

Diversité génétique des crevettes d'eau douce des genres *Atya* et *Macrobrachium* des bassins hydrographiques de Côte d'Ivoire

Abran Apolline BILE^{1,2}, Boua Célestin ATSE¹,
Assanvo Simon Pierre N'GUETTA²

Résumé

La variabilité électrophorétique de 14 locus, représentant 10 systèmes enzymatiques a été étudiée chez 12 populations de crevettes d'eau douce de Côte d'Ivoire, correspondantes à 4 espèces des genres *Atya* et *Macrobrachium*. Au total, 250 spécimens ont été échantillonnés. Les résultats montrent que *Atya scabra* et *Macrobrachium felicinum* se distinguent des deux autres espèces respectivement par 8 et 5 allèles diagnostiques. Cependant, si l'analyse des distances génétiques et des statistiques-F confirment la grande divergence génétique de *A. scabra* et *M. felicinum*, il n'en est pas de même pour *Macrobrachium macrobrachion* et *Macrobrachium vollenhovenii* qui semblent génétiquement très proche l'une de l'autre. La présence d'allèles rares caractéristiques de certaines espèces, accentue cette structuration. Les pressions de sélection induites par les milieux de vie des crevettes et leurs milieux de reproduction ont des effets sur certains locus. Cela a créé des déficits en hétérozygotes de certains locus par rapport à l'équilibre de Hardy Weinberg.

Mots-clés : Variabilité électrophorétique, crevette, *Atya scabra*, *Macrobrachium felicinum*, *Macrobrachium macrobrachion*, *Macrobrachium vollenhovenii*.

Genetic diversity of freshwater shrimps of the genus *Atya* and *Macrobrachium*, from Côte d'Ivoire hydrographical basins

Abstract

The electrophoretical variability of 14 loci, representing 10 enzymatic systems has been studied about 12 populations of freshwater shrimps from Côte d'Ivoire hydrographical basins, about 4 species of the genus *Atya* and *Macrobrachium*. A total of 250 specimens were sampled. *Atya scabra* and *Macrobrachium felicinum* were different from other species respectively by 8 and 5 diagnostic alleles. However, if the analysis of the genetic distances and statistics-F confirms the high genetic diversity of *A. scabra* and *M. felicinum*, it was not the same for *Macrobrachium macrobrachion* and *Macrobrachium vollenhovenii* which seem to be genetically very close each other. The presence of characteristic rare alleles of some species, accentuate this structuring. The pressures of selection led by the environment of shrimps and their areas of reproduction have some actions on some locus. This creates deficits in heterozygote of some locus in relation to the Hardy Weinberg equilibrium.

Keywords: Variability electrophoresis, shrimp, *Atya scabra*, *Macrobrachium felicinum*, *Macrobrachium macrobrachion*, *Macrobrachium vollenhovenii*

¹ Centre de Recherches Océanologiques (CRO) B.P. V 18 Abidjan, Côte d'Ivoire

² UFR Biosciences, Université de Cocody, Abidjan, 22 B.P. 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire Tél. : +225 07 61 04 36 ;
Fax : +225 21 35 11 55 E-mail : atse_boua_celestin@hotmail.com

Introduction

Les travaux effectués sur les crevettes des côtes occidentales d’Afrique (MONOD, 1966) en général, et sur les familles des Atyidae et des Palaemonidae de certains bassins hydrographiques de la Côte d’Ivoire (GOORÉ-BI, 1998) en particulier, ont contribué à la connaissance de la systématique, de la biologie et de l’écologie des espèces de ces deux familles. La famille des Atyidae est représentée par un seul genre *Atya* qui comprend quatre espèces en Afrique. Deux de ces espèces, *Atya scabra* et *Atya africana* se retrouvent dans la rivière la Bia, en Côte d’Ivoire (GOORÉ-BI, 1998). La famille des Palaemonidae est composée de 5 genres, *Palaemon*, *Leander*, *Branchycarpus*, *Desmocariss* et *Macrobrachium* dont un seul est présent en Côte d’Ivoire, *Macrobrachium* (MONOD, 1966). Ce dernier comprend 10 espèces dont 5 sont représentées en Côte d’Ivoire. Il s’agit de *M. macrobrachion* ; *M. vollenhovenii* ; *M. felicinum* ; *M. raridens* et *M. dux*. (MONOD, 1966 ; POWEL, 1980 ; GOORÉ-BI, 1998). Toutes ces espèces ont été déjà décrites dans le complexe fluvio-lacustre de la Bia et dans le fleuve côtier de l’Agnébi (GOORÉ-BI, 1998). Les travaux de MONOD (1966) ont permis de proposer deux clés d’identification et de classification. En effet, le genre *Atya* est caractérisé de façon générale par sa troisième paire de pattes thoraciques qui est plus développée et terminée par un crochet, alors que les spécimens du genre *Macrobrachium* ont des pattes locomotrices II très développées dans la plupart des cas. La clé de la famille des Atyidae est plus facile à utiliser tandis que celle de la famille des Palaemonidae est imparfaite et confuse (MONOD, 1966). Après une révision systématique des espèces et une nouvelle description des taxons, de nouvelles clés ont été proposées par GOORÉ-BI (1998). Toutefois, des difficultés demeurent en ce qui concerne l’identification des crevettes femelles et les individus au stade juvénile parce que les spécimens femelles n’ont pas été pris en compte dans l’établissement de ces clés.

