

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR



ECOLE DOCTORALE SCIENCES DE LA SANTE, DE L'ENVIRONNEMENT ET DE LA VIE



FACULTE DES SCIENCES ET TECHNIQUES
DEPARTEMENT DE BIOLOGIE ANIMALE

Année : 2019

N° d'ordre : 201920

THESE DE DOCTORAT UNIQUE EN GENETIQUE DES POPULATIONS

Présentée par :

Adiouma Georges Robert Jacques SARR

**Caractérisation morphométrique et génétique des populations de
Sitophilus zeamais Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae)
infestant des types de maïs cultivées en Afrique de l'Ouest et en
Afrique Centrale.**

Président :	M. Malick DIOUF	Professeur Titulaire	FST/UCAD
Rapporteurs :	M. Ali DOUMMA	Professeur Titulaire	UAM/Niger
	M. Malick FALL	Professeur assimilé	FST/UCAD
	M. Jean Yves ROUBEAU	Directeur de Recherche	Univ.MONTP
Examineurs :	M. Toffène DIOME	Maître de conférences assimilé	FST/UCAD
	M. Aboubacry KANE	Professeur assimilé	FST/UCAD
Directeur de thèse :	M. Mbacké SEMBENE	Professeur Titulaire	FST/UCAD

DEDICACE

Je dédie ce travail à toutes les personnes, qui de près ou de loin, ont participé à ma réussite dans les études :

A ma défunte grande mère **Adam NGONG** dit « Ya Adam ». Quand je pense à vous, j'ai les larmes aux yeux. Vous avez toujours été là pour nous jusqu'à votre dernier souffle. J'ai perdu une confidente, une protectrice, une personne digne de confiance. Vous nous avez toujours guidé, enseigné l'estime de soi, l'amour du travail bien fait, l'honnêteté, la persévérance, la dignité, l'amour de son prochain. Bien que vous n'avez jamais fait les bans, vous m'avez toujours encouragé à aller jusqu'au bout de mes rêves. Que serai-je devenu dans cette vie, si vous n'étiez pas là. Votre seul souhait était de me voir réussir dans la vie. J'aurai aimé que cet œuvre vous trouve parmi nous pour vous rendre fière car vous avez toujours cru en moi. Amadou Hampâté Bâ disait « en Afrique quand un vieillard meurt c'est une bibliothèque qui brule ». Vous n'êtes pas parti avec vos connaissances, vous l'avez partagé avec tout le monde, ta bonté est inégalable. L'amour que je porte en vous ne vient que de ta bonté. Votre place à la maison est restée toujours vide. Que la terre de **Palmarin** vous soit légère !

A mon **père**, pour sa rigueur, sa persévérance dans le travail. Vous m'avez toujours poussé à franchir mes limites. La rigueur de ton éducation nous sert aujourd'hui. A travers toi j'ai beaucoup appris dans la vie. Vous m'avez toujours conseillé de poursuivre mes études jusqu'au bout. Ce travail est le fruit de vos conseils et encouragements.

A ma **chère mère**, une dame de fer qui s'est toujours battue pour l'éducation de ses enfants. Vous nous avez inculqué la dignité, la franchise, le respect d'autrui, l'assiduité au travail et le courage. Vos leçons de morale sont mon code de conduite dans la vie. Vous avez su nous préparer aux rudes réalités de la vie, sans vous je ne réaliserai pas de longue étude. Que le miséricordieux vous maintienne encore longtemps parmi nous, pour que vous puissiez récolter les fruits de vos dures labours.

A mon Eminent **Professeur Mbacké SEMBENE** : un homme d'une grandeur inébranlable, un savant, un grand scientifique. Vous avez suscité de l'espoir en moi, en me faisant confiance. Vous êtes un modèle, une référence et un guide dans le chemin du savoir. Vous avez toujours trouvé une réponse à nos questions et une solution à nos inquiétudes. Si ce travail est arrivé à terme c'est grâce à votre générosité et bonté. Professeur les bonnes actions ne se perd jamais. Ma reconnaissance en vers vous est immesurable pour cette opportunité que vous avez offerte. Que le miséricordieux vous paye votre bonté et vous garde en bonne santé parmi nous.

A ma **très chère et merveilleuse épouse**, pour ta patience, ta compréhension et surtout ton soutien. Tu as toujours été là pour moi. Tu as su comblé un vide dans ma vie. Non seulement, tu te suffis du peu que j'ai mais tu lui redonne de la valeur. Tu es le socle de ma persévérance, avec toi je peux soulever des montagnes. Je te remercie au fond du cœur pour cet amour sincère, le meilleur reste à venir. Qu'Allah nous préserve du mal. Merci mon âme sœur, mon complément !

REMERCIEMENTS

Tout d'abord, je rends grâce à **Allah**, le tout puissant, le tout miséricordieux et le très miséricordieux qui m'a donné en plus de la force physique, morale et intellectuelle, cette chance de la vie de trouver ma voie.

Mes remerciements à l'école Doctorale Sciences de la Vie, de la Santé et de l'Environnement (ED-EV) d'avoir accepté d'institutionnaliser mon projet de thèse et d'avoir approuvé ma personne de pouvoir bien mener ce projet au sein de sa formation Génétique des populations.

Mes remerciements les plus profonds, les plus sincères, les plus cordiaux vont à l'endroit de mon **professeur encadreur Mbacké SEMBENE** pour m'avoir accueilli au sein de son équipe «GENGESPOP». Votre disponibilité, votre simplicité, votre rigueur, votre efficacité, votre dynamisme, votre compétence et votre courtoisie font de vous un moralisateur hautement important, un homme d'action, de réflexion et une figure emblématique de l'éthique. Je ne pourrais oublier votre confiance, votre ouverture d'esprit et la grande liberté que vous m'avez laissée dans la réalisation de cette thèse tout en gardant un œil critique et scientifique. Merci de m'avoir encadré et guidé sur le chemin de la réussite. Que le bon Dieu vous préserve et vous garde très longtemps parmi nous !

J'exprime toute ma gratitude aux éminents membres de ce jury :

Au Pr Malick DIOUF, pour avoir accepté de présider ce jury. Pour sa disponibilité, son engagement et son avis d'expert, j'exprime ma sincère reconnaissance et mon respect.

Au Pr Ali DOUMMA, pour l'honneur qu'il nous fait en siégeant dans le jury de cette thèse. Je le remercie d'avoir accepté de juger ce travail.

Au Pr Malick FALL, d'avoir participé activement à ma formation. Je lui exprime ma sincère gratitude pour l'attention qu'il nous porte en participant à ce jury et l'honneur qu'il nous fait de juger ce travail.

Au Dr Jean ROUBEAU, pour l'honneur qu'il nous fait en siégeant dans le jury de cette thèse, je lui adresse vivement l'expression de ma sincère reconnaissance et mon estime envers sa compétence.

Au Dr Toffène DIOME qui a participé à mes premiers pas dans la recherche scientifique. Je salue votre disponibilité, votre modestie, votre rigueur et votre gentillesse. Je lui adresse mes sincères remerciements pour le bel exemple qu'il nous a offert, de par ses compétences professionnelles et ses qualités humaines. Merci d'avoir accepté de faire partie de ce jury.

Au Pr Aboubacry KANE d'avoir participé activement à ma formation. Je lui exprime ma sincère gratitude pour l'attention qu'il nous porte en participant à ce jury et l'honneur qu'il nous fait de juger ce travail.

A travers le **Pr Mbacké SEMBENE**, je remercie tout le personnel de **BIOPASS** (Biologie des Populations Sahélo-Soudaniennes) de l'IRD/ISRA/Bel-Air où j'ai fait les analyses génétiques et le **Département de Biologie Animale** qui m'a accordé l'entière disponibilité de son laboratoire d'entomologie et d'acarologie pour la réalisation de la morphométrie.

Je tiens à remercier tout particulièrement et à témoigner toute ma reconnaissance à ma « famille scientifique », l'équipe GENGESPOP. Je ne saurais oublier le soutien amical et l'apport scientifique de cette équipe, à mon travail, aux docteurs : Cheikh THIAW, Toffène DIOME,

Fatimata MBAYE SY, Ndéye Penda NDIAYE, Assane Ndong, Ndéye Ndiabé Mbaye, Amy Collé GUEYE, Mama Racky Ndiaye, Asta E. Bambou, Ange C. Kafom, Matar CISS, Cheikh Abdou K. M. DIA et aux doctorants, Bineta KENEME, Déthié Ngom, Bakary NDIAYE et Babacar S. SAMBE, *etc...*

Je remercie vivement le **Docteur Cheikh THIAW** pour son soutien sans faille. La majeure partie des échantillons de cette étude a été disponible grâce à son aide.

