

Diversité et structure génétiques de *Clarias anguillaris* des bassins des fleuves Niger et Sénégal au Mali

[Genetic diversity and structure of *Clarias anguillaris* from the Niger and Senegal river basins in Mali]

Ramata Diop¹, Youssouf Sanogo¹, Adama Konaté¹, Siaka Dembélé², Sébastien Da Costa Kouassi³, Sognan Dao¹, Rokiadou Fané¹, Kadiatou Traoré¹, Nanourou Dembélé¹, Drissa Konaté¹, Oumar Ouattara¹, Diakaridia Traoré¹, and Fassé Samaké¹

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

²Institut Polytechnique Rural de Formation et de Recherche Appliquée, Koulikoro, Mali

³Laboratoire d'Ichtyologie et de Conservation des gènes de poissons, Station de Recherche sur la Pêche et l'Aquaculture Continentale, Centre National de Recherche Agronomique, Bouaké, Côte d'Ivoire

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: Information on genetic diversity is essential in fish conservation programs, the constitution of gene banks and the selection of the most efficient strains. The objective of this contribution is to identify the genetic diversity of wild populations of *Clarias anguillaris* from river basins in Mali. Eight microsatellite markers (Cba11, Cba19, Cba20, Cga02, Cga06, Cga10, Cm12, Cma17) were used on fins taken from 131 fish. After DNA extraction and PCR amplification, the alleles obtained are separated on a 3% metaphor gel, visualized using the E-Box device. The data was analyzed using Power Marker V3.25 software. The results identified 54 alleles with an average polymorphism information content (PIC) of 0.60. The number of alleles per locus varied between 2 (Cba11) and 10 (Cba19). The rate of heterozygosity was between 0.16 ± 0.07 and 0.14 ± 0.05 . The average heterozygosity observed was lower than that of the expected heterozygosity, i.e. 0.16 ± 0.037 versus 0.34 ± 0.04 . Three genotypes have been recorded. Group 1 consists of samples from Mopti (Niger Basin) and Lake Magui (Senegal Basin), group 2 those from Sankarani (Niger Basin), Lake Magui and the Bafing and Bakoye rivers (Senegal Basin) and group 3 by those of the Bafing, Bakoye and Sankarani rivers. These results indicate a genetic diversity of the species in the river basins of Mali. The information will serve as guidance in conservation programs for *Clarias anguillaris* in Mali.

KEYWORDS: *Clarias anguillaris*, genetic diversity, heterozygosity, river basins, Mali.

RESUME: Les informations sur la diversité génétique sont essentielles dans les programmes de conservation des poissons, de la constitution des banques de gènes et la sélection des souches plus performantes. L'objectif de la présente contribution est de relever la diversité génétique des populations sauvages de *Clarias anguillaris* provenant des bassins fluviaux au Mali. Huit marqueurs microsatellites (Cba11, Cba19, Cba20, Cga02, Cga06, Cga10, Cm12, Cma17) ont été utilisés sur des nageoires prélevées sur 131 poissons. Après l'extraction de l'ADN et amplification par PCR, les allèles obtenus sont séparés sur un gel métaphore de 3%, visualisés à l'aide de l'appareil E-Box. Les données ont été analysées à l'aide du logiciel power marker V3.25. Les résultats ont permis d'identifier 54 allèles avec un contenu moyen d'information sur le polymorphisme (PIC) de 0,60. Le nombre d'allèles par locus a varié entre 2 (Cba11) et 10 (Cba19). Le taux de l'hétérozygotie était entre $0,16 \pm 0,07$ et $0,14 \pm 0,05$. La valeur moyenne d'hétérozygotie observée était inférieure à celle de l'hétérozygotie attendue soit $0,16 \pm 0,037$ contre $0,34 \pm 0,04$. Trois génotypes ont été enregistrés. Le groupe 1 est constitué des échantillons de Mopti (Bassin du Niger) et du Lac Magui (Bassin du Sénégal), le groupe 2 ceux du Sankarani (bassin du Niger), lac Magui et des rivières Bafing et Bakoye (bassin

du Sénégal) et le groupe 3 par ceux des rivières Bafing, Bakoye et Sankarani. Ces résultats indiquent une diversité génétique de l'espèce dans les bassins fluviaux du Mali. Les informations serviront d'orientations dans les programmes de conservation de *Clarias anguillaris* au Mali.

MOTS-CLEFS: *Clarias anguillaris*, diversité génétique, hétérozygotie, bassins fluviaux, Mali.