L’utilisation de l’électrophorèse des protéines enzymatiques est une technique très efficace pour mettre en évidence et évaluer la variabilité génétique d’une espèce (AGNÈSE *et al.*, 1989). Cette technique est très pratique en génétique des populations et particulièrement indiquée pour l’identification des espèces cryptiques qui sont difficiles à distinguer morphologiquement (RICHARDSON *et al.*, 1986 ; LAVERY et STAPLE, 1990). Elle a été souvent utilisée pour l’étude des crevettes (DRENGSTIG *et al.*, 2000 ; RAMOS-PAREDES et GRIJALVA-CHON, 2003). L’objectif de ce travail était de caractériser, à partir de l’électrophorèse des isoenzymes, la variabilité génétique des populations de crevettes d’eau douce des genres *Atya* et *Macrobrachium* présentes dans les principaux bassins hydrographiques de la Côte d’Ivoire.

Matériel et méthodes

Echantillonnage des crevettes

Les échantillons de crevettes qui ont fait l’objet de cette étude proviennent des bassins hydrographiques des fleuves Sassandra, Bandama et Comoé et des rivières N’zi et Bia (figure 1). Au total, 250 crevettes, représentant 4 espèces qui correspondent à 12 populations, ont été collectées au cours d’une campagne mensuelle. Chaque échantillon comprenait des crevettes dont la taille et la masse sont fort différentes, incluant les deux sexes. Ces individus représentaient un échantillon tiré au hasard de leur population d’origine. Après capture, les crevettes étaient immédiatement disséquées et un morceau du muscle abdominal était individuellement prélevé, déposé dans

un tube Eppendorf identifié et transféré au laboratoire sur glace sèche puis conservé à - 80 °C pour les analyses électrophorétiques quelques semaines plus tard.

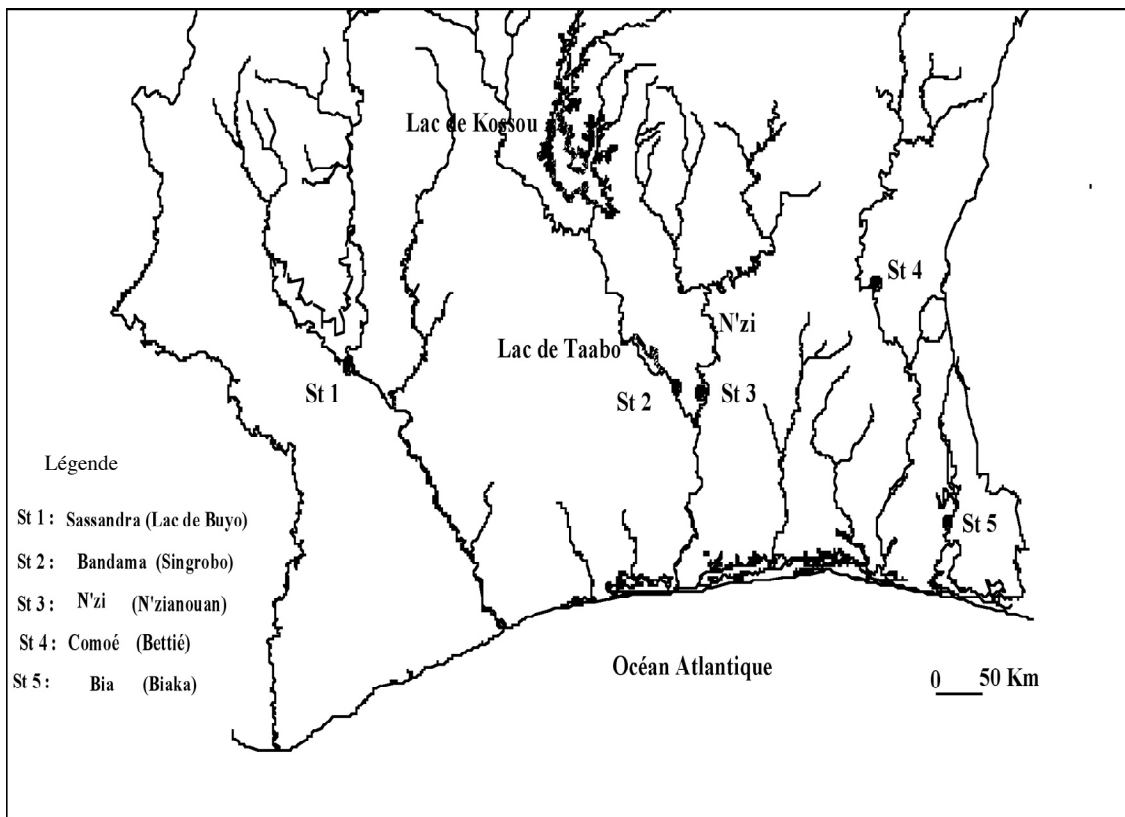


Figure 1. Sites d'échantillonnage.

