

## Diversité et polymorphisme génétiques de *Coptodon zillii* du lac de Sélingué (Mali) par l'utilisation des marqueurs microsatellites

### [ Genetic diversity and polymorphism of *Coptodon zillii* from lake Selingue (Mali) using microsatellite markers ]

Nanourou Dembele<sup>1</sup>, Youssouf Sanogo<sup>1</sup>, Adama Konate<sup>1</sup>, Ramata Diop<sup>1</sup>, Hama Cisse<sup>2</sup>, Fassé Samake<sup>3</sup>, and Diakaridia Traore<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratoire de Biologie Animale et Environnement, Faculté des Sciences et Techniques, Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako, Bamako, Mali

<sup>2</sup>Unité de Formation et de Recherche en Sciences de la vie et de la Terre, Université Joseph KI-ZERBO, Ouagadougou, Burkina Faso

<sup>3</sup>Institut des Sciences Appliquées, Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako, Bamako, Mali

Copyright © 2023 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 Sélingué hydroelectric dam is built on the Sankarani River in Mali. It is a fishing production area teeming with many fish species including *Coptodon zillii*. The species was selected for the study of genetic diversity. The study involved 120 specimens from two landing stages, Carrière in the lake area and Faraba near the Sankarani River. Each sample was subjected to DNA extraction from a caudal fin portion. Ten microsatellite markers were used and the genetic diversity of each locus analyzed. The results showed a number of alleles varying from 2 to 5 per marker with an average of 2.9. The loci were 70% polymorphic at the 95% cutoff. In total, 29 alleles were observed for all the samples with 2 groups on the dendrogram. Group I consists of 5% of the Faraba samples and Group II of the Carrière and 95% Faraba samples. In group II, there is a separation according to landing stages with little differentiation between the samples from the two sites. The expected heterozygosity ( $H_e=0.35$ ) is lower than that observed ( $H_o=0.69$ ), reflecting an excess of heterozygosity, with an absence of consanguinity and less significant gene exchange between the specimens of the two zones. These results show high polymorphism and genetic diversity in the samples studied. They offer basic elements on the knowledge of the genetic diversity of the species. However, the study could be extended to *C. zillii* populations throughout the lake and rivers.

**KEYWORDS:** *Coptodon zillii*, microsatellite markers, diversity, heterozygote, polymorphism, Lake Sélingué, Mali.

**RESUME:** Le barrage hydroélectrique de Sélingué est construit sur la rivière Sankarani au Mali. C'est une zone de production halieutique regorgeant de nombreuses espèces ichthyennes parmi lesquelles *Coptodon zillii*. L'espèce a été retenue dans le cadre de l'étude de la diversité génétique. L'étude a touché 120 spécimens provenant de deux débarcadères, Carrière dans la zone du lac et Faraba près de la rivière Sankarani. Chaque échantillon a fait l'objet d'extraction d'ADN à partir d'une portion de nageoire caudale. Dix marqueurs microsatellites ont été utilisés et la diversité génétique de chaque locus, analysée. Les résultats ont montré un nombre d'allèles variant de 2 à 5 par marqueurs avec une moyenne de 2,9. Les loci étaient polymorphes à 70% au seuil de 95%. Au total, 29 allèles ont été observés pour l'ensemble des échantillons avec 2 groupes sur le dendrogramme. Le groupe I est constitué de 5% des échantillons de Faraba et le groupe II des échantillons de Carrière et de Faraba à 95%. Dans le groupe II, il existe une séparation en fonction des débarcadères avec une faible différenciation entre les échantillons des deux sites. L'hétérozygotie attendue ( $H_e=0,35$ ) est inférieure à celle observée ( $H_o=0,69$ ), traduisant un excès d'hétérozygotie, avec une absence de consanguinité et un échange de gènes moins important entre les spécimens des deux

zones. Ces résultats montrent un polymorphisme élevé et une diversité génétique chez les échantillons étudiés. Ils offrent des éléments de base sur la connaissance de la diversité génétique de l'espèce. Cependant, l'étude pourrait être étendue aux populations de *C. zillii* de l'ensemble du lac et cours d'eau.

**MOTS-CLEFS:** *Coptodon zillii*, marqueurs microsatellites, diversité, hétérozygote, polymorphisme, lac de Sélingué, Mali.

## 1 INTRODUCTION

Les poissons sont des ressources importantes exploités à des fins commerciales et de subsistance à partir de la mer, des cours d'eaux intérieurs, lacs, fleuves, rivières et réservoirs [1]. Au Mali, la production moyenne de poissons a été estimée à 110 366 tonnes [2] supérieures aux 100 000 tonnes signalées par [3]. La demande croissante en protéines d'origine halieutique est très importante poussant les politiques de développement du secteur à s'intéresser à l'aquaculture [4].