1 INTRODUCTION

Le genre *Clarias* regroupe des poissons de la famille des *Clariidae*. Il se trouve en Afrique avec 14 genres et 92 espèces ([1]). En Afrique de l'Ouest, le genre est représenté par 32 espèces et se rencontre dans tous les grands bassins fluviaux ([2]). Au Mali, il est représenté par deux espèces, *Clarias anguillaris* et *C. gariepinus* ([3]). Cependant, [4], [5], [6] et [7] soupçonnent la présence d'une autre espèce.

C. anguillaris est une espèce sauvage dans les bassins fluviaux au Mali ([8], [15], [4], [6]) L'espèce est exploitée dans tous les plans d'eau du pays et occupe une place importante dans la production de la pêche artisanale ([10]). Les piscicultures utilisent la souche sauvage, à côté de la souche améliorée, dans les étangs de production et font souvent recours à ses alevins pour satisfaire leur besoin.

Malgré l'importance économique et piscicole de *C. anguillaris* au Mali, les informations sur la relation phylogénétique entre les populations sont fragmentaires. Les travaux disponibles ont été effectués par [11] sur la population de la rivière Bakoye dans le bassin du fleuve Sénégal. L'analyse phylogénétique permet de préciser les relations évolutives entre différentes espèces ou organismes ([12]). Elle fait souvent intervenir l'usage de données moléculaires ([12]).

Les marqueurs microsatellites constituent l'une des méthodes moléculaires les plus fréquemment utilisées pour les analyses taxonomiques et systématiques de divers organismes ([13]; [14]).

Les informations obtenues peuvent influencer le développement des stratégies de gestion couplées à des stratégies de conservation de la biodiversité. La présente contribution a pour objectif d'étudier la diversité de la population naturelle de *C. anguillaris* en utilisant des marqueurs microsatellites.

2 MATERIEL ET METHODES

2.1 SITES DE PRÉLÈVEMENT

Les poissons ont été prélevés dans les débarcadères de la pêche artisanale le long des rivières Sankarani (lac de Sélingué), Bani et le cours principal du fleuve Niger dans le bassin du fleuve Niger et sur les rivières Bakoye, Bafing et au Lac Magui dans le bassin du fleuve Sénégal (figure 1). L'étude a porté sur 131 poissons collectés de façon aléatoire auprès des pêcheurs en septembre 2018 et en août 2020.