Electrophorèse enzymatique

L'analyse électrophorétique a porté sur quatorze locus représentant dix systèmes enzymatiques (tableau I) a été réalisée sur gel d'amidon (AGNÈSE, 1989 ; AGNÈSE *et al.*, 1989). L'extraction du tissu, la migration du tampon, ainsi que la procédure de préparation ont été décrites par PASTEUR *et al.* (1987) et AGNÈSE (1989). La nomenclature des locus et des allèles recommandée par SHAKLEE *et al.* (1990) a été utilisée. La variabilité génétique et la structuration génétique des populations ont été utilisées pour l'analyse de polymorphisme enzymatique. La diversité allélique (A) qui est le nombre moyen d'allèles par locus, le taux de polymorphisme ($P_{95\%}$) qui correspond au nombre de locus polymorphes par rapport au nombre de locus étudiés et le taux d'hétérozygotie moyen (H) ont été utilisés pour évaluer la variabilité génétique.

Analyses statistiques

La divergence génétique entre les échantillons de crevettes a été déterminée grâce aux statistiques-F de Wright (F_{it} , F_{is} et F_{st}) qui rendent compte de la diversité génétique à différents niveaux. La variabilité génétique est mesurée par F_{is} à l'intérieur d'une sous population, F_{it} de

la population totale et F_{st} entre deux populations (WEIR et COCKERMAN, 1984). Les tests de déviation des fréquences alléliques par rapport à celles attendues sous l'hypothèse de l'équilibre de Hardy-Weinberg et de différenciation génétique parmi les populations ont été faits en utilisant le test exact de Fisher selon le programme GENEPOP (RAYMOND et ROUSSET, 1995). Les déviations standard de la diversité génétique et les distances génétiques standard ont été calculées selon NEI (1978) en utilisant le logiciel BIOSYS-1 (SWOFFORD et SELANDER, 1989). Le phénotypage obtenu en utilisant PHYLIP (FELSENSTEIN, 1993) avec l'analyse par grappe UPGMA (SNEATH et SOKAL, 1973) a permis de structurer les espèces.

Tableau I. Liste des systèmes étudiés et des tampons utilisés dans l'étude du polymorphisme enzymatique des crevettes d'eau douce.

Systèmes enzymatiques	Locus	Tampons
Acide cis aconitique (EC 4.2.1.3)	ACO	MC2
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)	AK1 AK2	MC2 , TC6,7
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	AAT	MC2 , TC6,7
Creatine kinase (EC 3.1.3.1)	CK1 CK2	MC2 , TME
Enzyme maléique (EC 1.1.1.40)	ME	MC2 , TC6,7
Glucose 6 phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)	PGI	TME
Lactate deshydrogenase (EC 1.1.1.27)	LDH1 LDH2	TME
Malate deshydrogenase (EC 1.1.1.37)	MDH1 MDH2	MC2
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)	PGM	TC6,7
Protéines totales	PT	MC2 , TC6,7

MC2 : Amine Citrate pH 6,1 ; TC6,7 : Tris citrate pH6,7 ; TME : Tris maleate EDTA pH 6,9. Pour la composition des tampons voir PASTEUR *et al.* (1987).

Résultats

Mesure de la variabilité génétique

Les locus ACO, AK1, AK2 et MDH2 étaient monomorphes pour l'allèle 100 dans toutes les populations (tableau II). Dix locus étaient polymorphes au sein ou entre les populations. Il s'agissait des locus AAT, PGI, PGM, PT et ME qui étaient polymorphes au sein des populations et des locus CK1, CK2, LDH1, LDH2 et MDH1, polymorphes entre les populations (tableau II). Les fréquences des allèles des locus polymorphes et les divers indices estimant le degré de polymorphisme sont présentés dans le tableau III. Ces derniers étaient représentés par 2 (CK1, CK2, LDH2, MDH1), 3 (LDH1, ME, PGI, PGM), 4 (PT) et 6 allèles (AAT). Certains allèles ou combinaisons d'allèles ont permis de caractériser certaines populations ou espèces. Ainsi, les allèles AAT₉₆, CK1₉₀, CK2₁₀₅, LDH1₁₁₀, LDH2₁₁₀, MDH1₈₀, PGI₂₀ et PT₉₀ n'ont été observés que dans la population d'*Atya scabra*, LDH1₁₁₀, ME₈₀, PGI₈₀, PGM₁₀₅ et PT₁₀₅ sont des allèles spécifiques à la population de *M. felicinum* tandis que LDH1₈₀ caractérisait celle de *Macrobrachium* sp. Concernant les populations, seul le locus PT₈₀ discriminait la sous-population de *M. macrobrachion* de la Comoé des populations restantes de *M. macrobrachion*. Toutes les espèces avaient en commun la plupart des allèles observés bien que les fréquences alléliques aient été différentes (tableau II). L'espèce *A. scabra* ne renfermait qu'un seul exemplaire des gènes de chaque locus étudié et ne présentait aucun locus polymorphe. Les fréquences des allèles PGI₈₀ et PGM₁₀₅ étaient très faibles chez *M. macrobrachion* et *M. vollenhovenii*, mais très élevées chez *M. felicinum*. La population de *M. felicinum* présentait un seul locus polymorphe. Il s'agissait de AAT qui s'est révélé par les allèles 70, 80 et 100. Quant à celle de *Macrobrachium* sp., elle présentait deux locus polymorphes dont AAT avec les allèles 90 et 100 et PGI avec les allèles 80 et 100.