Toute ma gratitude au Dr Cheikh Abdou Khadre Mbacké DIA (mon ami et frère), avec qui j'ai partagé les durs moments de cette thèse. Une mention spéciale au Dr Mama Racky Ndiaye (une sœur) avec qui j'ai travaillé depuis mon mémoire de Master II jusqu'à la thèse. Son apport scientifique m'a été d'une grande importance. J'admire son esprit de partage et d'ouverture.

Ces années de recherches m'ont permis de me familiariser avec des personnes formidables. Il s'agit de mes collègues nutritionnistes, Dr Abdou Badiane, M. Doudou Sylla, M. Ahmeth Diagne, Ousmane.

Je remercie le Proviseur M. Tandjigora et le Senseur M. Lô du Lycée de Dembanané qui à chaque fois m'encourageaient et aménageaient un emploi du temps pour que je puisse me concentrer sur mes recherches.

Le chemin a été long et tumultueux, avec des hauts et des bas, mais en aucun cas je ne me suis pas senti seul dans mon parcours. Je dois tout mon parcours à ma famille. Je remercie de tout mon cœur ma mère Marie Stella SARR et mon père Gabriel pour leurs contributions inestimables à mes études même si un simple merci ne suffit pas, je tiens à vous magnifier mon affection. Je remercie solennellement mes oncles Benoit SARR et Adolphe SARR pour leurs soutiens moraux et financiers. Vous m'avez épaulé et orienté depuis mes premiers pas dans la vie. Je prie le bon dieu qu'ils vous laissent encore longtemps parmi nous, pour que nous puissions vous payer votre « monnaie ». Je remercie mes tantes Célestine SARR, Fatou SARR, Cilindiaye SARR pour leurs soutiens moraux et leurs conseils. Je remercie mes frères Antoine Papa SARR et Edmond SARR qui parfois faisaient mes courses pour que je puisse me concentrer sur mes études.

Je remercie ma belle famille pour la confiance, l'estime et l'amour qu'elle a en vers moi. J'avais peur de ne pas pouvoir y arrivé. Mais la belle famille a su me soutenir et m'encourager dans mon projet de thèse. Je remercie ma belle sœur Fatou Séné pour son soutien et ses encouragements.

Je ne saurai terminer sans pour autant remercier ma famille napséen (Nouvelle Association pour la Préformation spécialisé des élèves) qui a forgé une certaine personnalité en moi. Au Centre Africain de Complémentarité Scolaire Université et de Promotion (CACSUP), à tous mes amis de **Mbour Médine**, de **Palmarin** (la terre de mes ancêtres) pour ce long accompagnement, à tous ces gens que j'ai connu et avec qui j'ai partagé les meilleurs et les plus difficiles moments de ma vie, ma profonde gratitude à tous ceux qui m'ont un jour ou l'autre remonté le moral, Même si je ne vous cite pas sur cette page, mon cœur ne vous oublie pas !!!

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR
FACULTE DES SCIENCES ET TECHNIQUES
ECOLE DOCTORALE DES SCIENCES DE LA VIE ET DE L'ENVIRONNEMENT

THESE DE DOCTORAT

Spécialité : Génétique des populations

Présentée par : Adiouma Georges Robert Jacques SARR

Titre de la thèse : **Caractérisation morphométrique et génétique des populations de *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) infestant des types de maïs cultivées en Afrique de l'Ouest et en Afrique Centrale.**

Date et lieu de soutenance : 01 août 2019 à la Faculté des Sciences et Techniques de l'UCAD

Jury :

Président :	Malick DIOUF	Professeur Titulaire	FST/UCAD
Rapporteurs :	M. Ali DOUMMA	Professeur Titulaire	UAM/Niger
	M. Malick FALL	Professeur assimilé	FST/UCAD
	M. Jean Yves Roubeau	Directeur de Recherche	Univ.MONTP
Examineurs :	M. Toffène DIOME	Maitre de conférences assimilé	FST/UCAD
	M. Aboubacry KANE	Professeur assimilé	FST/UCAD
Directeur de Thèse :	M. Mbacké SEMBENE	Professeur Titulaire	FST/UCAD

Résumé : En Afrique sub-saharienne, les pertes céréalières résultent des dégâts des insectes, de la détérioration microbienne et d'autres facteurs. Ces dernières sont estimées à 10-20% de la production, soit environ 4 milliards de dollars. Ce qui correspond aux besoins minimum annuels d'au moins 48 millions de personnes. Le maïs, à l'instar des autres céréales subit d'énormes pertes au champ et pendant le stockage par l'attaque de plusieurs insectes. Parmi ces ravageurs, les insectes comme *Sitophilus zeamais* peuvent entraîner des pertes sur le maïs de l'ordre de 30 à 56% en trois et huit mois de stockage. Face à ces dégâts une bonne connaissance de cet insecte est primordiale afin d'adopter une lutte adéquate pour une gestion de ces populations. Ainsi cette thèse a pour objectif général de contribuer à la connaissance des populations infestantes de *S. zeamais* afin d'améliorer les conditions de stockages du maïs. Il s'agira entre autre d'identifier les groupes morphométriques de *S. zeamais* dans les zones d'études ; de déterminer la diversité et la structuration génétiquement des populations de *S. zeamais*. Les résultats ont montré l'existence de groupes morphométriques qui ne seraient pas liés aux conditions agro-écologiques, climatiques et à la distance géographique entre pays, mais plutôt à la composition organoleptique des types de maïs. L'étude de la caractérisation génétique a révélé une différenciation génétique entre les individus du maïs jaune et ceux du maïs blanc et rouge et également entre certaines populations des pays au niveau du *Cyt-b*. Toutefois la structuration génétique serait plus en faveur des pays que des types de maïs d'après les résultats de l'AMOVA. En plus il existerait un important flux génétique entre certains pays qui serait du notamment aux échanges commerciaux.

Mot-clés : *Caractérisation ; morphométrique ; génétique ; types de maïs ; pays ; Sitophilus zeamais ; COI ; Cyt-b.*

UNIVERSITY CHEIKH ANTA DIOP OF DAKAR
FACULTY OF SCIENCES AND TECHNIQUES
DOCTORAL SCHOOL OF LIFE SCIENCES, HEALTH AND ENVIRONNEMENT

PhD

Speciality : Population Genetics

Presented by: Adiouma Georges Robert Jacques SARR

Thesis title : **Morphometric and genetic characterization of *Sitophilus zeamais*
Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) populations infesting maize type grown in
West and Central Africa.**

Jury :

President :	Malick DIOUF	Professor	FST/UCAD
Protracteurs :	M. Ali DOUMMA	Professor	UAM/Niger
	M. Malick FALL	Adjunct Professor	FST/UCAD
	M. Jean Yves Roubeau	Research Director	Univ.MONTP
Examiners :	M. Toffène DIOME	Associate Lecturer	FST/UCAD
	M. Aboubacry KANE	Adjunct Professor	FST/UCAD
Supervisor :	M. Mbacké SEMBENE	Professor	FST/UCAD

Abstract : In Saharan Africa, 10-20% of the estimated damages to cereals as a result of insect infestation, microbial activities and other environmental factors amount to about \$4 billion which corresponds to the minimum annual requirements of not less than 48 million people. *Sitophilus zeamais*, an insect pest of maize causes 30 - 56% damage to the crop within three to eight months of storage. Consequently, a good knowledge of the morphometric and genetic characterization of *S. zeamais* is needed to facilitate and propose adequate measures for the management of this insect. Therefore, the aim of this study is to identify different morphometric groups of *S. zeamais* that affect the diverse types of maize in eight countries of West and Central Africa as well as evaluate the genetic characterization of *S. zeamais* using two mitochondrial markers (*COI* and *Cyt-b*). The results obtained show the existence of different morphometric groups which do not depend on agro-ecological and climatic conditions nor geographical distances, but on the organoleptic composition of types of maize. The genetic characterization reveals differentiation between yellow, white and red maize and in *Cyt-b* between some populations of *S. zeamais* in the countries. However, these differences depended more on the country of origin of the insect than on the different types of maize studied. In addition, there would be an important genetic flow between certain countries of the trade exchanges.