Plusieurs espèces de poissons sont utilisées en aquaculture conventionnelle au Mali, à savoir *Clarias anguillaris*, *Clarias gariepinus*, *Heterotis niloticus*, *Oreochromis niloticus* [5]. D'autres espèces dont *Sarotherodon gallilaeus*, *Coptodon zillii*, *Heterobranchus longifilis* sont souvent utilisées dans les empoissonnements communautaires. *Clarias anguillaris*, *Clarias gariepinus*, *Oreochromis niloticus*, *Sarotherodon gallilaeus* et *Coptodon zillii* sont abondantes dans les pêcheries maliennes [6], [7], [8]. Ces espèces constituent aussi les espèces prédominantes de la pisciculture commerciale africaine [9], [10]. Certaines de ces espèces ont fait l'objet d'amélioration génétique pour la performance zootechnique et ont été introduites dans les exploitations piscicoles de nombreux pays [11]. Cette introduction pose souvent un problème de biosécurité dans les pays d'accueil en cas de non contrôle des espèces génétiquement améliorées. La connaissance de la diversité génétique des souches autochtones permet de mieux les préserver contre l'érosion génétique pouvant se découler des contacts avec les souches allochtones. C'est dans cette optique que certaines espèces utilisées en pisciculture ont été retenues pour l'étude de leur diversité génétique au Mali. Certains auteurs ([5], [11], [12]) ont travaillé sur la diversité génétique de *Clarias anguillaris* des bassins fluviaux des fleuves Sénégal et Niger au Mali.

*Coptodon zillii* est aussi retenue pour l'étude de sa diversité génétique. La présente étude porte sur la diversité génétique de cette espèce de la pêche lacustre de Sélingué où elle occupe la 4<sup>ème</sup> place parmi les poissons débarqués avec 219 tonnes [13]. Aussi, à notre connaissance, aucune étude génétique de l'espèce du lac de Sélingué n'a été réalisée. L'étude a porté sur les échantillons de *Coptodon zillii* des deux débarcadères (Carrière et Faraba) du lac et environs les plus importants, en utilisant des marqueurs microsatellites.

## 2 MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 2.1 SITE D'ÉCHANTILLONNAGE

L'échantillonnage a été effectué sur les captures de la pêche artisanale débarquées à Carrière et à Faraba au tour du lac de Sélingué (figure 1). Le lac de Sélingué est un lac de barrage hydroélectrique qui fait 409 km<sup>2</sup> de surface, 5 m de profondeur moyenne, avec un statut trophique oligo-mésotrophe, et totalisant 2,2 milliards de m<sup>3</sup> d'eau [14]. Il se trouve dans la zone pré-guinéenne caractérisée par des précipitations annuelles moyennes variant entre 1200 et 1400 mm de pluies. La température moyenne annuelle y varie entre 23,7°C en janvier-février et 28,6°C en mars-avril [8].

Le débarcadère de Carrière est situé à 3 km du pied du barrage et construit sur la rivière Sankarani. Celui de Faraba est à 50 km sur le bras de la rivière Sankarani sous influence du barrage pendant la saison des pluies. Les deux débarcadères ont été choisis en raison de leur accessibilité et aussi du fait qu'ils concentrent toutes les captures de poissons avant leur acheminement dans les centres urbains.

Au total, 120 échantillons de poissons ont été prélevés dont 60 poissons dans chaque débarcadère. Ces poissons ont été acheminés au laboratoire pour subir l'extraction de l'ADN.

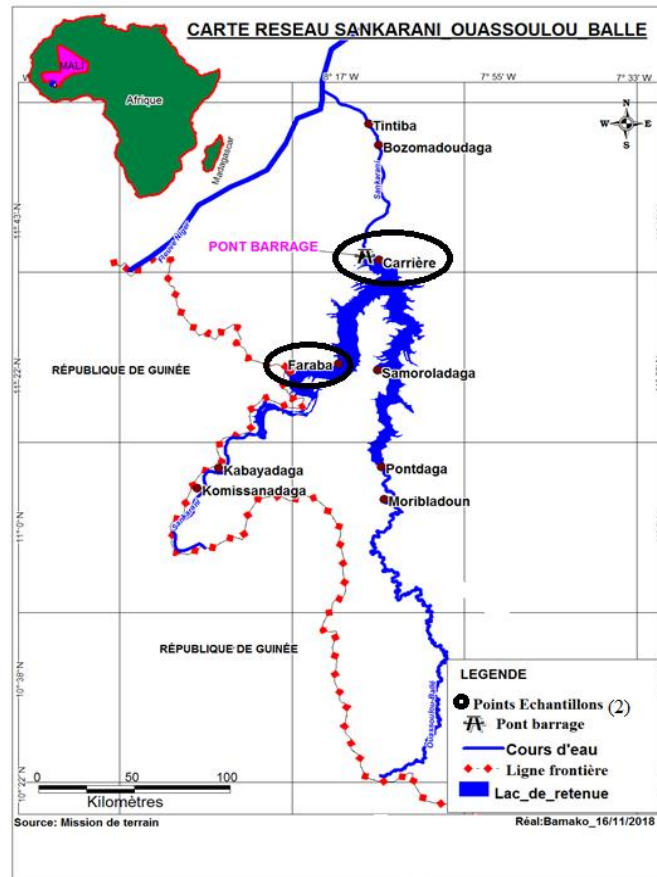


Fig. 1. Sites d'échantillonnage [14]

## 2.2 EXTRACTION D'ADN

A l'aide d'une paire de ciseaux, un prélèvement de 0,5 g au niveau de la nageoire caudale a été effectué sur chaque poisson. Chaque morceau de nageoire caudale est introduit dans un tube Eppendorf de 1,5 ml contenant 250 µl d'une solution tampon (CTAB) puis incubé pendant 2 heures dans le bain marie à une température de 56°C. Après incubation, le mélange a été ensuite broyé à l'aide des pillons stériles dans des tubes Eppendorf 1,5 ml. L'ADN génomique des poissons a été extrait en utilisant le kit d'extraction PromegaReliaPrep™ Blood gDNAMiniprep System selon les recommandations du fabricant. Les échantillons d'ADN ainsi extraits ont été conservés à 4°C.