Concernant les autres populations du genre *Macrobrachium* des différents sites d'échantillonnage, les locus AAT, PGM, PGI et PT d'une part et ME, PGI et PGM d'autre part étaient polymorphes respectivement dans les sous-populations de *M. macrobrachion* et de *M. vollenhovenii*. Le locus AAT étaient polymorphe pour toutes les sous-populations de *M. macrobrachion* à l'exception de celles de la Bia et du Bandama. Ce locus présentait les allèles 70 et 100 dans l'échantillon de Sassandra, 100 et 105 dans celui de la Comoé et 90, 100 et 105 dans l'échantillon du N'Zi. Au sein de la population de *M. macrobrachion* de la Comoé, le locus PT était caractérisé par les allèles 80 et 100 de fréquences respectives 0,03 et 0,97. Le locus ME présentait normalement les trois allèles 80, 100 et 105. Mais, dans la population de *M. vollenhovenii* du Sassandra, ce polymorphisme s'exprimait par les deux allèles 100 et 105. Le locus PGI présentait deux allèles 80 et 100 dans les échantillons provenant du Bandama et du Sassandra ainsi que dans les sous-populations de *M. macrobrachion* du N'Zi et de la Comoé. Les trois allèles 80, 100 et 105 du locus PGM n'ont été observés que dans la sous-population de *M. vollenhovenii* de la Bia. Pour tous les locus polymorphes, les fréquences alléliques les plus élevées à chaque locus ont été présentées par l'allèle 100. Des allèles « rares », de fréquences inférieures à 5 % ont été observés au sein de certaines populations (tableau II). Il s'agit de PGI₈₀ chez *M. macrobrachion* de Bandama, AAT₁₀₅ et PT₈₀ chez *M. macrobrachion* de Comoé, AAT₇₀ et AAT₈₀ chez *M. felicinum*, PGM₈₀ et PGM₁₀₅ chez *M. vollenhovenii* de Bia, AAT₈₀ chez *M. macrobrachion* de N'Zi et PGI₈₀ chez *M. vollenhovenii* de Bandama.

Tableau II. Fréquences alléliques et indices estimant le degré de diversité génétique entre les populations.

Populations	ASBIA	MFCOM	MFCROsp	MMBIA	MMBAN	MMNZI	MMSAS	MMCOM	MVBIA	MVSAS	MVBAN	MVNZI	MVCOM
Allèles	n=16	n=19	n=10	n=14	n=42	n=15	n=21	n=17	n=45	n=9	n=22	n=14	n=16
Locus AAT	-	0,03	-	-	-	-	0,03	-	-	-	-	-	-
	-	0,02	-	-	-	0,04	-	-	-	-	-	-	-
	-	-	0,10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	-	0,95	0,90	1,00	1,00	0,89	0,97	0,97	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	-	-	-	-	-	0,07	-	0,03	-	-	-	-	-
CK1	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
CK2	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
LDH1	-	-	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	-	-	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	1,00	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
LDH2	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MDH1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
ME	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PGI	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	-	1,00	0,35	-	0,02	0,07	0,05	0,06	-	0,10	0,04	-	-
	-	-	0,65	1,00	0,98	0,93	0,95	0,94	1,00	0,90	0,96	1,00	1,00
PGM	-	-	-	-	0,05	-	-	-	0,01	-	-	-	-
	1,00	-	1,00	1,00	0,95	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00
	-	1,00	-	-	-	-	-	-	0,01	-	-	-	-
PT	-	-	-	-	-	-	-	0,03	-	-	-	-	-
	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	-	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,97	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
	-	1,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	1,00	1,14	1,00	1,14	1,20	1,14	1,20	1,14	1,14	1,10	1,00	1,00	-
P 95%	0,00	0,07	0,14	0,00	0,07	0,14	0,14	0,07	0,00	0,14	0,00	0,00	0,00
H	0,000	0,004	0,045	0,000	0,010	0,015	0,010	0,015	0,003	0,020	0,000	0,000	0,000