Keywords: *Characterization; morphometry; genetic; variety of maize; country; Sitophilus zeamais; COI; Cyt-b.*

SIGLES ET ACRONYMES

ACP : Analyse en Composante Principale

ADN : Acide Désoxyribonucléique

AFC : Analyse Factorielle de Correspondance

AFD : Analyse Factorielle Discriminante

AGPM : Association Générale des Producteurs de Maïs

AIC: *Akaike Information Criterion*

AICc: *Akaike Information Criterion Corrected*

AMOVA: Analysis of Molecular Variance

APG: Angiosperm Phylogeny Group

ATP : Acide Triphosphate

CAH : Classification Ascendante Hiérarchique

CEDEAO : Communauté Economique Des Etats de l'Afrique de l'Ouest

CEIM : Centre d'échange d'Information du Mali

CI : Côte d'Ivoire

CILSS : Comité Permanent Inter-état de Lutte contre Sécheresse dans le Sahel

CNRA : Centre National de Recherche Agronomique

CNSM : Centre National de Spécialisation sur le Maïs

COI: *Cytochrome oxydase I*

CORAF : Conseil Ouest et Centre Africain pour la Recherche et le Développement Agricoles

CPDN : Contribution Prévues Déterminées au niveau National

Cyt-b: *Cytochrome b*

ESASU : Enquête de Sécurité Alimentaire en Situation d'Urgence en milieu rural

FAO: Food Agriculture Organisation

FEWS : Famine Early Warning Systems

FNUP : Fonds des Nations Unies pour la Population

INSC : Institut National de la Statistique du Cameroun

IRAD : Institut de Recherche Agricole pour le Développement

MA : Ministère de l'agriculture

MAAF : Ministère de l'Agriculture de l'Agroalimentaire et de la Forêt

MAEN : Ministère de l'agriculture et de l'élevage du Niger

MAER : Ministère de l'Agriculture et de l'Équipement Rural

MEFCP : Ministère des Eaux, Forêt, Chasse et Pêche

MSP : Ministère de la Santé Publique

NET : Network

OMS : Organisation Mondiale de la Santé

PAM : Programme Alimentaire Mondiale

PANA : Programme d'Action Nationale pour l'Adaptation

PIB : Produit Intérieur Brut

RECA : Réseau National des Chambres d'Agriculture

SMI: Strict maternal inheritance

UFR-STRM : Unité de Formation et Recherche en Sciences de la Terre et des Ressources
Minières

USAID: United States Agency for International Development

USDA: United States Department of Agriculture

WRI: World Resources Institute

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Zones agro-écologiques du Sénégal : (source ESASU Aout 2008).	- 7 -
Figure 2 : Carte des Zones éco climatiques du Mali (source : PANA, 2007).....	- 9 -
Figure 3 : carte des zones agro-écologiques de la Conakry (source : MA, février 2015). ..	- 10 -
Figure 4 : Principales zones agro-écologiques de la Côte d’Ivoire (Source MA, 2009).....	- 11 -
Figure 5 : Zones agro-écologiques du Niger (source : RECA, 2004).	- 13 -
Figure 6 : présentation du Ghana (source : geoatlas.fr).....	- 14 -
Figure 7 : Zones agro-écologiques du Cameroun (source : IRAD, octobre 2005).	- 15 -
Figure 8 : zones agro-écologiques de la Centrafrique (source : Annuaire du Ministère du développement rural (MDR)).....	- 16 -
Figure 9 : champ de maïs (source CNRA, 2006).	- 17 -
Figure 10 : deux variétés de maïs cultivés au Sénégal (Noor 96 (A) et Doo Mer (B)) et deux variétés en Côte d’Ivoire (F 8128 (C) et Violet de Katiola (D)).	- 18 -
Figure 11 : Femelle et mâle de <i>Sitophilus zeamais</i>	- 22 -
Figure 12 : cycle de développement de <i>S. zeamais</i>	- 23 -
Figure 13 : Trous causés par l’émergence des adultes sur les grains et détérioration des grains au cours du cycle de développement de <i>Sitophilus spp.</i>	- 24 -
Figure 14 : illustration des variables mesurées.	- 29 -
Figure 15 : Choix du nombre de facteurs.	- 32 -
Figure 16 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données brutes des populations issues du maïs jaune...	- 33 -
Figure 17 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données brutes des populations issues du maïs blanc...	- 34 -
Figure 18 : Représentation dsans le plan principal de l'AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais issues du maïs jaune</i>	- 35 -
Figure 19 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> définies issues du maïs blanc.	- 36 -
Figure 20 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Sénégal.....	- 37 -
Figure 21 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Mali.	- 37 -
Figure 22 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> de la Côte d’Ivoire.....	- 38 -
Figure 23 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Cameroun.....	- 39 -
Figure 24 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Sénégal.....	- 39 -
Figure 25 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Mali.	- 40 -
Figure 26 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> de la Côte d’Ivoire.....	- 40 -

Figure 27 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> du Cameroun.....	- 41 -
Figure 28 : choix du nombre de facteurs après transformations des données.	- 41 -
Figure 29 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données transformées des individus issus du maïs jaune.	- 42 -
Figure 30 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les mensurations transformées des individus issues du maïs blanc.....	- 44 -
Figure 31 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> issues sur du maïs jaune après transformation des variables.....	- 45 -
Figure 32 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> issues sur du maïs blanc après transformation des variables.....	- 46 -
Figure 33 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus du Sénégal.	- 50 -
Figure 34 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus du Mali.	- 51 -
Figure 35 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus de la Côte d'Ivoire.	- 52 -
Figure 36 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus de la Côte d'Ivoire.	- 53 -
Figure 37 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> en fonction des types de maïs au Sénégal.....	- 54 -
Figure 38 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> en fonction des types de maïs au Mali.	- 54 -
Figure 39 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> en fonction des types de maïs de la Côte d'Ivoire.	- 55 -
Figure 40 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des populations de <i>Sitophilus zeamais</i> en fonction des types de maïs du Cameroun.	- 55 -
Figure 41 : répartition de la variabilité morphométrique des individus issus du maïs jaune suivant les trois axes.	- 57 -
Figure 42 : répartition de la variabilité morphométrique des individus issus du maïs blanc suivant les 3 premiers axes.	- 58 -
Figure 43 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Sénégal suivant les trois axes.	- 58 -
Figure 44 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Mali suivant les trois axes.	- 59 -
Figure 45 : répartition de la variabilité morphométrique des populations de la Côte d'Ivoire suivant les trois axes.	- 59 -
Figure 46 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Cameroun suivant les trois axes.	- 60 -
Figure 47 : classification ascendante hiérarchique des individus issus du maïs jaune.....	- 63 -

Figure 48 : classification ascendante hiérarchique des individus issus du maïs blanc :	- 64 -
Figure 49 : classification ascendante hiérarchique des individus du Sénégal :	- 66 -
Figure 50 : classification ascendante hiérarchique des individus du Mali :	- 67 -
Figure 51 : classification ascendante hiérarchique des individus de la Côte d'Ivoire :	- 68 -
Figure 52 : classification ascendante hiérarchique des individus du Cameroun :.....	- 69 -
Figure 53 : Carte de répartition des haplotypes des populations de <i>S. zeamais</i> du gène <i>COI</i>	- 95 -
Figure 54 : carte de répartition des haplotypes des populations de <i>S. zeamais</i> du gène <i>Cyt-b</i>	- 96 -
Figure 55 : évaluation visuelle de la linéarité du <i>COI</i> (A) et du <i>Cyt-b</i> (B).	105
Figure 56 : Evaluation de la normalité des résidus du <i>COI</i> (A) et du <i>Cyt-b</i> (B).....	106
Figure 57 : Evaluation de l'homogénéité des résidus du <i>COI</i> (A) et du <i>Cyt-b</i> (B).....	106
Figure 58 : test de corrélation entre les distances géographiques et les différenciations génétiques du <i>COI</i> et du <i>Cyt-b</i>	107
Figure 59 : mismatch distributions par paire d'individus du maïs jaune.....	112
Figure 60 : mismatch distributions par paire d'individus du maïs rouge.	112
Figure 61 : mismatch distributions par paire d'individus des maïs blanc.	112
Figure 62 : mismatch distributions par paire d'individus du Cameroun.	113
Figure 63 : mismatch distributions par paire d'individus de la Côte d'Ivoire.	113
Figure 64 : mismatch distributions par paire d'individus du Ghana.	113
Figure 65 : mismatch distributions par paire d'individus du Niger.	114
Figure 66 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal.....	114
Figure 67 : mismatch distributions par paire d'individus de la Guinée.....	114
Figure 68 : mismatch distributions par paire d'individus du Cameroun_blanc.....	115
Figure 69 : mismatch distributions par paire d'individus de la Côte d'Ivoire_rouge.	115
Figure 70 : mismatch distributions par paire d'individus du Ghana_jaune.	116
Figure 71 : mismatch distributions par paire d'individus de la Guinée_jaune.	116
Figure 72 : mismatch distributions par paire d'individus du Niger_blanc.	116
Figure 73 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal_jaune.....	117
Figure 74 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal_blanc.....	117
Figure 75 : réseau d'haplotypes des populations de <i>S. zeamais</i> du gène <i>COI</i>	118
Figure 76 : réseau d'haplotypes des populations de <i>S. zeamais</i> du <i>Cyt- b</i>	119
Figure 77 : méthode du Neighbor-joining du <i>COI</i>	119
Figure 78 : méthode du maximum de parcimonie du <i>COI</i>	120
Figure 79 : méthode du maximum de vraisemblance du <i>COI</i>	120
Figure 80 : méthode de l'inférence bayésienne du <i>COI</i>	121
Figure 81 : méthode du Neighbor-joining du <i>Cyt-b</i>	121
Figure 82 : méthode du maximum de parcimonie du <i>Cyt-b</i>	122
Figure 83 : méthode du maximum de vraisemblance du <i>Cyt-b</i>	122
Figure 84 : méthode de l'inférence bayésienne du <i>Cyt-b</i>	123