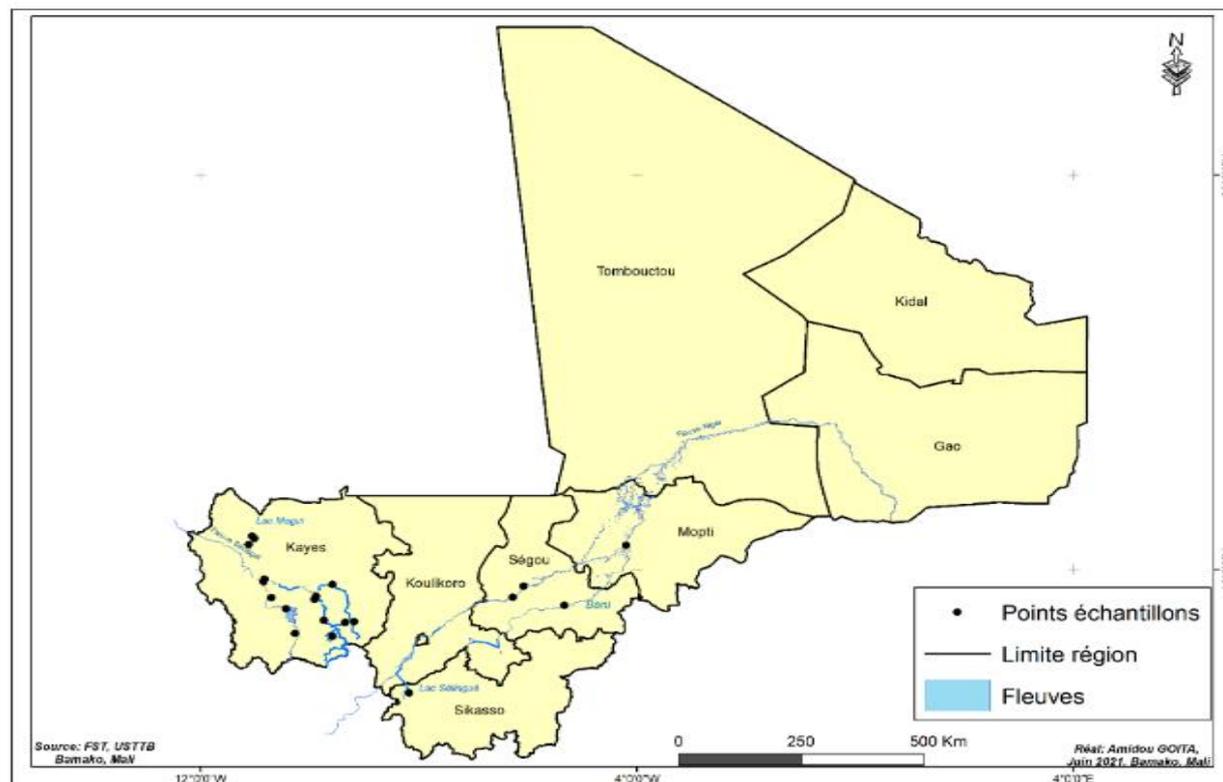


Fig. 1. Localisation des sites de prélèvement

2.2 EXTRACTION D'ADN

L'ADN génomique des poissons a été extrait à partir des morceaux de nageoires prélevés sur chaque sujet en utilisant le kit d'extraction Promega Reliaprep TM Blood DNA Miniprep System. Environ 2g de nageoire de chaque échantillon sont prélevés à l'aide d'un ciseau et introduits dans un tube Eppendorf de 1,5 ml contenant 250 µL d'une solution tampon (CTAB) puis incubés pendant 2 heures dans le bain-marie à une température de 55°C. Après incubation, le mélange est ensuite broyé à l'aide des pilons stériles dans des tubes Eppendorf de 1,5 ml. Le mélange obtenu a été dissout dans 250 µl d'une deuxième solution de lyse cellulaire enfin de détruire les membranes cellulaires des leucocytes.

Après homogénéisation, 20 µl de la solution de protéinase alcaline est ensuite ajoutée en vue de détruire les protéines. Le mélange est encore homogénéisé puis incubé pendant 5 minutes à la température ambiante. Un volume de 350 µl de la solution de neutralisation est ensuite ajouté pour neutraliser l'action des solutions précédentes. Le mélange est ensuite homogénéisé et porté à la centrifugation à la vitesse de 13200 rpm pendant 10 minutes. Les surnageants ont été récupérés dans des colonnes de spin placées sur des tubes de collecte. Les montages colonne-tube-collecteur ont été centrifugés à 13200 rpm pendant 1 minute (pour décanter la solution). Ce système permet de filtrer le mélange et de retenir les acides nucléiques (ADN) dans les colonnes de spin. Les colonnes de collection sont ensuite jetées et remplacées par d'autres colonnes de collection. Sept-cent cinquante microlitres (750 µl) de la solution de lavage (éthanol 70%) sont mis dans les colonnes de spin puis centrifugés à 13200 rpm pendant 1 min pour laver le contenu de la colonne. Cette étape est répétée deux fois. Les colonnes de spin contenant l'ADN, sont transférées sur de nouveaux tubes Eppendorf puis 100 µl de l'eau stérile (nucléase free water) sont mis dans les colonnes et le montage est ensuite centrifugé à 13200 rpm pendant 1 minute. A cette étape, l'eau stérile (nuclease free water) permet de diluer l'ADN et l'entraîner dans les tubes Eppendorf de 1,5 ml.

Enfin, l'ADN est conservé à -20°C dans le congélateur (comfort No Forst). Ainsi, les différents extraits d'ADN obtenus sont mis sur un gel d'agarose de 1% puis visualisés à l'aide de l'appareil Gel Documentation System E-BOX VX2 version 15.06. Cette étape permet d'estimer la qualité de l'ADN extrait par échantillon.

2.3 AMPLIFICATION DES EXTRAITS D'ADN PAR LES MARQUEURS MICROSATELLITES

Les extraits d'ADN ont été amplifiés en utilisant 8 paires d'amorces microsatellites (tableau 1). Un mélange réactionnel d'un volume total de 15 µl a été préparé à partir des ingrédients du kit Promega. Le mélange était composé de 4,2 µl d'eau, de 7,5 µl de master green, de 0,6 µl de l'amorces aller et retour et 1,5 ou 2 µl de l'ADN. Le mélange réactionnel a été réparti ensuite entre les micro-tubes PCR, puis mélangé à l'aide du vortex VWR INTERNATIONAL pour bien homogénéiser le contenu des tubes. Après, les micro-tubes ont été introduits dans le Thermocycleur (Alpha unit TM Block Assembly for PTC ADN Engine™ Systems) pour l'amplification en adoptant le programme suivant consigné dans le tableau 1. Les marqueurs microsatellites utilisés pour l'amplification, leur séquence et leurs températures d'hybridation sont résumés dans le tableau 2.