Alya scabra de la Bia (ASBIA); *Macrobrachium jelskium* du Comté (MFCOM); *Macrobrachium* sp. (MFCROsp); *Macrobrachium macrobrachion* de la Bia (MMBIA); *Macrobrachium macrobrachion* du Bandama (MMBAN); *Macrobrachium macrobrachion* du N'Zi (MMNZI); *Macrobrachium macrobrachion* du Comté (MMCOM); *Macrobrachium macrobrachion* de la Bia (MVBIA); *Macrobrachium macrobrachion* du Comté (MVSAS); *Macrobrachium macrobrachion* du Comté (MVBAN); *Macrobrachium macrobrachion* du Comté (MVNZI); *Macrobrachium macrobrachion* du Comté (MVCOM); n = nombre d'échantillons analysés dans chaque population.

Le taux de polymorphisme $P_{95\%}$ a varié de 0,00 chez *Atya scabra*, *M. macrobrachion* de la Bia, *M. vollenhovenii* de Bandama, du N'Zi, de la Comoé et de la Bia à 0,14 chez *Macrobrachium* sp., *M. macrobrachion* du N'Zi et du Sassandra et *M. vollenhovenii* du Sassandra (tableau II). La diversité allélique A a varié de 1,2 chez les populations de *M. macrobrachion* du N'Zi et de la Comoé à 1,0 chez les populations de *A. scabra*, *M. macrobrachion* de la Bia, *M. vollenhovenii* du N'Zi et de la Comoé (tableau II). Le taux d'hétérozygotie théorique (H) a varié de 0,00 chez *A. scabra*, *M. felicinum*, *M. macrobrachion* de la Bia, *M. vollenhovenii* du Bandama, du N'Zi, de la Comoé et de la Bia à 0,05 chez *Macrobrachium* sp. (tableau II).

Mesure de la divergence génétique

Les résultats des distances génétiques calculées entre les différentes populations et espèces selon l'équation de NEI (1978) ont varié de 0 chez *M. macrobrachion* et *M. vollenhovenii* à 1,026 chez *A. scabra* et *M. felicinum*. Les distances génétiques observées entre *A. scabra* et les autres espèces de *Macrobrachium* étaient élevées (de 0,823 à 0,851). En revanche, elles étaient faibles (de 0,082 à 0,085) entre *Macrobrachium* sp. et *M. macrobrachion* ou *M. vollenhovenii*. Les distances génétiques observées entre *M. felicinum* et chacune des autres espèces de *Macrobrachium* étudiées ont varié de 0,391 à 0,444. La valeur intraspécifique la plus élevée (0,001) a été observée uniquement entre la population de *M. macrobrachion* du Bandama et celle du N'Zi. Le dendrogramme issu des distances génétiques (figure 2) a montré que les deux espèces *A. scabra* et *M. felicinum* étaient nettement distinctes des autres espèces. En revanche, les espèces *M. macrobrachion*, *M. vollenhovenii* et *Macrobrachium* sp. étaient génétiquement proches.

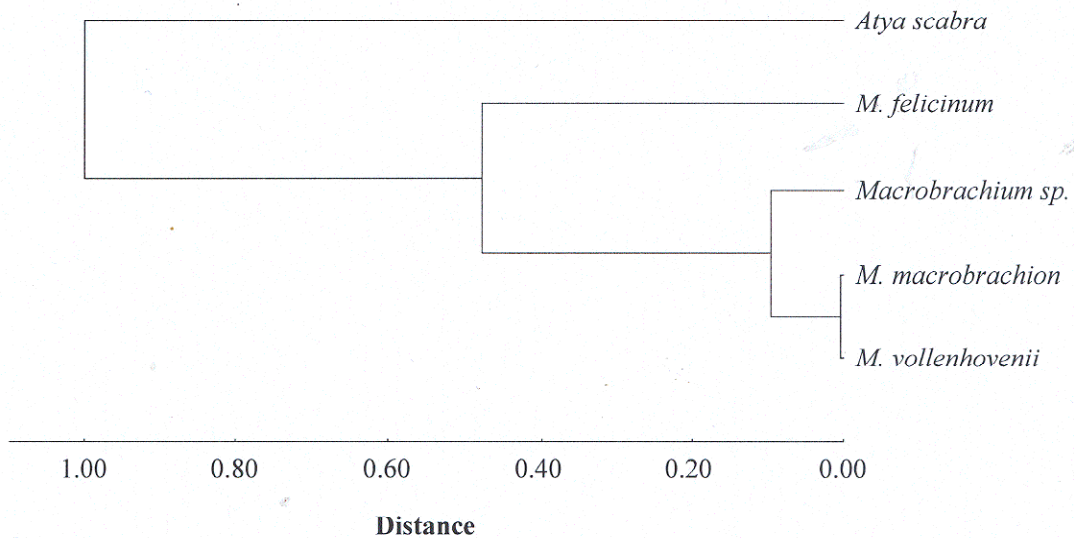


Figure 2. Dendrogramme obtenu à partir de la matrice des distances génétiques de NEI (1978) montrant les relations génétiques entre les cinq espèces.