## 2.3 AMPLIFICATION

Les extraits d'ADN ont été amplifiés en utilisant 10 paires de marqueurs microsatellites, à savoir: UNH-008, UNH-106, UNH-142, UNH-149, UNH-154, UNH162, UNH189, UNH-190, UNH216 et GM05. Un mélange réactionnel d'un volume total de 15 µl a été préparé à partir des ingrédients du kit promega (Relia Prep™ Blood g DNA Minipre System). Le mélange était composé de 4,2 µl d'eau, de 7,5 µl de master green, de 0,6 µl de l'amorce aller et retour et de 1,5 µl ou 2 µl de l'ADN. Ce mélange réactionnel a été réparti ensuite entre les micro-tubes PCR, puis homogénéisé par le vortex (vortex VWR INTERNATIONAL). Ensuite, les micro-tubes sont introduits dans le Thermocycleur (Alpha unit™ Block Assembly for PTC ADN Engine™Systems) pour l'amplification selon le programme de 30 cycles constitués des phases de dénaturation initiale à une température de 96°C pendant 5 minutes, de dénaturation à 95°C pendant 30 secondes, d'hybridation de 50°C à 60°C en fonction des amorces pendant 30 secondes, d'élongation initiale à 72°C pendant 30 secondes et suivies d'un cycle de 30 fois pour l'élongation finale à 72°C pendant 5 minutes. Les produits amplifiés ont été conservés à 4°C pour la conservation.

## 2.4 ELECTROPHORÈSE ET VISUALISATION DE BANDE

Huit (8) µl de chaque amplicon de PCR et 7 µl de marqueur ont été mis dans les puits d'un gel métaphore 3%, préparé avec 100 ml de TBE 0,5X (Tris, Borate Acide EDTA) et 30 µl de 10% du bromure d'éthidium (1mg/ml). Le gel a été migré pendant 2 heures 30 minutes à 80V et 100 mA et photographié avec l'appareil Gel Documentation System E-BOX VX2 version 15.06.

## 2.5 ANALYSE DES DONNÉES

La taille des allèles de chaque marqueur microsatellite a été déterminée en paire de base en utilisant le logiciel E-Capt version 15.06. La diversité génétique de chaque locus a été analysée avec le logiciel Power Marker version 3.25. L'arbre phylogénétique a été construit par la méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) avec le logiciel Power Marker version 3.25 et édité avec le logiciel MEGA 7.0 [15].

L'ensemble des paramètres de la variabilité génétique intra-population (fréquence allélique, le taux de polymorphisme, nombre moyen d'allèles par locus et richesse allélique, taux d'hétérozygotie, taux d'hétérozygotie observé  $H_o$  dans la population, taux d'hétérozygotie attendue ou théorique ( $H_e$ ) ont été déterminés grâce au logiciel GenAI. Ex version 6.5. Un locus est considéré polymorphe dans le cas où l'allèle le plus fréquent à une fréquence inférieure ou égale à 0,95 [16].

Les paramètres de la variabilité inter-population génétique ( $F_{is}$ ,  $F_{it}$ ,  $F_{st}$  et  $N_m$ ) sont des paramètres de fixation calculés selon les formules ci-dessous.

**L'indice de fixation  $F_{is}$ :** il exprime l'écart entre le nombre d'individus trouvés à l'état hétérozygote observé ( $H_o$ ) et celui à l'état hétérozygote attendu ( $H_e$ ), sa formule est la suivante:

$$F_{is} = \frac{H_e - H_o}{H_e}$$

Le  $F_{is}$  estime l'écart à la panmixie (croisement au hasard) dans une sous-population. Il exprime la variabilité génétique au sein des individus par rapport à la sous-population et mesure l'excès ou le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur de chaque population. Ses valeurs varient de -1 (excès en hétérozygotes) à +1 (déficit en hétérozygotes). Lorsque le  $F_{is}$  est égal à 0, la population étudiée est panmictique. Une population est panmictique lorsque chacun des individus qui la composent a des chances égales de se reproduire avec n'importe quel autre individu de sexe opposé.

**L'indice de fixation  $F_{it}$ :** il mesure l'écart à la panmixie à l'échelle globale de la population ou le déficit global en hétérozygotes pour l'ensemble de la population. Sa formule est la suivante:

$$F_{it} = \frac{H_t - H_o}{H_t}$$

Où  $H_t$  est les individus à l'état hétérozygote de la population et  $H_o$  les individus trouvés à l'état hétérozygote observé ( $H_o$ ). Comme le  $F_{is}$ , les valeurs du  $F_{it}$  varient de -1 (excès en hétérozygotes) à +1 (déficit en hétérozygotes).

