 LA LAGUNE EBRIÉ

La lagune Ebrié est située dans le Sud de la Côte d'Ivoire. C'est un système lagunaire côtier ouvert, complexe et de forme allongée situé entre 5°02' et 5°42' de latitude Nord et 3°47' et 5°29' de longitude Ouest. D'une superficie totale de 566 km<sup>2</sup> la lagune Ebrié a environ 130 kilomètres de longueur et une largeur maximum de 7 kilomètres [10] (Albaret, 1994). La lagune est reliée artificiellement à l'Ouest à la lagune de Grand-Lahou par le canal d'Assagny, à l'Est à la lagune Aby par le canal d'Assinie et au Centre-Est à l'océan atlantique par le canal de Vridi.

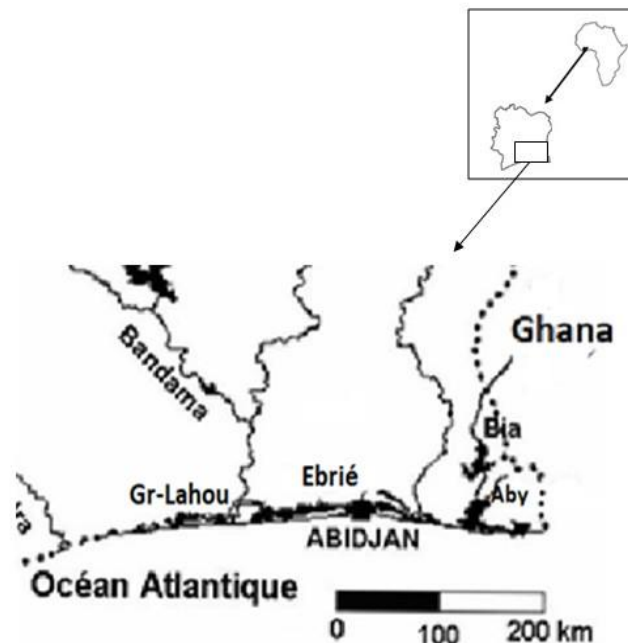


Fig. 1. Situation géographique des sites d'échantillonnage des poissons.

## 2.3 ANALYSE GÉNÉTIQUE

Cette analyse a porté sur la molécule d'ADN mitochondrial (ADNmt) D-loop «Displacement-Loop». Ce gène appartient à la région de contrôle de l'ADNmt qui est une séquence non codante à l'origine de la réplication du génome mitochondrial. C'est la région la plus appropriée pour mettre en évidence les différences de séquences nucléotidiques au sein d'une même espèce parce qu'elle constitue la portion la plus variable de l'ADNmt. Elle présente un taux de mutation cinq fois supérieur au reste du génome mitochondrial. Du fait de son hyper variabilité, cette particule représente un des marqueurs de choix parmi les plus utilisés dans la génétique des populations [11] (Caraguel, 2003). Pour cette étude, la variabilité génétique de la séquence D-Loop des spécimens a été analysée à partir du séquençage des produits de la réaction de polymérisation en chaîne (Polymerase Chain Reaction ou PCR).

Les séquences nucléotidiques obtenues ont été alignées et comparées entre elles grâce au programme Clustal X, intégré dans le logiciel Geneious [12] (Drummond *et al.*, 2009). La matrice des distances par paire a été ensuite utilisée pour la construction d'un arbre phylogénétique selon l'algorithme de *Neighbor-Joining* [13] (Saitou et Nei, 1987), à l'aide du logiciel Geneious. Le

spécimen *Chrysichthys sp* de numéro d'accès APO12009.1 de Genbank a été utilisé comme out-group pour enraceriner l'arbre phylogénétique.