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I: tableau des pays échantillonnés.....	- 27 -
Tableau II: tableau récapitulatif de l'échantillonnage.	- 28 -
Tableau III: variables mesurées.....	- 29 -
Tableau IV : test de significativité des moyennes des log-variables transformées des populations issues sur du maïs jaune après transformation.	- 47 -
Tableau V : test de significativité des moyennes des log-variables transformées des populations issues sur du maïs blanc après transformation.....	- 49 -
Tableau VI : test de significativité des moyennes des log-variables transformées.....	- 56 -
Tableau VII : Matrice de confusion de la validation croisée des populations issues du maïs jaune.....	- 61 -
Tableau VIII : Matrice de confusion de la validation croisée des populations issues du maïs blanc.....	- 61 -
Tableau IX : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Sénégal.	- 62 -
Tableau X : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Mali.	- 62 -
Tableau XI : Matrice de confusion de la validation croisée des individus de la Côte d'Ivoire.	- 62 -
Tableau XII : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Cameroun. .	- 62 -
Tableau XIII : composition des groupes morphométriques et répartition des individus issus du maïs jaune dans chaque groupe.....	- 64 -
Tableau XIV : composition des groupes morphométriques et répartition des individus issus du maïs blanc dans chaque groupe.....	- 65 -
Tableau XV : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus du Sénégal.....	- 66 -
Tableau XVI : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus du Mali.	- 67 -
Tableau XVII : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus de la Côte d'Ivoire.....	- 68 -
Tableau XVIII : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe de la population du Cameroun.	- 69 -
Tableau XIX : tableau récapitulatif des populations d'étude.....	- 78 -
Tableau XX : amorces du <i>COI</i> et du <i>Cyt-b</i>	- 81 -
Tableau XXI : site polymorphe de <i>S. zeamais</i> pour le <i>COI</i> et le <i>Cyt-b</i>	- 91 -
Tableau XXII : indices standards de diversité génétique en fonction des types de maïs. ...	- 92 -
Tableau XXIII : indices standards de diversité génétique en fonction des pays.....	- 92 -
Tableau XXIV : indices standards de diversité génétique des populations.	- 94 -
Tableau XXV : fréquences moyenne des nucléotides des populations de <i>S. zeamais</i>	- 97 -
Tableau XXVI : fréquence moyenne des acides aminés des populations de <i>S. zeamais</i>	99
Tableau XXVII : différenciation génétique en fonction des types de maïs.....	100
Tableau XXVIII : différenciation génétique en fonction des pays.	102
Tableau XXIX : différenciation génétique des populations de <i>S. zeamais</i>	104
Tableau XXX : variance moléculaire des populations de <i>S. zeamais</i> en fonction des types de maïs.....	107
Tableau XXXI : variance moléculaire des populations de <i>S. zeamais</i> en fonction des pays..	108

Tableau XXXII : tests démogénétiques et indices démographiques des types de maïs.	109
Tableau XXXIII : tests démogénétiques et indices démographiques des pays.....	110
Tableau XXXIV : tests démogénétiques et indices démographiques des populations.	111

LISTE DES ANNEXES

Annexe 1 : fiche de l'étude morphométrique.

Annexe 2 : composition organoleptique des différents types de maïs.

Annexe 3 : nombre d'haplotypes des populations de *S. zeamais*.

Annexe 4 : Publications scientifiques.

TABLE DES MATIERES

REMERCIEMENTS.....	II
Résumé :.....	IV
Abstract :	V
SIGLES ET ACRONYMES	VI
LISTE DES FIGURES	VIII
LISTE DES TABLEAUX	XI
LISTE DES ANNEXES	XIII
INTRODUCTION GENERALE	- 1 -
CHAPITRE I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE	- 5 -
I.1 Cadre géographique.....	- 5 -
I.1.1 Présentation du Sénégal et Zones agro-écologiques	- 5 -
I.1.2 Présentation du Mali et zones agro-écologiques	- 7 -
I.1.3 Présentation et zones agro-écologique de la Guinée Conakry	- 9 -
I.1.4 Présentation et zones agro-écologique de la Côte d'Ivoire.....	- 10 -
I.1.5 Présentation et zone agro-écologiques du Niger	- 11 -
I.1.6 Présentation et zones agro-écologiques du Ghana.....	- 13 -
I.1.7 Présentation et zones agro-écologiques du Cameroun	- 14 -
I.1.8 Présentation et zones agro-écologiques de la République de Centrafrique	- 15 -
I.2 Maïs (<i>Zea mays</i> L.)	- 16 -
I.2.1 Présentation du maïs	- 16 -
I.2.2 Systématique et variété de <i>Zea mays</i>	- 17 -
I.2.3 Diversité génétique du maïs (<i>Zea mays</i> L.).....	- 19 -
I.2.4 Utilité du maïs	- 20 -
I.3 <i>Sitophilus zeamais</i> (Motschulsky, 1855)	- 21 -
I.3.1 Position systématiques	- 21 -
I.3.2 Description	- 21 -
I.3.3 Cycle de développement	- 22 -
I.3.4 Bio-écologie	- 23 -
I.3.5 Dégâts causés par <i>S. zeamais</i>	- 23 -
I.4 Apport de la biologie moléculaire	- 24 -
I.4.1 Intérêt de la biologie moléculaire	- 24 -
I.4.2 Marqueurs moléculaires	- 25 -

CHAPITRE II : CARACTERISATION MORPHOMETRIQUE DES POPULATIONS DE <i>SITOPHILUS ZEAMAI</i> MOTSCHULSKY (COLEOPTERA : CURCULIONIDAE) INFESTANT DES VARIETES DE MAÏS EN AFRIQUE DE L'OUEST ET EN AFRIQUE CENTRALE.	- 26 -
Introduction :	- 26 -
II.1 Matériel et méthodes	- 27 -
II.1.1 Echantillonnage	- 27 -
II.1.2 Etude morphométrique	- 28 -
II.1.3 Analyses statistiques	- 29 -
II.1.3.1 Mensurations brutes	- 29 -
II.1.3.2 Mensurations transformés	- 30 -
II.1.3.2.1 Analyse factorielle discriminante	- 30 -
II.1.3.2.2 Détermination des variables discriminant les populations	- 31 -
II.1.3.2.3 Analyse factorielle de correspondances (AFC)	- 31 -
II.1.3.2.4 Matrice de confusion pour les résultats de la validation croisée	- 31 -
II.1.3.2.5 Classification ascendante hiérarchique (CAH)	- 31 -
II.2 Résultats et discussion	- 32 -
II.2.1 Résultats	- 32 -
II.2.1.1 Mensurations brutes	- 32 -
II.2.1.1.1 Choix du nombre d'axes à retenir	- 32 -
II.2.1.1.2 Analyse en composante principale	- 32 -
II.2.1.1.3 Discrimination des populations	- 34 -
II.2.1.1.4 Analyse en composante principale dans chaque pays	- 36 -
II.2.1.1.5 Discrimination morphologique des populations selon les variétés de maïs	- 39 -
II.2.1.2 Mensurations transformées	- 41 -
II.2.1.2.1 Choix du nombre d'axes à retenir après transformation des données	- 41 -
II.2.1.2.2 Analyse en composante principale des variables transformées	- 41 -
II.2.1.2.3 Discrimination après transformation	- 44 -
II.2.1.2.4 Variables permettant la discrimination après transformation	- 46 -
II.2.1.2.5 Analyse en composantes principales des variables transformées dans chaque pays	- 49 -
II.2.1.2.6 Discrimination des populations après transformation dans chaque pays	- 53 -
II.2.1.2.7 Variables discriminantes après transformation dans chaque pays	- 55 -
II.2.1.2.8 Analyse factorielle des correspondances (AFC)	- 56 -