**L'indice de fixation  $F_{st}$ :** il mesure la différenciation génétique entre deux sous-populations. Il donne le déficit en hétérozygotes issu de la structuration en sous-populations. Sa formule est la suivante:

$$F_{st} = \frac{H_t - H_e}{H_t}$$

Où  $H$  est le nombre d'individus hétérozygotes de la population et  $H_e$  le nombre d'individus trouvés à l'état hétérozygote attendu.

Si la valeur du  $F_{st}$  est toujours positive, elle varie de 0 pas de structuration à 1 toutes les sous-populations sont fixées pour l'un ou l'autre des allèles.

**L'indice de fixation  $N_m$ :** il mesure la différenciation génétique favorisée par la dérive et limitée par les flux génétiques entre les populations. Sa formule est la suivante:

$$Nm = \left( \frac{1}{f_{st}} - 1 \right) / 4$$

Où  $F_{st}$  est la différenciation génétique entre deux sous-populations.

Le nombre de migrants effectifs par génération est relié à la différenciation génétique  $F_{st}$ .

### 3 RÉSULTATS

#### 3.1 DIVERSITÉ ALLÉLIQUE

Au total, 29 allèles ont été identifiés avec les 10 marqueurs microsatellites utilisées (figure 2) Les marqueurs ont été polymorphes, se caractérisant par un nombre total d'allèles variant de 2 pour les marqueurs UNH008, UNH142, UNH2016, UNH162, UNH154 et GM05 à 5 pour les marqueurs UNH189 et UNH149 (figures 2 et 3). La moyenne d'allèles observée par marqueur microsatellite était de 2,9 allèles pour l'ensemble des échantillons étudiés (tableau 1).

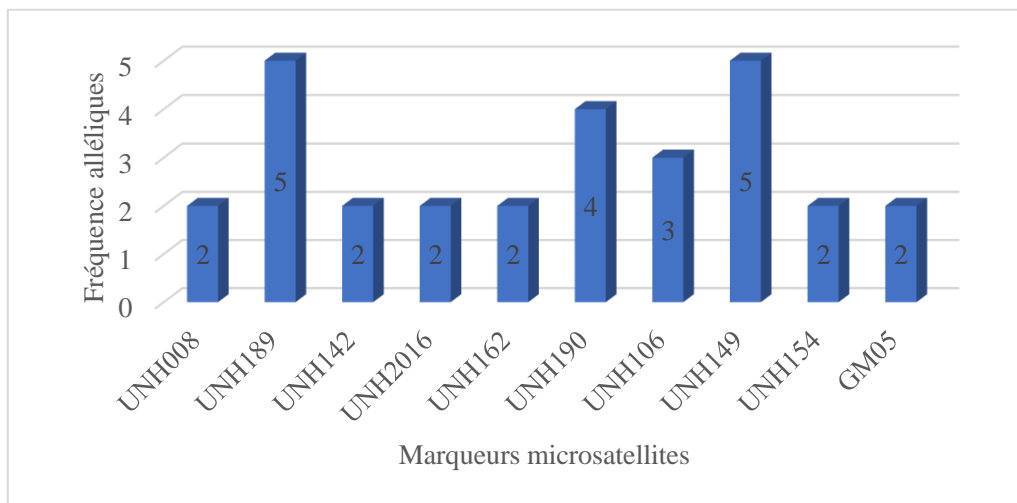


Fig. 2. Variation du nombre d'allèles par locus sur l'ensemble des échantillons de *Coptodon zillii* prélevés.

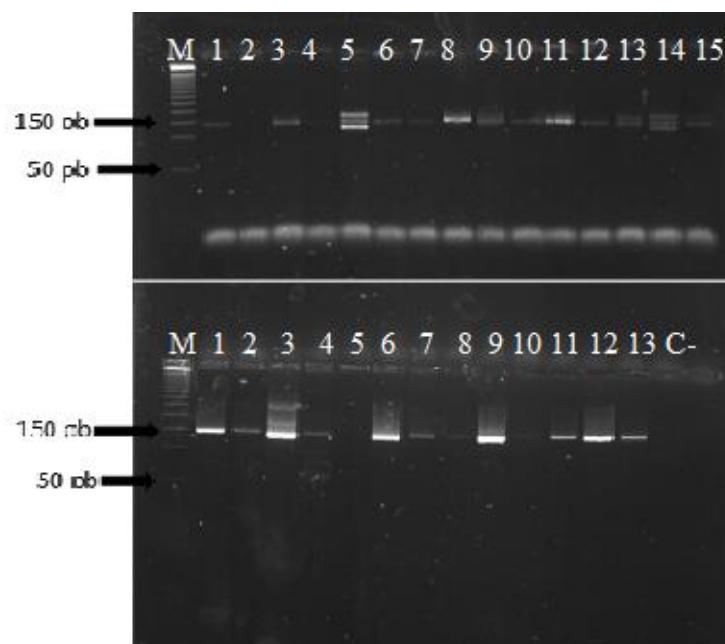


Fig. 3. Profils de migration sur gel métaphore 3%: en haut marqueur UNH 189 polymorphe et en bas marqueur UNH008 monomorphe M: marqueur, 1-14: échantillons; C: contrôle négatif

### 3.2 TAUX DE POLYMORPHISME

Les loci ont été révélés polymorphes à 70% au seuil de 95% dans les deux zones. Le polymorphisme est élevé pour les marqueurs microsatellites utilisés. Les valeurs des hétérozygoties attendues (He) (sous l'équilibre de Hardy-Weinberg) et observées (Ho) sont représentées dans le (tableau 1). Les valeurs d'He ont varié de 0,00 à 0,50 avec une moyenne de 0,35 aussi bien chez les échantillons de Carrière que chez les échantillons de Faraba. Les valeurs de Ho ont oscillé entre 0,00 et 1,00 avec une moyenne de 0,69 aussi bien chez les échantillons de Carrière que chez les échantillons de Faraba (tableau 1).