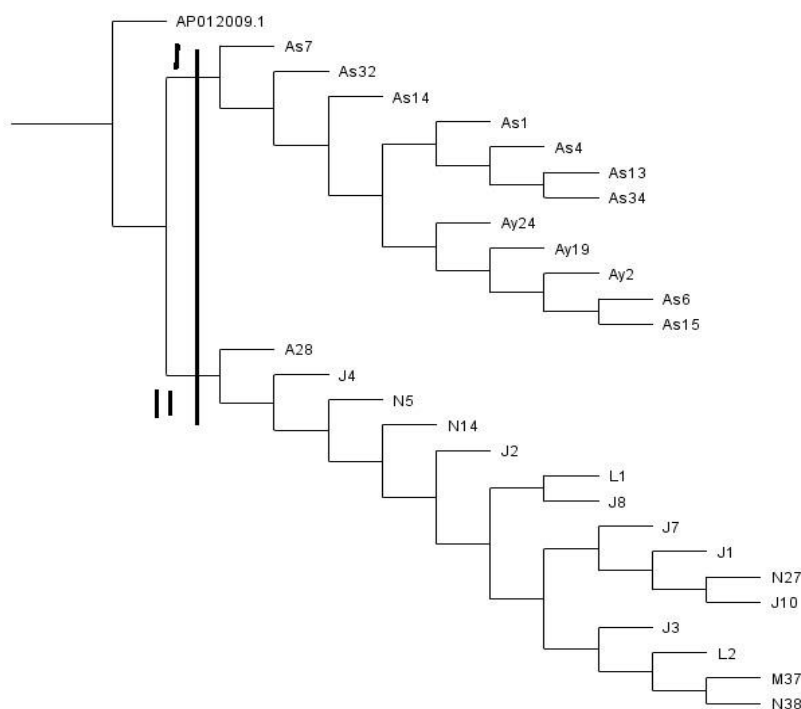
### 3 RÉSULTATS

Le séquençage du locus de la D-Loop des 27 spécimens a révélé quatre séquences différentes. La séquence H1 est présente chez quatorze individus de la lagune Ebrié: J2, J4, J7, N27, J10, N38, N5, J3, J1, L1, J8, L2, N14, A28. Les séquences H2 et H3 se manifestent respectivement chez un spécimen de la lagune Ebrié (M37) et un spécimen de la lagune Aby (As 14). La séquence H4 est portée par la majorité des spécimens de la rivière Bia et de lagune Aby: Ay24, As1, As15, As6, Ay2, Ay19, As7, As4, As32, As13' et As34. Les séquences H1 diffère d'un nucléotide de H2 tout comme H3 et H4. Par contre, les deux premiers locus se distinguent par 3 à 4 nucléotides des seconds (Tableau 2).

**Tableau 2.** Position variable des nucléotides de la région de l'ADN mitochondrial définie dans la population de *Chrysichthys nigrodigitatus*

	Haplo types	P 177	P 179	P 202	P 228	P 229	P 39	P 262	P 264	P 276	P 277	P 278	P 279	P 280	P 283	P 286	P 288	N
<i>Chrysichthys nigrodigitatus</i>	H1	G	A	A	G	C	A	C	C	T	A	C	A	C	A	T	C	14
	H2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	1
	H3	-	G	-	-	-	-	T	T	-	-	T	-	-	-	-	-	1
	H4	-	-	-	-	-	-	T	T	-	-	T	-	-	-	-	-	11

L'arbre phylogénétique illustrant les relations entre les spécimens est présenté à la figure 2. Ce réseau construit à partir des distances génétiques selon la méthode de « Neighbors Joinning », a fait apparaître deux grands groupes. D'un côté, les spécimens de la lagune Aby et de la rivière Bia qui ségrégent ensemble (groupe I) et de l'autre côté, les individus de la lagune Ebrié (groupe II).



**Fig. 2.** Phénogramme Neighbors-Joinning raciné illustrant les relations entre les spécimens de *Chrysichthys nigrodigitatus*

### 4 DISCUSSION

Dans une étude préliminaire, l'analyse des paramètres métriques avait révélé une divergence morphologique entre les individus de la lagune Ebrié d'une part et ceux de la rivière Bia et de la lagune Aby d'autre part [4] (Ouattara, 2019). Bien que les

travaux de génétique aient porté sur un seul gène, les résultats obtenus viennent soutenir les données fournies par l'analyse des descripteurs métriques. L'association de ces deux approches méthodologiques a été largement utilisée dans des études de caractérisation d'espèces [14], [15] (Adépo-Gourène, 2008; Ouattara *et al.*, 2018)