Tableau 1. Programme d'amplification adopté

Etapes	Température	Temps
Dénaturation initiale	94°C	5 mn
Dénaturation	94°C	1 mn
Hybridation	En fonction des SSRs	45s
Elongation	72°C	1mn
Elongation finale	72°C	10 mn
Conservation	4°C	∞

Le cycle (dénaturation, hybridation, élongation) a été répété 35 fois.

Tableau 2. Les marqueurs microsatellites utilisés pour identification moléculaire

Locus	Primer (5'-3')	Température
Cba11	F: CACCGCGCTCGTCATTCCATAGA R: CTGCGCGGGTTTCAGAATGTTAGG	64
Cba19	F: CAGGGCTAAATTACCCATAATCA R: GGCATGTGTTATAACATGTGAGG	58
Cba20	F: GAAACACGCCATCATGCCTAATA R: CCAAACGGAGCGGACAGG	57
Cga02	F: TACAGCGTCGATAAGCCAGG R: ACCTCTGAGATAAAAACACAGC	57,3
Cga06	F: CAGCTCGTGTTTAATTTGGC R: TTGTACGAGAACCGTGCCAGG	58,3
Cga10	F: GCTGTAGCAAAAATGCAGATG R: TCTCCAGAGATCTAGGCTGTC	57,8
Cm12	F-5'-ATG ACC CTG TAA ATC TCC-3' R-5'-CTA CAT TCT CTC CGT CTCT-3'	53
Cma17	F-5'-CGC CAT TGT TGT GAT AAAG-3' R-5'-GAT GAA GAT AAA AGC GAA GGA-3'	53

2.4 ANALYSE DES DONNÉES

La taille des allèles de chaque amorce microsatellite est déterminée en paire de base en utilisant le logiciel E-Capt version 15.06. La diversité génétique de chaque locus est analysée sur la base des paramètres statistiques suivants: le nombre d'allèles, la fréquence des allèles, le nombre de génotypes, la diversité génétique et le PIC (Polymorphisme Information Content) en utilisant le logiciel Power Marker version 3.25.

L'hétérozygotie observée (Ho) et théorique (He), l'Indice de réduction de l'hétérozygotie (FIT), le coefficient de consanguinité (FIS) et la variance standardisée (FST) ont été calculés en utilisant le logiciel GenAEx version 6.5.

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]).

3 RÉSULTATS

3.1 VARIABILITÉ ALLÉLIQUE

Au total, 54 allèles ont été observés. Le nombre d'allèle a varié de 2 pour Cba11 à 10 pour Cba19 avec une moyenne de 6,75. Les marqueurs Cga06, Cga10, Cba19, Cm12 et Cm17 étaient polymorphes avec un pic > 0,50 et les marqueurs Cga02, Cba20 et Cba11 étaient peu polymorphes avec un pic < 0,50. Le pic moyen était de 0,60 montrant un polymorphisme au sein des marqueurs (tableau 3).

Tableau 3. Diversité génétique, hétérozygotie observée et attendue, PIC obtenus avec les huit marqueurs microsatellites

Marqueur	Nombre d'allèle	Taille des allèles	PIC	Fis	Fit	Fst
Cga02	6	100-110	0,48	0,51	0,86	0,71
Cga06	9	200-124	0,69	0,65	0,7	0,15
Cga10	9	142-105	0,58	0,13	0,22	0,1
Cba11	2	250-222	0,27	0,3	0,57	0,39
Cba19	10	275-200	0,81	0,95	0,97	0,42
Cba20	6	277-100	0,48	0,78	0,88	0,45
Cm12	4	126-112	0,65	1	1	0,65
Cm17	8	234-175	0,81	0,32	0,45	0,19
Total	54	-	4,77	4,64	5,65	3,06

Moyenne 6,75 - 0,60 0,58 0,70 0,38

Les profils de migration des échantillons d'ADN sont représentés sur la figure 2.