**Tableau 1. Nombre moyen d'allèles par locus et hétérozygotie dans la population totale**

Locus	Zones													
	Carrière						Faraba						Deux zones	
	N	I	Ho	He	uHe	Fis	N	I	Ho	He	uHe	Fis	NA	% P
UNH-008	56	0,00	0,00	0,00	0,00	---	54	0,00	0,00	0,00	0,00	---	2	70%
UNH-189	60	0,69	0,88	0,49	0,50	-0,79	53	0,69	0,92	0,50	0,50	-0,86	5	
UNH-142	52	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	49	0,69	1,00	0,50	0,51	-1,00	2	
UNH2016	54	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	53	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	2	
UNH-162	54	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	52	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	2	
UNH-190	54	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	54	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	4	
UNH-106	47	0,69	1,00	0,50	0,51	-1,00	53	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	3	
UNH149	51	0,69	1,00	0,50	0,50	-1,00	46	0,69	1,00	0,50	0,51	-1,00	5	
UNH154	51	0,00	0,00	0,00	0,00	----	48	0,00	0,00	0,00	0,00	-----	2	
GM05	54	0,00	0,00	0,00	0,00	-----	50	0,00	0,00	0,00	0,00	-----	2	
Moyenne		0,48	0,69	0,35	0,35	-0,97		0,45	0,69	0,35	0,35	-0,98	2,9	

N= nombre d'individus analysés; I=Indices de diversité; Ho= hétérozygotie observée; He = hétérozygotie attendue, uHe= hétérozygotie calculée (non biaisée); F=indice de fixation; NA= nombres d'allèles et P=Polymorphisme.

Les valeurs de l'indice de fixation Fis ont varié de -0,79 à -1 avec une moyenne de -0,97 à Carrière et de -0,86 à -1 avec une moyenne de -0,98 à Faraba. La valeur de p.value est de 0,001 inférieure à 0,05 montrant que la valeur de l'indice de fixation Fis dans la population étudiée dévie significativement par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (tableau 2).

**Tableau 2. Test de conformité de l'équilibre de Hardy-Weinberg**

Locus	Carrière		Faraba	
	Prob	Signif	Pro	Signif
UNH-008	Monomorphe		Monomorphe	
UNH-189	0,00	***	0,00	***
UNH-142	0,00	***	0,00	***
UNH2016	0,00	***	0,00	***
UNH-162	0,00	***	0,00	***
UNH-190	0,00	***	0,00	***
UNH-106	0,00	***	0,00	***
UNH-149	0,00	***	0,00	***
UNH-154	Monomorphe		Monomorphe	
GM05	Monomorphe		Monomorphe	

Prob= probabilité; Signif=signification; \*P< 0,05; \*\*P< 0,01; \*\*\*P< 0,001.

Les valeurs des indices de fixation Fit et Fst, pour l'ensemble des échantillons collectés à Carrière et Faraba sont consignées dans le tableau 3. Les valeurs des indices de fixations Fit et Fst les plus élevées ont été observées au niveau du locus UNH189 soit -0,51 pour le Fit et 0,17 pour le Fst avec des moyennes respectives de -0,93 et 0,02. Les flux de gènes (Nm) ont présenté une valeur relativement faible (0,21).

Tableau 3. Valeurs des Fit, Fst et Nm entre l'espèce de *Coptodon zillii* Carrière et Faraba

	U008	U189	U142	U2016	U162	U190	U106	U149	U154	GM05	Moyenne
Fit	-----	-0,51	-1,00	-1,00	-1,00	-1,00	-1,00	-1,00	-----	-----	-0,93
Fst	----	0,17	0,000	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	----	----	0,02
Nm	---	0,21	----	-----	-----	-----	-----	-----	----	-----	0,21

### 3.3 LES GROUPES

Le logiciel Darwin version 6 selon la méthode UPGMA et au Nei 1983 (figure 4) a permis de distinguer de deux (2) groupes principaux GI et GII. Le groupe I est constitué de 5% des échantillons de Faraba et le groupe II de 95 % des échantillons de Carrière et Faraba avec un taux respectif de 52,63% et 47,37 %. Dans le groupe II, il existe une séparation en fonction de la localisation mais l'échelle (0,05) montre une faible différenciation entre les populations de *Coptodon zillii* des deux sites