II.2.1.2.9 Matrice de confusion de la validation croisée des populations.....	- 60 -
II.2.1.2.10 Classification ascendante hiérarchique des individus	- 63 -
II.2.2 Discussion	- 70 -
II.2.2.1 Analyse factorielle discriminante (AFD)	- 70 -
II.2.2.2 Analyse factorielle des correspondances (AFC)	- 71 -
II.2.2.3 Matrice de confusion pour les résultats de la validation croisée.....	- 72 -
II.2.2.4 Classification ascendante hiérarchique (CAH)	- 72 -
Conclusion partielle	- 75 -
CHAPITRE III : CARACTERISATION GENETIQUE DES POPULATIONS DE <i>SITOPHILUS ZEAMAI</i>	
MOTSCHULSKY (COLEOPTERA : CURCULIONIDAE) INFESTANT DES VARIETES DE MAÏS EN	
AFRIQUE DE L'OUEST ET DU CENTRE.....	
	- 77 -
Introduction	- 77 -
III. 1 Matériel et méthodes	- 78 -
III.1.1 Echantillonnage	- 78 -
III.1.1.1 Site d'étude	- 78 -
III.1.1.2 Population d'étude	- 78 -
III.1.2 Etude génétique	- 79 -
III.1.2.1 Choix des gènes amplifiés.....	- 79 -
III.1.2.2 Extraction d'ADN	- 80 -
III.1.2.3 Migration électrophorétique	- 80 -
III.1.2.4 PCR du <i>Cytochrome oxydase I</i> et <i>Cytochrome b</i>	- 81 -
III.1.2.5 Séquençage du <i>Cytochrome oxydase I</i> et du <i>Cytochrome b</i>	- 82 -
III.1.3 Analyses statistiques et génétiques	- 82 -
III.1.3.1 Alignement et correction des séquences	- 82 -
III.1.3.2 Diversité génétique des populations.....	- 82 -
III.1.3.2.1 Polymorphisme génétique	- 82 -
III.1.3.2.2 Indices de diversité génétique	- 83 -
III.1.3.2.3 Répartition des haplotypes.....	- 83 -
III.1.3.2.4 Fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés	- 84 -
III.1.3.3 Structure génétique	- 84 -
III.1.3.3.1 Différenciation génétique	- 84 -
III.1.3.3.2 Isolement génétique	- 85 -
III.1.3.3.3 Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)	- 85 -
III.1.3.4 Evolution démographique.....	- 86 -

III.1.3.4.1 Tests démogénétiques	- 86 -
III.1.3.4.2 Mismatch distribution	- 87 -
III.1.3.4.3 Indices démographiques.....	- 87 -
III.1.3.5 Réseau et relations phylogénétiques des haplotypes	- 88 -
III.1.3.5.1 Réseau d'haplotypes	- 88 -
III.1.3.5.2 Relations phylogénétiques des haplotypes	- 88 -
III.2 Résultats	- 91 -
III.2.1 Diversité génétique.....	- 91 -
II.2.1.1 Polymorphisme génétique.....	- 91 -
III.2.1.2 Indices de diversité génétique	- 91 -
III.2.1.3 Répartition des haplotypes.....	- 94 -
III.2.1.4 Fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés	- 96 -
III.2.2 Structure génétique.....	100
III.2.2.1 Différenciation génétique	100
III.2.2.2 Isolement génétique.....	105
III.2.2.3 Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)	107
III.2.3 Evolution démographique	108
III.2.3.1 Tests démogénétiques et indices démographiques	108
III.2.3.2 Mismatch distributions	111
III.2.4 Réseau et relations phylogénétiques des haplotypes.....	117
III.2.4.1 Réseau d'haplotypes.....	117
III.2.4.2 Relation phylogénétique.....	119
III.3 Discussion	124
III.3.1 Diversité génétique des populations	124
III.3.2 Structuration génétique.....	125
III.3.3 Evolution démographique	126
III.3.4 Réseau d'haplotypes et relations phylogénétiques.....	128
Conclusion partielle	130
Conclusion générale.....	131
Recommandations	133
Perspectives :	134
Références bibliographiques	135

PREAMBULE

La majeure partie des pays Ouest africains est confrontée à des problèmes d'autosuffisance alimentaire. Pour pallier à ce phénomène ces pays se sont fixés comme objectif d'augmenter les rendements des cultures vivrières par la promotion des semences de nouvelles variétés. Pour que cet objectif puisse être atteint, il faut une politique adéquate de protection des cultures vivrières contre les ravageurs. Les céréales représentent l'aliment de base des populations d'Afrique de l'Ouest et du Centre. Il a été noté qu'en Afrique sub-saharienne, les pertes céréalieres après récolte et au cours du stockage sont importantes et peuvent aller jusqu'à 10-20% de la production (World Bank, 2011). Il est donc important de veiller à en conserver la qualité et la valeur tout au long de la chaîne d'approvisionnement pour garantir aux consommateurs un accès à une nourriture sûre et nutritive. Le plus souvent, les insectes comme *Sitophilus zeamais* sont à l'œuvre d'une grande partie de ces dommages. Ce projet entre dans le cadre de la recherche et la mise en place de stratégie de lutte contre les insectes ravageurs des cultures et des denrées stockées.

Introduction générale

INTRODUCTION GENERALE

Avec une récolte annuelle cumulée de l'ordre de 2,5 milliards de tonnes, le maïs, le riz et le blé sont les principales cultures produites dans le monde et les piliers de la sécurité alimentaire mondiale (FAO, 2016). Le maïs (*Zea mays*, subsp *mays* L.) est une céréale qui se cultive dans toutes les régions agricoles du monde. Elle constitue l'une des céréales les plus importantes utilisées dans l'alimentation humaine (Semassa *et al.*, 2016), animale (volailles, porcins, bovins...) et sert de matière première dans certaines industries (brasseries, savonneries et huilerie) (Boone *et al.*, 2008). Selon USDA (2017) la production mondiale de maïs est estimée à 1053,8 millions de tonnes pour la campagne 2016-2017, soit 41% de la production dans le monde. En Afrique de l'Ouest, les prévisions supputaient une augmentation de la production de maïs au cours de l'année 2017-2018 (USAID, 2017). Cette augmentation est due à une position dominante du maïs en Afrique d'une manière générale et en Afrique de l'Ouest en particulier. Cela est favorisée par la capacité du maïs à s'adapter aux conditions agro-écologiques et ses rôles stratégiques comme produit de rente et de forte consommation dans de nombreux pays (Nago, 1997 ; Semassa *et al.*, 2016).

Pour la plupart des pays d'Afrique de l'Ouest et du Centre, la production de maïs permet de traverser les périodes de soudure. Le maïs fait partie des produits constitutifs du régime de base des populations vivant en zones rurales. Sa consommation en milieu urbain est impressionnante puisqu'elle absorbe plus de 40% de la production (Bricas *et al.*, 2009). Du fait de sa richesse en amidon le maïs est l'une des céréales les plus énergétiques (Charcosset et Gallais, 2009) et la plus économique du point de vue de la production (Nuss et Tanumihardjo, 2011).

En Afrique sub-saharienne, les pertes céréalières résultent des dégâts des insectes, de la détérioration microbienne et d'autres facteurs. Ces dernières sont estimées à 10-20 % de la production, soit environ 4 milliards de dollars (World Bank, 2011). Ce qui correspond aux besoins minimums annuels d'au moins 48 millions de personnes (FAO, 2011). Le maïs à l'instar des autres céréales subit d'énormes pertes dès le champ et pendant le stockage par l'attaque de plusieurs insectes (Gueye *et al.*, 2011) ; par conséquent, des pertes qualitative et quantitative considérables sont enregistrées (Gueye *et al.*, 2012). Ces pertes céréalières constituent un problème de plus en plus impérieux et particulièrement grave dans les pays en développement où elles peuvent entraîner des pertes de revenus d'au moins 15 % pour 470 millions de petits exploitants agricoles ainsi que pour les acteurs en aval de la chaîne de valeur, la plupart faisant partie des 1,2 milliards de personnes vivant dans l'insécurité alimentaire (Fondation

Rockefeller, 2015). Ces pertes constituent donc un défi, essentiellement dans les pays en voie de développement, en particulier ceux d'Afrique.