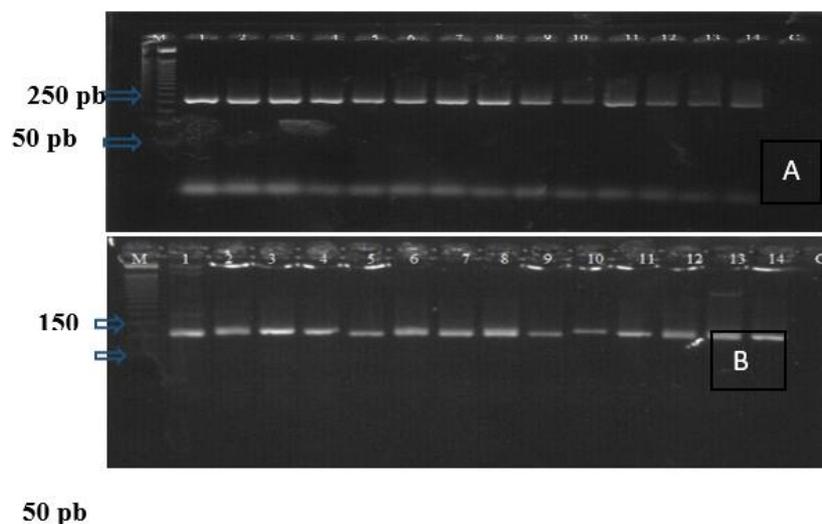


Fig. 2. Profils de migration des échantillons d'ADN de *Clarias anguillaris* amplifiés avec le marqueur Cba19 A et Cba20 B sur gel métaphore 3%. M: marqueur, 1-14: échantillons de *Clarias*; C: contrôle négatif

3.2 INDICE DE FIXATION OU F STATISTIQUES

Les niveaux de variations intra et inter-populations sont indiqués dans le tableau 3. Il s'agit des coefficients de consanguinité au sein de la population (Fis), entre la population (Fst) et la population globale (Fit) pour les 8 loci microsatellites. La consanguinité au sein de la population (Fis) a varié de 0,13 à 1 avec une moyenne de 0,58. La consanguinité entre les populations (Fst) était entre 0,1 et 0,71 avec une moyenne de 0,38. La consanguinité dans la population globale (Fit) a oscillé entre 0,45 et 1 avec une moyenne de 0,70. La valeur de Fst comprise entre 0 et 1 indique un déficit d'hétérozygotie.

3.3 HÉTÉROZYGOTIE

Les estimations d'hétérozygotie observées (Ho) et attendues (He) étaient faibles dans toutes les localités (tableau 4). L'hétérozygotie moyenne observée (Ho) est faible par rapport à hétérozygotie moyenne attendue (He) $0,16 \pm 0,037$ contre $0,34 \pm 0,04$ à l'équilibre de Hardy Weinberg traduisant un départ positif à l'équilibre de Hardy Weinberg. Les spécimens de *C. anguillaris* des différentes rivières prospectées sont modérément homogènes.

Le pourcentage de polymorphisme le plus élevé a été observé chez les échantillons du Lac Magui et le plus faible chez les échantillons de la rivière Sankarani. L'indice de diversité le plus élevé a été observé chez les échantillons de la rivière Bakoye et la plus faible chez les spécimens de la rivière Sankarani.

Tableau 4. Les valeurs moyennes de conformité à l'équilibre de Hardy-Weinberg

Pop	Valeur	Ho	He	F	%P	I
BAF	Moy	$0,16 \pm 0,07$	$0,37 \pm 0,10$	0,49	75,00	$0,68 \pm 0,20$
BAK	Moy	$0,14 \pm 0,07$	$0,42 \pm 0,10$	0,671	75,00	$0,69 \pm 0,17$
LAC	Moy	$0,14 \pm 0,05$	$0,41 \pm 0,04$	0,648	100,00	$0,68 \pm 0,007$
MOP	Moy	$0,19 \pm 0,10$	$0,30 \pm 0,10$	0,477	62,50	$0,50 \pm 0,18$
SAN	Moy	$0,15 \pm 0,12$	$0,22 \pm 0,08$	0,343	50,00	$0,37 \pm 0,14$
Total	Moy	$0,16 \pm 0,037$	$0,34 \pm 0,04$	0,54	72,50%	$0,58 \pm 0,14$

BAF: Bafing, BAK: Bakoye; LAC: Lac Magui; MOP: Mopti; SAN: Sankarani; I: indices de diversité; F: Indice de fixation; %P: pourcentage de polymorphisme; Ho: hétérozygotie observée; He: hétérozygotie attendue.