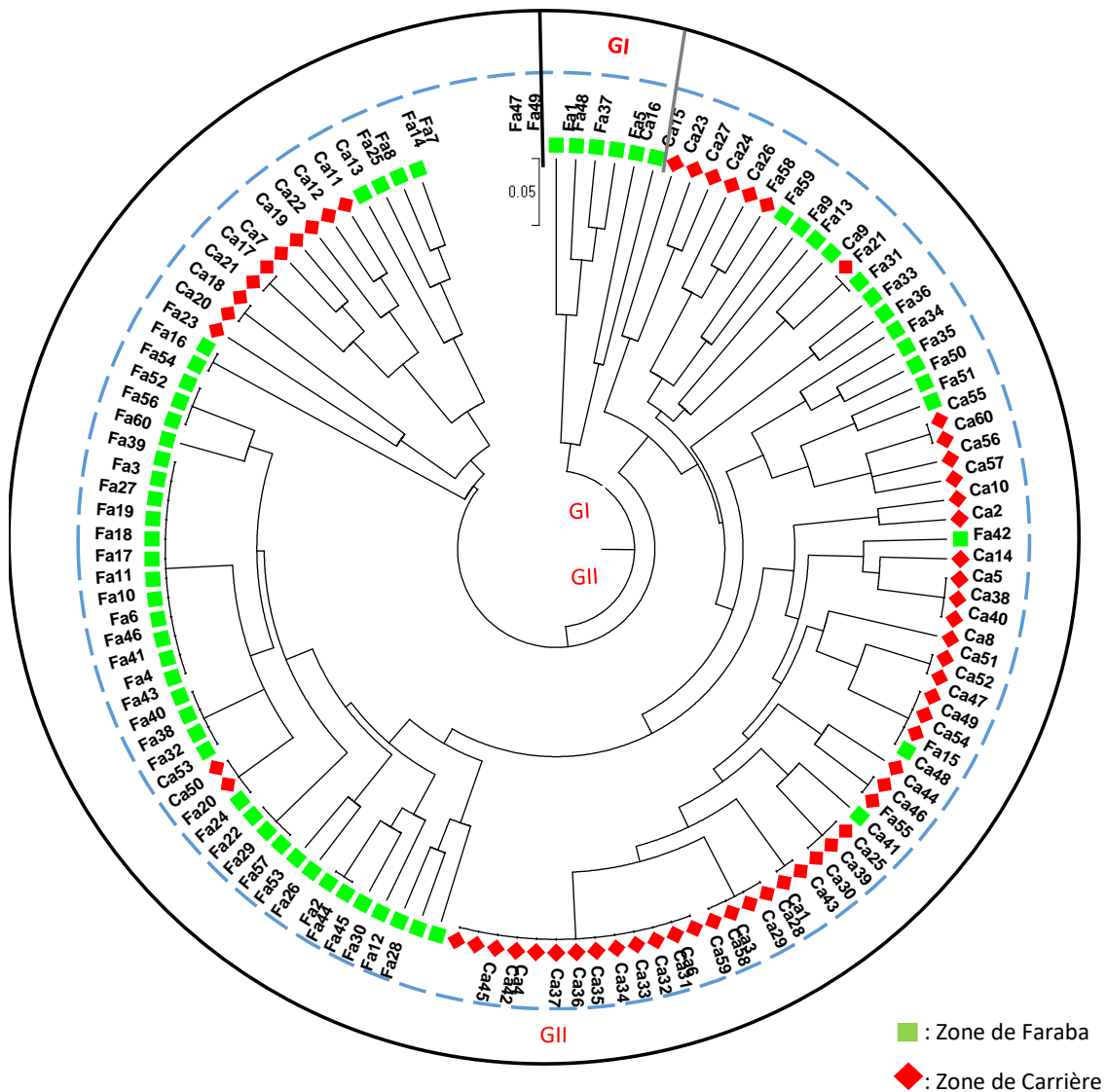


Fig. 4. Arbre phylogénétique entre les individus de la population totale

#### 4 DISCUSSION

L'étude a permis d'identifier 29 allèles avec une moyenne de 2,9 traduisant une diversité allélique chez *Coptodon zillii*. Les loci ont été polymorphes pour les échantillons prélevés à 70% au seuil de 95% dans les sites avec les 10 marqueurs microsatellites. Le nombre moyen d'allèles de notre étude est inférieur à celui rencontré chez d'autres Cichlidae, soit 2,9 contre 5,89 chez *Oreochromis niloticus* des bassins hydrographiques de l'Ouémé, du Mono et du Couffo au Bénin (Amoussou, 2017) avec 15 marqueurs microsatellites. Par contre, le nombre moyen de 3,2 allèles signalé par [17] chez des espèces d'*Oreochromis*, de *Sarotherodon* et de *Coptodon*, se trouve dans la fourchette de 2 à 5 allèles de notre étude. De même que le nombre de 2 allèles par individus avec le locus UNH197 et UNH135 chez l'hybride d'*Oreochromis niloticus* x *Sarotherodon melanotheron* [18].

Le nombre moyen d'allèles est inférieur à celui trouvé chez *Clarias anguillaris* des hauts bassins des fleuves Sénégal et Niger au Mali soit 2,9 contre 6,75 [11]. La différence du nombre d'allèles entre les études pourrait s'expliquer par le nombre de microsatellites utilisés ou la spécificité de l'espèce.