La plupart des pays d'Afrique, en particulier ceux ouest-africains et du centre, se sont fixés comme objectif d'augmenter les rendements des cultures vivrières par la promotion des semences de nouvelles variétés pour l'atteinte d'une sécurité alimentaire et nutritionnelle. Cependant, si la sécurité alimentaire signifie produire suffisamment, elle implique également un stockage et une bonne conservation de cette production en vue d'une consommation rationnelle selon les besoins et une transformation de la matière pour augmenter la valeur et générer des revenus (Seck, 2009). Le volet post-récolte est très peu pris en compte en Afrique, surtout la gestion des stocks de vivres et de semences, alors que les pertes à ce niveau sont énormes tant au niveau paysan que pour les stocks collectifs et industriels (Gueye, 2002). Le stockage est une nécessité pour la conservation des récoltes. Il permet d'assurer une disponibilité des ressources alimentaires, d'autant plus que la majeure partie de la production agricole est saisonnière alors que les besoins des consommateurs s'étendent sur toute l'année. Cependant, au cours du stockage, les récoltes sont attaquées par les insectes ravageurs. Ainsi pour l'atteinte d'une sécurité alimentaire, il est impératif pour les pays d'Afrique de mettre en place des stratégies pragmatiques de gestion pour la protection des cultures vivrières contre les ravageurs. Parmi ces insectes, il y'a *S. zeamais*, un ravageur primaire très dangereux. Il endommage les grains intacts, ce qui permet aux larves de se développer à l'intérieur des grains et également l'infestation du stock par les ravageurs secondaires et tertiaires pour qui les grains endommagés sont une source de nourriture (Groot, 2004). La larve en se développant à l'intérieur du grain se nourrit de l'endosperme. Ceci produit de la chaleur et de l'humidité qui peut conduire au développement des moisissures tel qu'*Aspergillus flavius* qui sécrète une substance toxique et cancérigène, l'aflatoxine (Anonyme, 2012). L'aflatoxine compromet la sécurité alimentaire et le statut sanitaire des groupes les plus vulnérables en Afrique (Magnussen et al., 2013 ; Villers, 2014).

S. zeamais peut entraîner des pertes du maïs de l'ordre de 30 à 56% en trois et huit mois de stockage (Ngamo et al., 2007). Face à ces dégâts, plusieurs méthodes de lutttes ont été élaborées : les lutttes chimiques (utilisation de pesticides) qui sont à l'origine de l'accoutumance des insectes et de leurs résistances sans oublier les problèmes majeurs de santé publique (Regnault-Roger, 2002 ; Benhalima et al., 2004), et les lutttes physiques parfois très coûteuses dans nos pays. Une bonne connaissance de cet insecte est primordiale afin d'adopter une lutte adéquate pour une gestion de ses populations. Ce qui nous amène à se demander, s'il existe une

différenciation morphométrique et une structuration génétique des populations de *Sitophilus zeamais* en Afrique de l'Ouest et en Afrique centrale.

Cette thèse a pour objectif général de contribuer à la connaissance des populations infestantes de *S. zeamais* afin d'améliorer les conditions de stockage du maïs.

Afin de répondre à l'objectif général, deux objectifs spécifiques ont été définis, à savoir :

- identifier les groupes morphométriques de *S. zeamais* dans les zones d'étude ;
- déterminer la diversité et la structuration génétique des populations de *S. zeamais*

Ce travail s'articule autour de trois chapitres : le premier est destiné à la synthèse bibliographique ; et les 2 derniers consacrés respectivement aux deux objectifs spécifiques précités dont chacun présentés selon une méthodologie bien définie suivie de la présentation des résultats obtenus et de leur discussion.

- Le chapitre I est consacré au cadre géographique de l'étude, la systématique du maïs, la diversité génétique du maïs, l'utilité du maïs, la systématique, la description, la bio-écologie et les dégâts causés par *Sitophilus zeamais* et enfin l'importance de l'apport de la biologie moléculaire.
- Le chapitre II est destiné à la caractérisation morphométrique des populations de *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) infestant des types de maïs en Afrique de l'Ouest et en Afrique Centrale. Ceci à partir des mensurations des individus de *S. zeamais* provenant d'échantillons de maïs.
- Le chapitre III est consacré à la caractérisation génétique des populations de *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) infestant des types de maïs en Afrique de l'Ouest et du Centre à partir de deux marqueurs mitochondriaux, le *Cytochrome oxydase I (COI)* et le *Cytochrome b (Cyt-b)*.

Enfin ces chapitres sont bouclés pour une conclusion générale suivie des recommandations et des perspectives.

CHAPITRE I :
Synthèse bibliographique

CHAPITRE I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

I.1 Situation géographique de quelques pays d'Afrique l'Ouest et du Centre

I.1.1 Situation géographique du Sénégal

Le Sénégal est un pays situé à l'extrême Ouest du continent africain entre les latitudes 12°00 et 16°30 Nord et les longitudes 11°30 et 17°30 Ouest, avec une superficie de 196 722 km carrés. Il est doté d'un climat tropical sec caractérisé par des températures modérées sur la côte qui s'élèvent au fur à et mesure que l'on s'en éloigne (Boyé, 2001). Le climat est de type soudano-sahélien. Il est caractérisé par l'alternance d'une saison des pluies allant de juin à octobre et d'une saison sèche allant de novembre à mai. La pluviométrie moyenne annuelle suit un gradient croissant du Nord au Sud du pays. Elle passe de 300 mm au Nord semi désertique à 1200 mm au Sud avec des variations d'une année à une autre (Ndiaye et Niang, 2010). Sur le plan agricole, le Sénégal dispose des ressources en sols non négligeables qui s'élèvent à 3,8 millions d'hectares pour 1000 habitants (PANA, 2006). L'agriculture occupe au moins 80% de la population (Seck, 2009) et 12% du territoire national, c'est l'un des secteurs essentiels de l'économie du pays. Elle contribue pour une valeur relativement importante au produit intérieur brute (20%). Cependant, l'agriculture est peu diversifiée. Les principales cultures sont le mil, le sorgho, le maïs, le riz, le coton, l'arachide et le niébé. Mais le Sénégal n'a pas atteint son autosuffisance alimentaire, seulement couverte à 50 – 60%. Environ 500000 tonnes de céréales sont importées chaque année (Boyé, 2001). Au niveau national, les principales céréales sont produites pour l'essentiel dans les régions de Kaolack (mil, maïs), Fatick (mil), de Tambacounda (mil, maïs), de Kolda (maïs, riz), de Ziguinchor (riz) et de St Louis (riz). La répartition de la production nationale céréalière par culture est de 44% pour le mil, 21% pour le riz paddy, 22% pour le maïs, et de 13% pour le sorgho (Ndiaye et Niang, 2010).

Le Sénégal comporte sept zones agro-écologiques regroupant des communautés rurales ayant des similitudes en termes de structure du sol et en termes de climat (ESASU, 2008). Parmi ces zones nous avons :

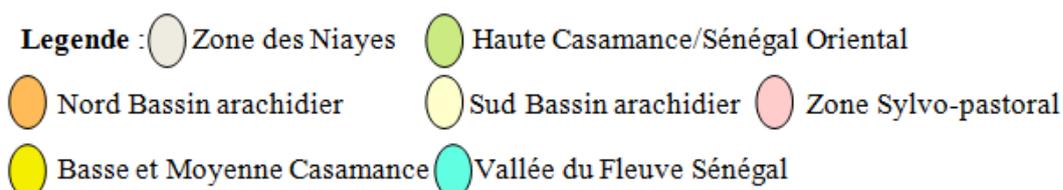
➤ **Zone des Niayes** : elle couvre une superficie de 8883 Km² le long du littoral nord. C'est la partie dunaire, à texture sableuse, on trouve un système d'une agriculture basée sur l'alternance mil souna et arachide. Le système de culture maraicher existant s'étend du Gandiolais Saint Louisien jusqu'à la grande Niaye de Pikine à Dakar, avec un système diversifié à base de culture d'oignon (Fall, 2008). Ces activités maraichères représentent 80% de la production nationale (PANA, 2006).