3.4 RELATION PHYLOGÉNIQUE

Les échantillons de *C. anguillaris* des rivières ont été répartis en trois génotypes, répartition faite en fonction des provenances (figure 3). Le groupe I était constitué des poissons de Mopti en violet pour 34,37% et du Lac Magui en rouge carré pour 67,63%. Le groupe II est composé des poissons de toutes les rivières et plans d'eau sauf le Sankarani: les poissons du Lac Magui étaient représentés par 25,00% alors que le Bafing, la Bakoye et Mopti étaient représentés respectivement par 50,00%, 12,50% et Mopti 12,50%. Le groupe III est constitué des échantillons des rivières Bafing en bleu (24,72%), Bakoye en vert (51,68%) et de la rivière Sankarani en cercle rouge (23,60%). Le groupe I comprenait 24,81% des poissons, le groupe II était constitué de 8,20% et le groupe III composé de 68,99%.

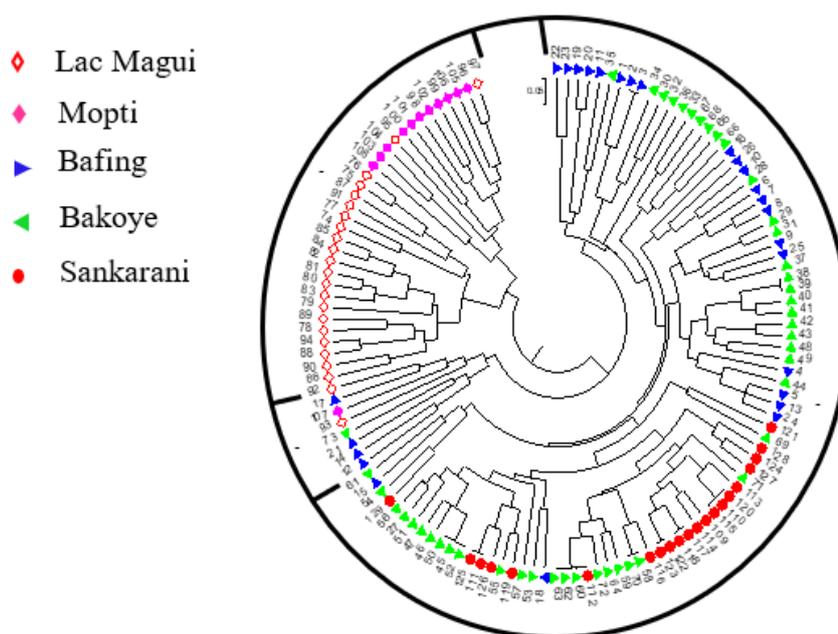


Fig. 3. Dendrogramme de *C. anguillaris* des rivières prospectées

4 DISCUSSION

L'étude a montré qu'il existe une diversité allélique chez *C. anguillaris* dans les cours d'eau au Mali. Le nombre d'allèles de notre étude est supérieur à celui obtenu par [16] chez *C. anguillaris* au Sénégal, soit 54 allèles contre 26 allèles. Mais ces auteurs ont utilisés 7 marqueurs microsatellites contre 8 dans notre étude. Le nombre d'allèles obtenus est égal à celui de *C. gariepinus* signalé par [17] en Inde mais avec 4 marqueurs.

Parmi les 8 loci utilisés, 5 étaient très polymorphes contre 3 peu polymorphes. La valeur du PIC moyen de la présente étude est différente de celle obtenue chez d'autres Clariidae notamment, *C. gariepinus* des cours d'eau d'Asejire et Lokoja au Nigéria soit 0,60 contre 0,78 signalé par [18] et 0,42 sur *Clarias anguillaris* de la rivière Bakoye au Mali par [11].

Le degré de différenciation génétique est faible au sein de la population de *C. anguillaris* des rivières Bafing, Bakoye, Sankarani, le cours principal du Niger à Mopti et le Lac Magui. Il en est de même entre les populations. Par contre, il est modéré pour la population globale de *C. anguillaris* collectée. Cela pourrait indiquer que les populations partagent toujours une certaine connectivité des cours d'eau.