Les valeurs de l'indice de fixation du Fis étaient inférieures à zéro sur l'ensemble des loci, démontrant un excès global en hétérozygotes au sein des populations étudiées. Le déséquilibre de liaison est fortement significatif, tous les loci étant statistiquement liés les uns aux autres.

Les valeurs de l'indice de fixation Fis ont varié de -0,79 à -1 avec une moyenne de -0,97 à Carrière et de -0,86 à -1 avec une moyenne de -0,98 à Faraba. Les deux valeurs moyennes du Fis entre les deux sites sont proches.

Les valeurs des indices de fixation du Fit, Fst et Nm indiquent aussi un excès d'hétérozygotie chez les échantillons étudiés, une faible structuration géographique et un échange de gènes moins important entre la population de *Coptodon zillii* de la zone du débarcadère de Carrière et la population de *Coptodon zillii* de la zone du débarcadère de Faraba.

La diversité génétique a été étudiée chez d'autres poissons, notamment chez différentes populations de *Heterobranchus longifilis* en Côte d'Ivoire [19]. Ces auteurs ont observé chez cette espèce 48 allèles, une hétérozygotie observée variant de 0,23 à 0,86, un indice de Fis de - 0,093 à 0,37 et un indice de Fst de 0,037 à 0,276 avec 6 marqueurs microsatellites isolés de *Clarias gariepinus* (Cga01, Cga03, Cga05, Cga06, Cga09 et Cga10). Au Mali, [20] ont obtenu 54 allèles, un indice de Fis compris entre 0,32 et 1, un indice de Fit variant de 0,1 à 0,65 avec 8 marqueurs microsatellites Cga02, Cga06, Cga10, Cba11, Cba19, Cba20, Cm12 et Cm17 chez *Clarias anguillaris* des hauts bassins du Sénégal et du Niger.

L'étude a permis de distinguer deux groupes principaux de *Coptodon zillii* dont l'un est constitué uniquement des échantillons du débarcadère de Faraba près de la rivière Sankarani et l'autre constitué des échantillons de Faraba et de Carrière du côté du lac de Sélingué. L'unique groupe de Faraba présente une séparation en fonction de la localisation mais à l'échelle de 0,05 il existe une faible différenciation entre ces sites. A l'instar de nombre étude d'autres auteurs ont trouvé chez des espèces deux groupes sur la base des allèles comme chez *Oreochromis niloticus* au Bénin [1], chez *Heterobranchus longifilis* en Côte d'Ivoire [19]. Dans les bassins fluviaux du Sénégal et du Niger au Mali, [11] a obtenu 3 groupes chez *Clarias anguillaris*. Les spécimens de poissons ayant la même provenance ont eu une forte similarité génétique et ont tendance à se trouver dans le même groupe. Le mélange de poissons de part et d'autre dans les groupes, comme dans la présente étude, montre que les échantillons présentent des allèles en commun. Ainsi, des échantillons de *Coptodon zillii* collectés à Carrière et à Faraba ont des allèles en commun. Cependant, certains spécimens de Faraba n'ont pas d'allèles en commun avec ceux de Carrière. Ces poissons du côté de la rivière Sankarani semblent ne pas avoir de contact avec les échantillons du lac. Cette situation pourrait s'expliquer par l'éthologie des Cichlidae qui sont reconnus comme des poissons qui se déplacent peu et par conséquent n'effectuent de migration sur une grande distance [3].

Il semble que l'étude ait touché deux populations de *Coptodon zillii*, une population mixte présentant des échantillons du lac et des échantillons de la rivière Sankarani et une population isolée appartenant à la rivière Sankarani.

#### 5 CONCLUSION

L'étude a permis de mettre en évidence une diversité allélique et un polymorphisme chez *Coptodon zillii* du lac de Sélingué et environs, avec un excès d'hétérozygotes. Les 10 marqueurs microsatellites utilisés ont révélé 29 allèles et une différenciation génétique modérée entre les échantillons du débarcadère de Carrière dans le plan d'eau du lac et les échantillons du débarcadère de Faraba jouxtant la rivière Sankarani.



L'étude mériterait d'être poursuivie en prenant en compte les autres parties du lac de Sélingué, à savoir l'extrême amont et l'aval du barrage pour mieux caractériser génétiquement les différentes populations de *Coptodon zillii* du lac de Sélingué. Cependant, les résultats obtenus offrent des éléments de base sur la connaissance de la diversité génétique de *C. zillii* au Mali.

## REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient le Fonds Compétitif pour la Recherche et l'Innovation Technologique (FCRIT), le Centre National de la Recherche Scientifique et Technologique (CNRST) pour le financement des travaux de terrain. Les remerciements vont aussi à l'endroit des populations locales, les autorités administratives, communales et les services techniques de la zone d'étude, pour leur collaboration.