- **Zone Sylvo-pastorale (le Ferlo) :** elle est vaste de 36289 Km² (Fall, 2008). Cette zone est peuplée en majorité par des populations de Peuls nomades. C'est la principale zone d'élevage du Sénégal, 22 à 30% du cheptel national (PANA, 2006). Dans cette zone, l'agriculture est caractérisée par un système traditionnel de cultures pluviales de subsistance (mil, niébé et béréf). Elle subit un processus de désertification assez avancé avec une disparition marquée du couvert végétal par la sécheresse et l'émondage abusif des ligneux par les éleveurs (Fall, 2008).
- **Vallée du fleuve Sénégal :** elle s'étend sur 22472 Km². C'est une zone de culture de décrue (traditionnelles : sorgho, maïs, riz). Elle contient des périmètres irrigués (partie inondable, riz) (Fall, 2008). Cette zone peut être subdivisée en trois parties : le Walo (partie inondable, avec des sols lourds, des aménagements rizicoles), le Delta (avec un climat marin), et le Jérie (zone à vocation Pastorale) (PANA, 2006).
- **Sud Bassin arachidier :** il a une superficie de 23945 Km², couvert par des sols ferrugineux tropicaux lessivés ou « sol beige » avec une texture sableuse et un lessivage de l'argile. Dans cette zone, il existe un système de culture sous pluie relativement diversifié, basé sur l'alternance mil souna et arachide en présence de fumure animale dominant (Fall, 2008). L'arachide et le mil représentent 90% des superficies emblavées (PANA, 2006). Dans sa partie Sud-ouest, on a des sols Deck argilo-limoneux, riches en matière organique où domine la culture de l'arachide, sorgho, maïs et manioc (Fall, 2008).
- **Nord Bassin arachidier :** cette zone couvre 14783 Km², avec des sols ferrugineux tropicaux peu lessivés formés et communément appelés « sol Dior ». Elle est caractérisée par une agriculture traditionnelle basée sur l'alternance mil souna et arachide, et une diversification des cultures avec le sorgho, le maïs, le riz et le coton (Fall, 2008). Cependant on note une prédominance de l'arachide de 38,9%. Cette zone est aussi caractérisée par une dégradation accélérée des écosystèmes (PANA, 2006).
- **Haute Casamance et Sénégal Oriental :** selon Fall (2008), la haute Casamance est vaste de 73718 Km² et le Sénégal Oriental est installé sur une Cuirasse latéritique. Cette zone dispose essentiellement des sols polymorphes, des sols ferrugineux tropicaux lessivés à pseudo-Gley, des sols lithiques sur diabases, des sols hydromorphes moyennement organiques à pseudo-Gley. La Haute Casamance est caractérisée par une agriculture traditionnelle sous pluie, avec comme dominante le mil souna, le sorgho et le coton, le maïs, l'arachide et le riz de bas-fond. Quant au Sénégal Oriental on trouve le même système de culture qu'en Haute Casamance au niveau de sa partie Nord-Ouest, par contre dans la partie Nord-est et Sud, on a un système de cultures sous pluie avec une longue jachère qui y est pratiquée.

➤ **Basse et Moyenne Casamance** : cette zone s'étend sur 16632 Km². Les principaux sols sont : des sols ferrugineux tropicaux lessivés à concrétion et cuirasse, avec la présence d'un horizon d'accumulation d'argile, des sols faiblement ferralitiques différenciés sur matériel sablo-argileux du continental terminal poreux et friable, des sols hydromorphes moyennement organiques à Gley ou pseudo-Gley. La Basse Casamance est dominée par la riziculture traditionnelle inondée de bas-fond avec l'alternance mil souna et arachide sur le plateau. Quant à la Moyenne Casamance, elle est caractérisée par un système pluvial mil souna, sorgho, maïs en alternance avec l'arachide et le riz de bas-fond (Fall, 2008).



Figure 1 : Zones agro-écologiques du Sénégal : (source ESASU Aout 2008).



I.1.2 Situation géographique du Mali

Le Mali est un vaste pays continental d'Afrique de l'Ouest, situé entre 10° et 25° de latitude Nord et entre 4° de longitude Est et 12° de longitude Ouest, avec une superficie de 1241138 km² dont les deux tiers se trouvent en zone désertique (CEIM, 2009). L'économie de ce pays est essentiellement basée sur l'agriculture et l'élevage qui dépendent en grande partie des conditions climatiques et plus en particulier des précipitations (Diarra, 2009). Le climat est de type tropical sec. On en distingue quatre types : un climat désertique au Nord, avec une

pluviométrie annuelle de 200 mm ; sahélien au centre dont la pluviométrie annuelle est comprise entre 200 mm et 600 mm ; soudanien Nord avec une pluviométrie annuelle comprise entre 600 mm et 1000 mm ; soudanien dont la pluviométrie est comprise entre 1000 mm et 1200 mm (Diarra, 2009). L'économie du Mali bien que dépendant de l'agriculture, les terres aptes à l'agriculture ne représentent que 14% de la superficie totale. Les régions à fortes potentialités agricoles sont la région de production cotonnière, l'Office du Niger, l'Office riz Mopti, le delta du Niger et le Seno qui sont des espaces situés à cheval sur les zones soudanienne, soudano-guinéenne et sahélienne (PANA, 2007).

Les quatre zones climatiques du Mali concordent principalement à quatre zones écologiques avec un potentiel agricole assez diversifié, en plus du Delta intérieur du Niger :

- **La zone Saharienne** 632000 km², soit 51% du territoire national. C'est la partie la plus septentrionale du Mali (PANA, 2007) ;
- **La zone sahélienne** : elle couvre une superficie de 285000 km² soit 23% du territoire. Elle compte deux sous zones qui sont : la zone sahélo saharienne au Nord et la zone sahélo soudanienne au sud (PANA, 2007) ;
- **La zone soudanienne** qui couvre 215000 km² soit 17,5% du territoire. C'est une zone agricole par excellence, transhumance et de refuge avec une tendance à la sédentarisation des éleveurs et des troupeaux. La pluviométrie répartie sur cinq mois varie de 600 mm au Nord contre plus de 800 mm au Sud (PANA, 2007) ;
- **La zone soudano guinéenne** : elle est située à l'extrême sud du pays et couvre 75000 km² soit 10% territoire. C'est une zone onchocerquienne jusqu'à un passé récent. Elle est d'une manière générale encore relativement peu exploitée, avec une saison des pluies qui dure 6 mois et des précipitations qui varient de 800 à plus de 1000 mm/an ;
- **Le Delta du Niger et la région lacustre** constituent une entité écologique spécifique en tant que région humide à cheval sur les zones soudanienne et sahélienne. Elle s'allonge sur plus de 30000 à 35000 km² et se prolonge par une bande le long du fleuve Niger où l'on pratique des cultures de décrue (PANA, 2007).

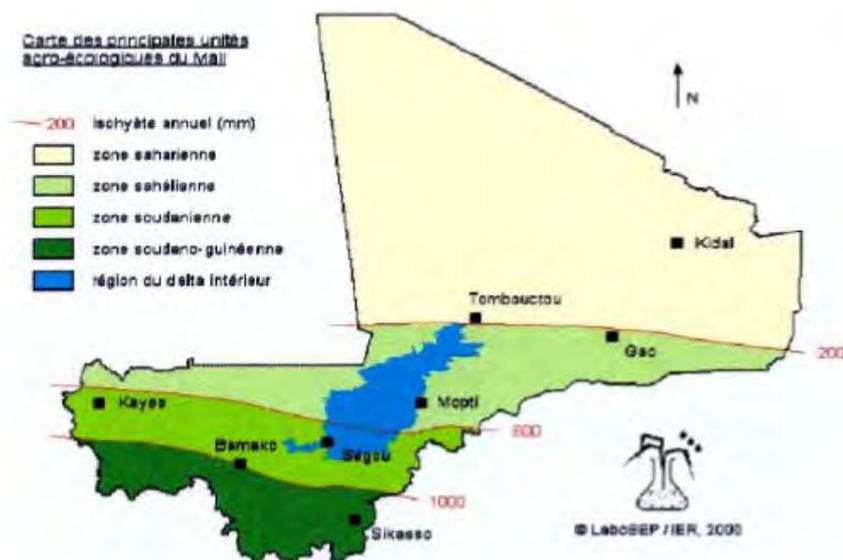


Figure 2 : Carte des Zones éco climatiques du Mali (source : PANA, 2007).

I.1.3 Situation géographique de la Guinée Conakry

La Guinée Conakry est située au sud-ouest de l’Afrique Occidentale couvre une superficie de 245.857 km². C’est un pays côtier avec 300 km de littoral atlantique, à mi-chemin de l’équateur et du tropique du cancer entre 7°05 et 12°51 de latitude Nord et 7°30 et 15°10 de longitude Ouest. Son climat tropical chaud et humide se caractérise par deux saisons dont les durées les plus ou moins longues varient selon les régions : une saison pluvieuse de mai à octobre et une saison sèche allant de novembre à avril. Le pays se subdivise en quatre régions naturelles ou zones agro-écologiques : la Basse Guinée (région côtière, 18%), la Moyenne Guinée (région montagneuse, 22%), la Haute Guinée (région de savane 40%) et la Guinée forestière (20%) (MSP et OMS, 2005). La pluviométrie moyenne annuelle est égale à 1651 mm et varie de 1200 mm de Haute Guinée à 4200 mm en Basse Guinée. En 2002, la superficie cultivée était de 1,54 millions d’hectares dont 0,90 million en terres arables et 0,64 million en cultures permanentes. Le secteur agricole regroupe 82% de la population active tandis qu’il représente seulement 24,8% du PIB (AQUASTAT, 2005 (a)). D’après Diallo (2009) l’agriculture constitue la base de l’économie de la Guinée et le véritable moteur de croissance. La superficie cultivable est estimée à 6 millions d’hectares et représente 25% du territoire national. Le riz demeure de loin la principale spéculation vivrière en tant que denrée et en tant que culture, car il occupe environ 45% des superficies totales des cultures vivrières pour une production actuelle de 1200000 tonnes de riz paddy. Les autres cultures les plus pratiquées sont le maïs, l’arachide, le manioc et le fonio sur lesquelles la stratégie de base de sécurité alimentaire a été fondée.