Les distributions génotypiques de chaque échantillon suivaient bien la loi de Hardy Weinberg au niveau des locus polymorphes dont l'allèle le plus commun ne dépasse pas une fréquence de 0,95. Cependant, certains locus présentaient, dans une ou plusieurs populations, une déviation par rapport à l'équilibre de Hardy Weinberg. Cette déviation se traduit soit par un déficit, soit par un excès en hétérozygotes. Ainsi, le calcul de l'indice de Wright de statistiques -F (F_{is}) par population et par locus a montré que, pour le locus AAT, les populations de *M. felicinum* et *M. macrobrachion* de N'zi étaient caractérisées par un déficit en hétérozygotes égal respectivement à 0,50 et 0,66. De même pour le locus ME, la population de *M. vollenhovenii* du Bandama a présenté un déficit en hétérozygotes égal à 1.

Le F_{st} de tous les locus entre paire d'espèces et entre paire de populations a été calculé (tableau III). Les valeurs sont hautement significatives pour tous les couples de populations ou d'espèces échantillonnés à l'exception du couple *M. macrobrachion* et *M. vollenhovenii* ($F_{st} = 0,003$, $p > 0,05$).

Discussion

L'analyse des fréquences alléliques a permis de détecter plusieurs cas de variabilités génétiques dans les différentes populations échantillonnées. Ainsi, les locus polytypiques tels que CK1, CK2, LDH1, LDH2 et MDH1, bien que présentant plusieurs allèles, fixent un seul type d'allèles dans chaque population. Le nombre inconstant de locus polymorphes (de 0 à 4) observé au sein des populations échantillonnées s'explique par le fait qu'un même locus peut fixer un seul allèle dans une population donnée et fixer plusieurs allèles dans une autre population. C'est le cas de PT qui présente l'allèle PT90 dans la population de *A. scabra*, PT₁₀₅ dans celle de *M. felicinum*, PT₁₀₀ dans toutes les autres populations à l'exception de la population de *M. macrobrachion* de la Comoé où il se révèle par deux allèles 80 et 100. Des résultats similaires ont été obtenus chez les crevettes d'eau douce de Guadeloupe (LÉVÊQUE, 1974). Selon AGNÈSE (1989) et ADÉPO (1996), PT révélé par les protéines majeures (enzymatiques et non enzymatiques) de l'extrait musculaire est considéré comme un locus. Par ailleurs, les résultats de notre étude révèlent au sein du genre *Macrobrachium*, quatre espèces dont *M. felicinum*, *M. macrobrachion*, *M. vollenhovenii* et *Macrobrachium* sp. alors que l'étude des différenciations morphologiques des mêmes spécimens révèle les trois premières espèces citées chez le même genre *Macrobrachium* (KONAN, 2004). Ces résultats suggèrent l'existence d'un nouveau taxon, *Macrobrachium* sp. en plus des trois précités. L'espèce *Macrobrachium* sp. se différencie des autres espèces de *Macrobrachium* par la possession de l'allèle diagnostique LDH₁₈₀. De même, *M. macrobrachion*, en plus de l'allèle AAT₁₀₀ qu'il partage avec *M. vollenhovenii*, présente les allèles AAT₇₀, AAT₈₀, AAT₉₀ bien qu'à des fréquences faibles. Le locus ME est monomorphe pour *M. macrobrachion* et polymorphe pour *M. vollenhovenii*. Aussi, l'existence de l'allèle PT₈₀, allèle rare de par sa fréquence 0,03 et diagnostique de par sa spécificité au sein de la sous-population de *M. macrobrachion* de la Comoé permet-il de discriminer de façon générale la population de *M. macrobrachion* des autres populations (DRENGSTIG *et al.*, 2000). L'espèce *M. felicinum* se distingue des autres espèces du genre *Macrobrachium* par la possession de 5 allèles diagnostiques (LDH₁₁₀, ME₈₀, PGI₈₀, PGM₁₀₅ et PT₁₀₅) mais aussi par la fréquence de certains allèles (AAT₁₀₀ et PGI₈₀) qu'elle partage avec les autres espèces. En effet, alors que les fréquences de ces allèles tendent vers la fixation chez *M. felicinum*, elles sont très faibles dans l'ensemble chez les autres espèces.

La différenciation génétique observée entre *M. felicinum* et les autres espèces de *Macrobrachium* est ici également confirmée par les différences morphologiques observées (KONAN, 2004). Elles sont peut-être soumises aux effets conjugués de la dérive génétique qui est responsable de leur appauvrissement en allèles et du faible taux de mutation (LAULIER, 1989).