## REFERENCES

- [1] T. O. Amoussou, « Caractérisation morphologique, génétique et zootechnique des populations naturelles de tilapias *Oreochromis niloticus* (Linnaeus, 1758) et *Sarotherodon melanotheron* Rüppell, 1852 du Sud du Bénin en vue de leur valorisation dans les systèmes piscicoles Thèse de Doctorat Université d'Abomey-Calavi au Bénin et Université Nazi Boni au Burkina Faso.239p, 2017.
- [2] MDR, « Plan de campagne agricole harmonisé et consolidé ». Rapport, Ministère du Développement Rural, Bamako, Mali, 2021.
- [3] J. Quensière, « La pêche dans le delta central du Niger. Approche pluridisciplinaire d'un système de production halieutique ». IER/ORSTOM/Karhala. (2): 495 p, 1994.
- [4] MA, « Plan de campagne agricole harmonisé et consolidé ». Rapport, Ministère de l'Agriculture et Ministère de l'Elevage et de la Pêche, Bamako, Mali, 2016.
- [5] R. Diop, A. Konaté, Y. Sanogo, D. Traoré, M. Camara, « Relation taille - poids et facteur de condition des espèces de silures (genre *Clarias*) utilisées en pisciculture dans la zone périurbaine de Bamako. Revue Malienne de Science et de Technologie, Série A, vol. 0 n° 22, 83-93, 2019.
- [6] Y. Sanogo, D. Traoré, F. Samaké, A. Koné, « Les communautés ichtyologiques de la rivière Baoulé dans le bassin du fleuve Niger au Mali ». TROPICULTURA, 30, 2, 65-71, 2012.
- [7] Y. Sanogo F. Samaké, A. Koné, D. Traoré, « Diversité du peuplement ichtyologique de la rivière Bagoé (Bassin du Niger, Mali) ». *Agronomie Africaine*; 27 (1): 47–56, 2015.
- [8] Y. Sanogo, A. Konaté, N. Dembélé, K. Traoré, R. Diop, F. Samaké. « Sexe ratio et relation taille poids chez le Cichlide *Coptodon zillii* (Gervais, 1853) pêché dans le lac de Sélingué au Mali ». *Afrique Science*; 20 (4) 56-66, 2022.
- [9] FAO, « The state of world fisheries and aquaculture ». Rome, Italy.p 3-99p, 2012.
- [10] FAO, « The state of world fisheries and aquaculture ». Rome, Italy.3-92p, 2014.
- [11] R. Diop, A. Konaté, R. Fané, N. Dembélé, S. Dao, D. Konaté, O. Ouattara, Y. Sanogo F. Samaké, D. Traoré, « Genetic diversity of *Clarias anguillaris* from the Bakoye, River in Mali ». *International Journal of Biological and Pharmaceutical Sciences Archive*. 01 (02), pp: 145-152, 2021.
- [12] R. Diop, « Caractérisation morphométrique et diversité génétique de *Clarias anguillaris* (Linnaeus 1758) pêche dans les bassins des fleuves Niger et Sénégal au Mali ». Thèse de doctorat de l'Université des sciences, des Techniques et Technologies de Bamako; 50-60p, 2022.
- [13] J. Kantoussan, Impacts de la pression de pêche sur l'organisation des peuplements de poissons: Application aux retenues artificielles de Sélingué et de Manantali, Mali, Afrique de l'Ouest. Thèse de doctorat, *Agrocampus Rennes*; 195 p, 2007.
- [14] K. Traoré, « Reproduction et croissance pondérale de *Hemichromis fasciatus* Peters, 1852 dans le lac de barrage hydroélectrique de Sélingué au Mali ». Thèse de Doctorat de l'Université des Sciences, des Techniques et des technologies de Bamako. 67 p, 2020.
- [15] S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura, « Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets». *Mol Biol*. 33 (7): 1870-4, 2016.
- [16] O. A. Mohamed, B. S. Farhat, B. Sonia, M. Djemali, «Analyse moléculaire de la diversité des dromadaires (*Camelus dromedarius*) en Tunisie». *Biotechnol. Agron. Soc. Environ*. 14 (3).399-408, 2010.
- [17] E. Bezault, « Etude de la conservation de locus microsatellites chez les Tilapias et application à l'analyse de la ségrégation méiotique chez des hybrides inter-génériques (*O. niloticus* x *S. melanotheron*) ». Diplôme d'Etudes Supérieures de Sciences Naturelles à Université Pierre et Marie Curie - Paris VI. 41 p, 1999.
- [18] E. Bezault, R. Xavier, G. Karim, B. Jean-Francois, and C. Bernard, «Microsatellites Cross-Species Amplification across Some African Cichlids». *International Journal of Evolutionary Biology*. 7 p, 2012.
- [19] T. W. Marie, P. S. Didier, N. K. Cyrill, K. D. Guiguigbaza, Y. Wongbé, C. V. Yapi-Gnaoré, « Diversité génétique de six populations de *Heterobranchus longifilis* de Côte d'Ivoire ». *Journal of Animal and Plant Sciences*. Vol. 44 (2): 7621-7633 <https://doi.org/10.35759/JAnmPLSci.v44-2.2>, 2020.
- [20] R. Diop, Y. Sanogo, A. Konaté, S. Dembélé, S. Da Costa Kouassi, S. Dao, R. Fané, K. Traoré, N. Dembélé, D. Konaté, O. Ouattara, D. Traoré, F. Samaké, « Diversité et structure génétiques de *Clarias anguillaris* des bassins des fleuves Niger et Sénégal au Mali. *International Journal of Innovation and Applied Studies*. 39. pp. 1617-1624, 2023.