L'étude a montré un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg chez les *C. anguillaris* des rivières Bafing, Bakoye, Sankarani, le cours principal du Niger à Mopti et le Lac Magui qui sont l'effet Wahlund. Le déficit d'hétérozygotes entre les échantillons de cours d'eau pourrait s'expliquer par peu d'échange de gamètes entre ces poissons. Dans une population naturelle donnée, les individus ne peuvent pas toujours s'unir aléatoirement sur l'ensemble de leur aire de répartition, du fait de contraintes géographiques ou environnementales ([19]). Ils ont tendance à s'unir avec des individus géographiquement proches qu'avec des individus éloignés. La réduction de la taille d'une population est considérée comme l'un des rares facteurs pouvant être responsables d'un écart par rapport à l'équilibre de Hardy Weinberg ([20]). La valeur d'hétérozygotie trouvée dans la présente étude était inférieure à celle observée sur chez *C. anguillaris* à Sangkuriang (0,43) et à Paiton (0,602) en Indonésie ([21]) et dans la rivière Bakoye (0,34) sur *Clarias anguillaris* au Mali par Diop et al ([11]).

Le coefficient de consanguinité moyen (F_{st}) observé dans notre étude est supérieur à celui rapporté sur *C. anguillaris* par Rognon et al., (1998) soit 0,38 contre 0,15. Par contre, il est inférieur aux valeurs rapportées chez *C. batrachus* (0,545) et *C. nieuhoftii* (0,484) en Thaïlande par ([23]), chez *C. gariepinus* (0,44) par ([22]) Le taux de Consanguinité de *C. anguillaris* est supérieur à celui trouvé chez *C. gariepinus* (0,04) au Nigeria ([18]).

L'arbre phylogénétique a permis de regrouper les poissons en 3 groupes mais avec des différences et des similarités génétiques entre les bassins fluviaux et au sein du même bassin d'un cours d'eau à l'autre. Les échantillons d'un même groupe sont génétiquement proches. Les échantillons se trouvant dans des groupes différents pourraient expliquer des échanges génétiques entre les populations et les connexions des cours d'eau dans un passé lointain. Des introductions de poissons pourraient aussi expliquer cette similitude. Ce résultat montre une diversité génétique chez *C. anguillaris* des différentes rivières et cours d'eau prospectés.

5 CONCLUSION

L'étude a permis de mettre en exergue une diversité génétique au sein des populations de *C. anguillaris* au Mali. La différenciation entre les populations est modérée avec un rapprochement de consanguinité chez les spécimens collectés dans les secteurs maliens des fleuves Niger et Sénégal. Ces populations semblent être apparentées. Les résultats obtenus pourront être utilisés comme données de références sur l'espèce dans le cadre de la prise de décision des mesures de biosécurité lors d'introduction de souches étrangères mais aussi lors des empoisonnements communautaires. Le maintien de la variation génétique existante au sein de l'espèce *C. anguillaris* constitue une étape importante dans le cadre de sa conservation

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient le Secrétariat du Fonds Compétitif pour la Recherche et l'innovation Technologique et le Centre National de Recherche Scientifique et Technologique (CNRST) pour le financement des travaux de recherche. Ils adressent aussi leurs remerciements aux communautés de pêche pour leur collaboration pour la collecte des données.