Les spécimens *A. scabra* de la Bia sont monomorphes pour tous les locus étudiés, avec des allèles spécifiques. Des résultats similaires ont déjà été obtenus chez *Atya innocous* en Guadeloupe (EPPE et FIEVET, 2000). Cette caractéristique s'expliquerait par le fait que ces fortes spécificités génétiques de la fixation différentielle d'allèles montrent un isolement reproductif vis-à-vis des autres populations. Cet isolement probablement impliqué dans la réduction du nombre moyen d'allèles pourrait être de nature géographique. En effet, *A. scabra* est endémique à la rivière Bia (GOORÉ-BI, 1998).

Les taux de polymorphisme et d'hétérozygotie théorique sont relativement faibles au sein de toutes les populations. Cette faible variabilité génétique est beaucoup plus marquée au sein de la population de *M. vollehovenii* où le taux de polymorphisme est nul pour toutes ses sous-populations à l'exception de celle de Sassandra ($P_{0,95} = 0,143$) confinée dans le lac de Buyo. La faible variabilité génétique a déjà été rapportée chez les décapodes (NELSON et HEDGECOCK, 1980). En effet, les crevettes d'eau douce, selon leur mode de reproduction, quittent les bassins fluviaux pour se reproduire en milieu saumâtre où les aires de reproduction favoriseraient les brassages qui tendent à la réduction du polymorphisme (LEVEQUE, 1974). Les résultats pourraient également être dus à des goulots d'étranglement ou des fluctuations d'effectifs suite aux fortes pressions de la pêche.

Les valeurs des distances génétiques déterminées d'une part entre les paires de populations de *Macrobrachium* sp. et *M. macrobrachion* ou de *Macrobrachium* sp. et *M. vollehovenii* (0,08), et d'autre part celle calculée entre *M. macrobrachion* et *M. vollehovenii* (0,00) sont faibles. Elles confirment la grande proximité morphologique entre ces taxons, malgré la présence des allèles diagnostiques tels que LDH180 chez *Macrobrachium* sp. qui discriminent les espèces. Cela dénote d'une homogénéité génétique au sein des différentes populations de ces espèces (DRENGSTIG *et al.*, 2000). Ces populations pourraient avoir la même origine, malgré les distances et barrages entre les sites d'échantillonnage. En revanche, les valeurs des distances génétiques interspécifiques sont plus élevées entre *A. scabra* et les autres espèces échantillonnées. Les F_{st} élevés montrent que les espèces appartiennent à des unités génétiquement différentes à l'exception de *M. macrobrachion* et *M. vollehovenii*. La différenciation pourrait s'expliquer par la conjonction de deux effets dont le flux génique plus limité et la sélection très forte dans les milieux d'échantillonnage qui ont entraîné une spéciation des espèces devenant indépendantes les unes des autres (LAULIER, 1989). Pour la paire de populations de *M. macrobrachion* et *M. vollehovenii*, le F_{st} est non significatif à cause de leur faible structuration génétique due au brassage entre les populations. Ces résultats confirment le phénogramme (figure 2) obtenu à partir des distances génétiques qui montre que les populations sont génétiquement structurées. Le calcul des taux de consanguinité intra populationnels (F_{is}) met en évidence des déficits en hétérozygote dans certaines populations au niveau de certains locus. De tels déficits ont déjà été observés chez d'autres espèces de crustacés, *Gammarus insensibilis* et *Gammarus aequicauda* (BATTAGLIA *et al.*, 1992) et *Penaeus stylirostris* (RAMOS-PAREDES et GRIJALVA-CHON, 2003).

Conclusion

Cette étude préliminaire sur la variabilité électrophorétique des crevettes d'eau douce en Côte d'Ivoire a permis de révéler la différenciation et la structuration génétique des espèces *Atya scabra*, *Macrobrachium felicinum*, *Macrobrachium macrobrachion* et *Macrobrachium vollenhovenii*. Les résultats suggèrent l'existence d'un autre taxon *Macrobrachium* sp.. Cependant, si l'espèce *A. scabra* se caractérise par une grande diversité génétique vis à vis des autres espèces, il n'en est pas de même chez les quatre autres espèces qui sont génétiquement très proches mais ne sont pas confondues.