L'analyse du polymorphisme de la D-loop n'a relevé aucune différence entre les séquences des spécimens de la rivière Bia et ceux de la lagune Aby. Ces deux populations sont donc génétiquement similaires. Cette observation laisse suggérer un grand flux génétique entre les individus. Cet échange génétique est probablement favorisé par la proximité et l'absence de barrière géographique entre les deux bassins puisque la lagune Aby est alimentée directement en eau douce par la rivière Bia. Lors de ses travaux sur la daurade, [16] Chaoui *et al.* (2009) a remarqué l'absence de divergence génétique entre les populations de la lagune de Thau et celle de la pleine mer au large de Sète. Une proximité génétique a aussi été relevée entre les populations d'*Heterobranchus longifilis* de l'Agneby, du Bandama et du Cavally [17] Wognin *et al.* (2020). Les analyses génétiques ont indiqué une faible variabilité dans les populations de *Chrysichthys nigrodigitatus* de la Cross River inférieure et de la Cross River moyenne du Nigeria [18]

Un écart d'au moins trois nucléotides a été signalé entre les spécimens de la lagune Ebrié et ceux de la rivière Bia et de la lagune Aby. L'échange de gènes semble plus réduit entre ces deux bassins aquatiques et la lagune Ebrié d'où la divergence génétiques entre les spécimens. Ce faible flux semble être lié à l'éloignement géographique des cours d'eau auxquels appartiennent les individus. Cet isolement génique a été observé dans plusieurs travaux sur les animaux [19], [20] (Gell, 2012; Oremu *et al.*; 2015).

Les ségrégations sur l'arbre phénétique, obtenu à partir des distances génétiques, ne diffèrent pas de celles obtenues à partir des caractères morphologiques. L'arbre phylogénétique a fait apparaître les deux unités taxonomiques: d'un côté, les spécimens de la lagune Ebrié et de l'autre, ceux de la rivière Bia et de la lagune Aby. La population étudiée est donc divisée en deux clades monophylétiques. Des observations similaires ont été faites par [21] Nwafili *et al.* (2015) au sujet de l'espèce *C. nigrodigitatus* du Delta du Niger. L'analyse de l'ADNmt leurs a permis de scinder les huit populations étudiées en deux lignées matrilineaires monophylétiques.

## 5 CONCLUSION

Les analyses moléculaires ont permis de visualiser l'intérêt de la génétique des populations dans la connaissance de la structure génétique des populations des cours d'eau échantillonnés. La variabilité de la séquence D-loop a révélé une absence de différenciation génétique entre les poissons de la rivière Bia et ceux de la lagune Aby. Par contre, les spécimens de la lagune Ebrié divergent génétiquement de ces populations. La plasticité phénotypique et la grande variation génétique peuvent accroître les potentialités d'adaptation des poissons à des environnements changeants ou nouveaux. Des études complémentaires sur l'ensemble des bassins hydrographique de Côte d'Ivoire contribueraient à une meilleure connaissance de l'organisation spatiale des populations.

## REFERENCES

- [1] A.T. Bedia, R.N. Etilé, G.I. Goore, K.P. Essetchi, and V. N'Douba, «Paramètres de croissance et d'exploitation de *Chrysichthys nigrodigitatus* (Lacepede, 1803) (Siluriformes, *Bagridea*) dans une lagune tropicale: Lagune Ebrié (Secteur 1: lagune Potou, Côte d'Ivoire), » *Tropicultura*, 35, 253-261, 2017.  
DOI: 10.25518/2295-8010.1053.
- [2] A. H. Yao, A.R. Koumi, B.C. Atse, E.P. Kouamelan, «ETAT DES CONNAISSANCES SUR LA PISCICULTURE EN COTE D'IVOIRE, » *Agronomie Africaine* 29 (3): 227 – 244, 2017.  
<https://www.ajol.info/index.php/aga/article/view/164967>.
- [3] G.G. Teugels, «A systematic revision of African species of the genus *Clarias* (Pisces, *Clariidae*), » *Annales du musée royal de l'Afrique Centrale. Sciences Zoologiques*, 247, 199p, 1986.
- [4] T.A.S.C. Ouattara, «Différenciation morphologique et génétique des poissons du genre *Chrysichthys* de Côte d'Ivoire, » Thèse unique de Sciences de la Nature. Université Nangui Abrogoua, Abidjan, Côte d'Ivoire, 174p, 2019.
- [5] T. Chauhan, and K. Rajiv, «Molecular Markers and their Applications in Fisheries and Aquaculture,» *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 1: 281-291, 2010.  
DOI: 10.4236/abb.2010.14037.
- [6] D. Paugy, C. Lévêque and G. G. Teugels, «Poissons d'eaux douces et saumâtres de l'Afrique de l'Ouest, » vol. 2. Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, 1272p, 2003.