REFERENCES

- [1] G. G. Teugels, «A systematic revision of the African species of the genus *Clarias* (Pisces: *Clariidae*) » *Mus Research Africa centre, Belgium*, 63–72, 1986a.
- [2] G. G. Teugels, «A systematic revision of the African species of the genus *Clarias* (Pisces: *Clariidae*) ». *Annales du Musée Royal de l'Afrique Centrale*. 247, 1–199, 1986 b.
- [3] D. Paugy, C. Lévêque et G.G. Teugels, «Poissons d'eaux douces et saumâtres de l'Afrique de l'Ouest». *Editions MARC/MNHN/IRD, Paris*, 2003.
- [4] Y. Sanogo, F. Samaké, A. Koné et D. Traoré, «Diversité du peuplement ichtyologique de la rivière Bagoé (Bassin du Niger, Mali)», *Agronomie Africaine*, 27 (1), pp: 47-56, 2015.
- [5] R. Diop, A. Konaté, Y. Sanogo, D. Traoré. et 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, pp: 83-93. 2019.
- [6] Y. Sanogo, A. Konaté, R. Diop, K. Traoré, N. Dembélé, A. Sy, F. Samaké, et D. Traoré, «Composition et indices de diversité des communautés ichtyologiques des rivières Baoulé, Bakoye, Bafing et du lac Magui dans le bassin du fleuve Sénégal au Mali». Symposium malien sur les sciences appliquées (MSAS), 13ème conférence, Ségou, Mali, 31 juillet au 5 août 2022.
- [7] R., Diop Y. Sanogo, A, Konaté, N. Dembélé, F. Samaké, Da Costa S.K., Dembélé S. «Résultats préliminaires de la caractérisation des espèces de *Clarias* du lac de Magui au Mali à partir de la plaque vomérienne». 6^{ème} Colloque scientifique International de l'Université de Parakou, Bénin, du 13 au 16 septembre 2022.
- [8] J. Quensièrre, «La pêche dans le Delta central du Niger. Approche pluridisciplinaire d'un écosystème de production halieutique» *Edition Orstom/Karthala, Paris*, 1994.
- [9] Y. Sanogo, D. Traoré, F. Samaké, et A. Koné, «Les communautés ichtyologiques de la rivière Baoulé dans le bassin du fleuve Niger au Mali ». *Tropicultural*, n°30, 2, pp: 65-71. 2012.
- [10] J. Kantoussan, «Impacts de la pression de la 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*, p. 195, 2007.
- [11] R. Diop, A. Konaté, R. Fané, N. Dembélé, S. Dao, D. Konaté, O. Ouattara, Y. Sanogo F. Samaké. et 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] T. Bonnin, et J. Lombard, «Situer l'analyse phylogénétique entre les sciences historiques et expérimentales». *Philosophia scientiae*, pp: 131-148. 2019.
- [13] I.V. Bartish, L. P. Gorkava, K. Rumpunen, H. Nybom, «Phylogenetic relationship and differentiation among and within populations of *Chaenomeles* Lindl. (Rosaceae) estimated with RAPD's and isozymes». *Theoretical Applied Genetics*, 101, 554–563. 2000.
- [14] R.K Garg, P. Sairkar, N. Silawat and N.N. Mehrotra, «Genetic polymorphism of two populations of catfish *Aorichthys Seenghala* (Sykes) using RAPD fingerprinting. *Int. J. Int. Zool.*, 3, 130-134, 2009a.
- [15] S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura, «MEGA7 Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets», *Mol Biol, Evol.* Jul, 33 (7): 1870-4, 2016.
- [16] J.F. Agnèsè, G.G. Teugel, «Morphometric and genetic characterization of sympatric population of *Clarias gariepinus* and *Clarias anguillaris* from Senegal, *Journal of fish biology*, pp: 1143-1157, 1996.
- [17] P. Ezilrani, C. Godwin, «Genetic variation and differentiation in African catfish, *Clarias gariepinus*, assessed by heterologous microsatellite DNA», *Indian journal of Biotechnology*, pp: 388-393, 2015.
- [18] O.T. Agbebi, D.E. Ilaboya, O.O. Adebamb, « Preliminary characterization of genetic strains in *Clariidae* species, *Clarias gariepinus* and *Heterobranchus bidorsalis* using microsatellite markers.», *African Journal of Biotechnology* Vol. 12 (4), pp. 364-369, 2013.
- [19] A. Tempestini, « Connectivité chez les amphipodes marins arctiques à différentes échelles spatiales et temporelles », Thèse de doctorat en Biologie - Université du Québec à Rimouski, 270 pages 2016.
- [20] S. Nasren, M. N. Islam, M. G. Q. Khan, M. S. Islam, M. S. Alam, « Genetic variation and differentiation in the Stinging catfish, *Heteropneustes fossilis* (Bloch), populations assessed by heterologous microsatellite DNA markers». *Indian J. Biotechnol*, 8, 85–90, 2009.
- [21] Imron, D. Sunandar, E. Tahapari, «Microsatellite genetic variation in cultured populations of African catfish (*Clarias gariepinus*) in Indonesia», *Indonesian Aquaculture Journal*. 6 (1), 1-10, 2011.
- [22] X. Rognon, G.G. Teugels, R, P.G. uyomard Galbusera, M Andriamanga, F.V. olckaert, J.F. Agnese, « Morphometric and allozyme variation in the African catfishes *Clarias gariepinus* and *Clarias anguillaris*» *Journal of Fish Biology*. 53: 192-207, 1998.
- [23] U. Na-nacron, W. Kamonart, T. Ngmsiri «Genetic diversity of walking catfish, *Clarias*.
- [24] *microcephalus* in Thailand and evidence of genetic introgression from introduced f armed *Clarias gariepinus*«, *Aquaculture*, 240: 145-163 2004.