Références citées

- AGNÈSE J.F., 1989. Différenciation génétique de plusieurs espèces de siluriformes ouest-africains ayant un intérêt pour la pêche et l'aquaculture. Thèse de Doctorat d'Etat. Université des sciences et Techniques du Languedoc, France, 216 p.
- AGNÈSE J.F., PASTEUR N. et LEVÈQUE C., 1989. Différenciation génétique de quelques populations de *Chrysichthys nigrodigitatus* et de *Chrysichthys johneisi* (Pisces Bagridae) de Côte d'Ivoire et du Mali. Revue Hydrobiologie Tropicale, 22 (2) : 101-106.
- ADÉPO A.B., 1996. Différenciation génétique des populations naturelles de poissons d'intérêt aquacole en Afrique de l'Ouest : *Chrysichthys nigrodigitatus* et *Oreochromis niloticus*. Thèse de Doctorat de 3^e cycle, Université de Cocody, Côte d'Ivoire.
- BATTAGLIA B., PATARNELLO A.T. et BISOL P.M., 1992. Genetic differentiation among geographic populations of two species of the genus Gammarus: *Gammarus insensibilis* and *G. aequicauda* (crustacea, amphipoda). Vie Milieu, 42 : 263-268.
- DRENGSTIG A., FEVOLDEN S.E, GALAND P.E. et ASCHAN M.M., 2000. Population structure of the deep-sea shrimp (*Pandalus borealis*) in the north-east Atlantic based on allozyme variation. Aquatic Living Resource, 13: 121-128.
- EPPE R. et FIEVET E., 2000. Distribution et capacité de dispersion des crevettes d'eau douce de Guadeloupe : étude préliminaire de la structuration des populations de Cacador (*Atya innocous*) par analyse du polymorphisme enzymatique. Rapport final, CNRS, Laboratoire des Hydrosystèmes Fluviaux, Université Lyon I, France, 25 p.
- FELSENSTEIN J., 1973. Maximum-likelihood estimation of evolutionary trees from continuous characters. American Journal Of Human Genetics, 25 : 471-492.
- GOORÉ Bi G., 1998. Contribution à l'étude des crevettes d'eaux douces de Côte d'Ivoire : Systématique, Biologie et Socio économie de la pêche de *Macrobrachium vollenhovenii* et de *Macrobrachium macrobrachion* (Crustacea : Decapoda Palaemonidae, bassin Bia). Thèse de Doctorat de 3^e cycle, Université de Cocody, Côte d'Ivoire.
- KONAN K.M., 2004. Différenciation morphologique des crevettes de cinq bassins fluviaux de Côte d'Ivoire : Comoé, Bandama, Sassandra, Bia et Eholié. Mémoire DEA, Sciences et Gestion de l'Environnement, Université d'Abobo-Adjamé, Côte d'Ivoire.
- LAULIER M., 1989. Génétique et systématique évolutives du complexe d'espèces *Sphaeroma hookeri* Leach, *Sphaeroma levii* Argano et *Sphaeroma rugicauda* Leach (Crustacés, Isopodes Flabellifères). 2: Variabilité génétique, distances génétiques et allèles diagnostiques. Génétique Sélection et Évolution, 21: 131-145.
- LAVERY S. et STAPLE D., 1990. Use for allozyme electrophoresis for identifying two species of penaeid prawn post larvae. Australia Journal of Marine and Freshwater Resource, 41 : 259-266.
- LÉVÈQUE C., 1974. Crevettes d'eau douce de la Guadeloupe (Atyidae et Palaemonidae). Cahier de l'ORSTOM, Serie Hydrobiologie, 13: 41-49.

- MONOD T., 1966.** Crevettes et crabes des côtes occidentales d'Afrique. In : « Réunion de spécialistes C.S.A. sur les crustacés », GORDON I., HALL D.N.F., MONOD T., GUINOT D., POSTEL E., HOESTLANDT H. et MAYRAT, A., Mémoire de l'Institut Fondamental d'Afrique Noire, Zanzibar, p. 103-234.
- NELSON K. et HEDGECOCK D. 1980.** Enzyme polymorphism and adaptive strategy in the decapod Crustacea. *American Naturalist*, 116: 283-292.
- NEI M., 1978.** Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- PASTEUR N., PASTEUR G., BONHOMME F., CATALAN J. et BRITTON-DAVIDIAN J., 1987.** Manuel Technique de génétique par électrophorèse des protéines. Lavoisier (Ed.), Paris.
- POWEL C.B., 1980.** The genus *Macrobrachium* in West Africa I : *M. thysi* a new large species from Ivory Coast (Crustacea, Decapoda, Palaemonidae). *Revue Africaine*, 94: 317-326.
- RAMOS-PAREDES J. et GRIJALVA-CHON J.M., 2003.** Allozyme genetic analysis in hatchery strains and wild blue shrimp, *Penaeus (Litopenaeus) stylirostris* (Stimpson), from the Gulf of California. *Aquatic Resource*, 34: 221-234.
- RAYMOND M. et ROUSSET F., 1995.** GENEPOP (version 1.2) : population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86 : 248-249.
- RICHARDSON B.J., BAVERSTOCK P.R. et ADAMS M., 1986.** Allozyme electrophoresis: A handbook for animal and population studies. Academic Press, New York.
- SHAKLEE J.B., ALLENDORF F.W., MORIZOT D.C. et WHITT G.S., 1990.** Gene nomenclature for protein-coding loci in fish. *Transactions of the American Fisheries Society*, 119 : 2-15.
- SNEATH P.H.A. et SOKAL R.R., 1973.** Numerical taxonomy, the principles and practice of numerical classification. In: KENNEDY D. et PARK R.B. (eds), FREEMAN W.H., San Francisco, USA
- SWOFFORD D.L. et SELANDER R.B., 1989.** BIOSYS-1 : A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics Release 1.7. Champaign, Illinois: Natural History Survey.
- WEIR B.S. et COCKERMAN C.C., 1984.** Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38 : 1358-1370.