- [7] G. Girard, J. Sircoulon, et P. Touchebeuf, «Aperçu sur les régimes hydrologiques: In: Le milieu naturel de la Côte d'Ivoire, » (Avenard, J. M., Eldin, M., Girard, G., Sircoulon, J., Touchebeuf, P., Guillaumet, J. L., Adjanohoun, E., Perraud, A., eds). *Memoires Orstom*, 50, 109-155, 1971.
- [8] J.P. Vanden Bossche and G.M. Bernacsek, «Source book for the inland fishery resources of Africa, » *FAO Fisheries Technical paper*, 1812, Rome, 240p, 1990.  
<https://www.fao.org/3/t0473e/T0473E00.htm>
- [9] Y.N. N'Goran, «Biologie, écologie et pêche de *Ethmalosa fimbriata* (Bowdich, 1825) en lagune Aby (Côte d'Ivoire), » Thèse de doctorat, *UBO*, 227p, 1995.
- [10] J.J. Albaret, «Les poissons, biologie et peuplements. In Environnement et ressources aquatiques de Côte d'Ivoire. Tome II: Les milieux lagunaires, » Durand J.R., Dufour P, Guiral D, Guillaume S., Zabi F. Editions de l'ORSTOM, 39-280, 1994.
- [11] B.G.C. Caraguel, «Spéciation des requins: approches moléculaires et application à la traçabilité du commerce des ailerons, » Thèse de Doctorat vétérinaire de l'Ecole National de vétérinaire de Toulouse, 103p.
- [12] A.J. Drummond, B. Ashton, M. Cheung, J. Heled, M. Kearse, R. Moir, Geneious v4.8, Available from, 2009.  
<http://www.geneious.com>
- [13] N. Saitou and M. Nei, «The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees,» *Molecular Biology and Evolution*, Vol 4, Issue 4, 406–425, 1987. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>.
- [14] A.B. Adepo-Gourene, «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, 2008.
- [15] T.A.S. Ouattara, A.C. Bonny, K. M. Konan, A.B. Adepo-Gourene and G. Gourene, «Morphological and genetic characterization of *Chrysichthys* species from the Bia river (Cote D'ivoire), » « *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies*; 6 (1): 116-121, 2018.  
<http://www.ijsk.org/ijrees.html>.
- [16] C. Lamy, M. Hichem Kara, J.P. Quignard, E. Faure, F. Bonhomme, «Forte différenciation génétique de la daurade *Sparus aurata* (L., 1758) entre les deux rives de la Méditerranée occidentale, » *Comptes Rendus Biologies*, 332 (4) 329–335, 2009.  
Doi: 10.1016/j.crv.2008.11.002
- [17] M.-T. G. Wognin, D. P. Sokouri, C. N'G. Kouassi, G.K. Dayo, Y. Wongbé, C.V. Yapi-Gnaoré, «Diversité génétique de six populations de *Heterobranchus longifilis* de Côte d'Ivoire, » *Journal of Animal & Plant Sciences* Vol.44 (2): 7621-7633, 2020.  
<https://doi.org/10.35759/JAnmPISci.v44-2.2>.
- [18] M.A. Chioma, A.U. Edak, V.O. Ntui, D. Ama-Abasi, «Morphological and Genetic Diversity Studies of *Chrysichthys nigrodigitatus* from the Cross River, Nigeria, Using Microsatellite Markers, » *Annual Research & Review in Biology*, 42-52, 2020.  
DOI: 10.9734/arrb/2020/v35i530224.
- [19] J. C. Gell; «Structure genetique des populations de trois especes de poissons de recifs cubains: *stegastes partitus*, *haemulon flavolineatum* et *acanthurus tractus* Sciences agricoles,» Université Paris Sud - Paris XI; Universidad de La Habana (Cuba), 2012.  
<https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00713528>.
- [20] M. Oremus, C. Garrigue et C. Cleguer, «Etude génétique complémentaire sur le statut de la population de dugongs de Nouvelle-Calédonie, » Rapport final 44p, 2015.  
DOI: 10.13140/RG.2.1.2693.6407.
- [21] S.A. Nwafili, R. Guijing and G.T. Xiang, «Preliminary Identification and Phylogenetic Study of *Chrysichthys* Pisces: Claroteidae from Upper River Benue, Nigeria Using Microsatellite DNA, » *Annual Research & Review in Biology*, 5 (6): 544-552, 2015.