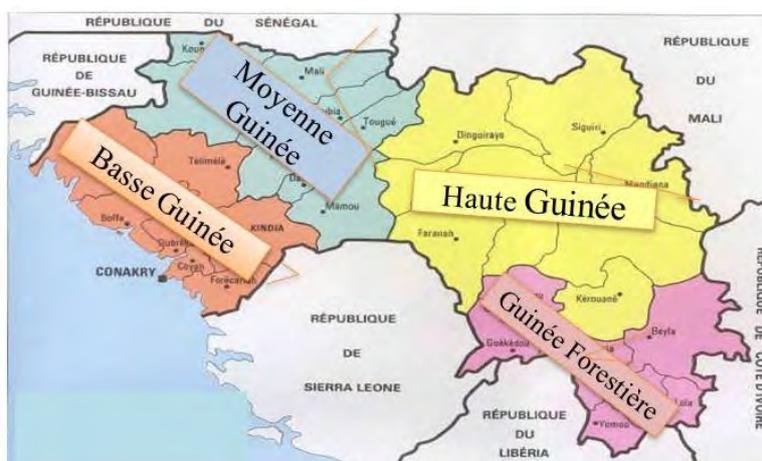


Figure 3 : carte des zones agro-écologiques de la Conakry (source : MA, février 2015).

I.1.4 Situation géographique de la Côte d’Ivoire

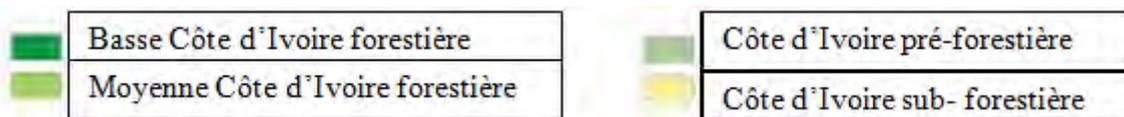
La Côte d’Ivoire est située entre les longitudes 2°30’- 8°30’ Ouest et les latitudes 4°30’ – 10°30’ Nord. Elle a une superficie de 322 462 km² (UFR-STRM, 2009). Il existe dans ce pays deux régions climatiques qui correspondent aux deux grands types de paysages rencontrés. Il y a la savane et la forêt claire du Nord, dont le climat est de type soudanais comportant une saison sèche et une saison des pluies. Et la forêt dense et humide, avec un climat de type guinéen qui comprend deux saisons des pluies et deux saisons sèches. Le pays jouit d’un climat qui est favorable au développement de l’agriculture dont dépend son économie (Sangare *et al.*, 2009). La Côte d’Ivoire comprend trois zones agro-écologiques :

- **La zone guinéenne** : elle représente 50% du territoire, située au sud du pays. Cette zone est caractérisée par un climat subéquatorial à quatre saisons : une grande saison sèche (décembre à mars), une grande saison des pluies (mars à juin), une petite saison sèche (juillet à août) et enfin une petite saison des pluies (septembre à novembre). La pluviométrie annuelle y dépasse les 1 500 mm et les sols sont d’assez bonne qualité (AQUASTAT, 2005 (b)).
- **La zone soudano-guinéenne** : c’est une zone de transition entre la zone forestière et le Nord, soit 19% du pays. Cette zone est caractérisée par quatre saisons : une grande saison sèche (novembre à février), une grande saison des pluies (mars à juin), une petite saison sèche (juillet à août) et une petite saison des pluies (septembre à octobre). Les précipitations varient entre 1 200 et 1 500 mm, mais sont erratiques. En ce qui concerne l’agriculture, c’est la zone la plus difficile à cultiver en raison de la sécheresse et des inondations (AQUASTAT, 2005 (b)).

➤ **La zone soudanienne** : elle est située plus au nord, soit 31% du territoire. C'est une région de savane au climat tropical de type soudano-guinéen avec une seule saison des pluies. Les précipitations sont comprises entre 900 et 1 200 mm et permettent généralement une agriculture pluviale. Les sols ayant un potentiel agricole acceptable représentent moins de 50% de la zone. Les cultures pluviales dominent (maïs, riz, arachides) et sont souvent associées (AQUASTAT, 2005 (b)).



Figure 4 : Principales zones agro-écologiques de la Côte d'Ivoire (Source MA, 2009).



I.1.5 Situation géographique du Niger

Le Niger est un pays subsaharien avec une superficie de 1267000 km², faisant du Niger l'un des pays les plus vastes d'Afrique de l'ouest. C'est un pays continental enclavé ayant aucun débouché sur la mer (FNUP, 2002). Il est situé entre les latitudes 12° et 23° Nord et les longitudes 0° et 16° Est (Baoua, 2013). Le Niger est caractérisé par un climat de type soudanien, avec principalement deux saisons : une longue saison sèche d'octobre en mai et une courte saison sèche de mai en septembre. Sa population vit essentiellement de l'agriculture, de l'élevage, de la pêche et de l'artisanat (FNUP, 2002). L'agriculture représente la principale activité de plus de 80% de la population active du pays et se pratique sur une superficie n'excédant pas 12% du territoire, sur de petites exploitations familiales avec des méthodes traditionnelles. Elle contribue à 40% du PIB (Boureina, 2015).

Le Niger compte cinq zones agro-écologiques en partant des oasis de l'Aïr jusqu'aux rives du Lac Tchad ou aux mares du Gorouol, en passant par la vallée sèche de la Tarka :

- **La zone saharienne** : c'est une zone plutôt homogène du point de vue végétation, avec un gradient de densité de la végétation du sud-ouest vers le nord-est qui va des steppes herbeuses et épineuses de Tchintabaraden et Tchirozerine vers les vastes surfaces dénudées sableuses ou rocheuses du Ténéré, de l'Air et du Djado. Dans cette zone, l'élevage est la principale ressource économique des populations. Les produits de l'élevage (produits laitiers et viande) représentent la base de l'alimentation avec les productions des oasis (dattes, blé) intégrés avec d'autres céréales (mil, riz, etc.) (RECA, 2004).
- **La zone saharo- sahélienne** : c'est une zone de transition entre la zone saharienne et Sahélienne. Elle se présente comme un grand espace pastoral dans sa partie Nord et comme une zone tachetée de champs de cultures dans sa partie méridionale (RECA, 2004).
- **La zone sahélienne** : elle est par excellence la zone de culture en pluviale des céréales pures ou en association avec les légumineuses. Elle comprend deux grands sous-systèmes : la zone des plaines de l'Est et le système dunaire de l'Ouest. La zone des plaines de l'Est étend sa partie méridionale dans la zone sahélo-soudanienne (RECA, 2004).
- **La zone sahélo-soudanienne** : elle a une forte potentialité agricole tant en pluvial qu'en irrigué. La céréaliculture y est pratiquée partout avec des systèmes plus évolués dans les plaines de l'Est, où la densité de population est particulièrement forte, l'élevage est intensif et la végétation naturelle est limitée aux terres marginales avec la disparition généralisée de la jachère. La pression anthropique est tellement forte que l'agriculture, l'élevage et les forêts doivent partager le même espace, induisant ainsi une profonde mutation. Ceci engendre un système intégré où les ressources naturelles sont complètement aménagées et leur exploitation devient rationnelle (RECA, 2004).
- **La Zone Soudanienne** : cette zone représente 1% de la superficie du pays. Elle contient la plus grande partie de la biodiversité du pays, concentrée principalement dans les 220.000 ha du Parc National du W et le long du fleuve. Les conditions des sols et du climat favorisent l'agriculture tant en pluvial qu'en irrigué, cependant les potentialités de la zone ne sont pas encore bien exploitées surtout dans l'agriculture irriguée et la culture en pluviale de spéculations de rente (RECA, 2004).

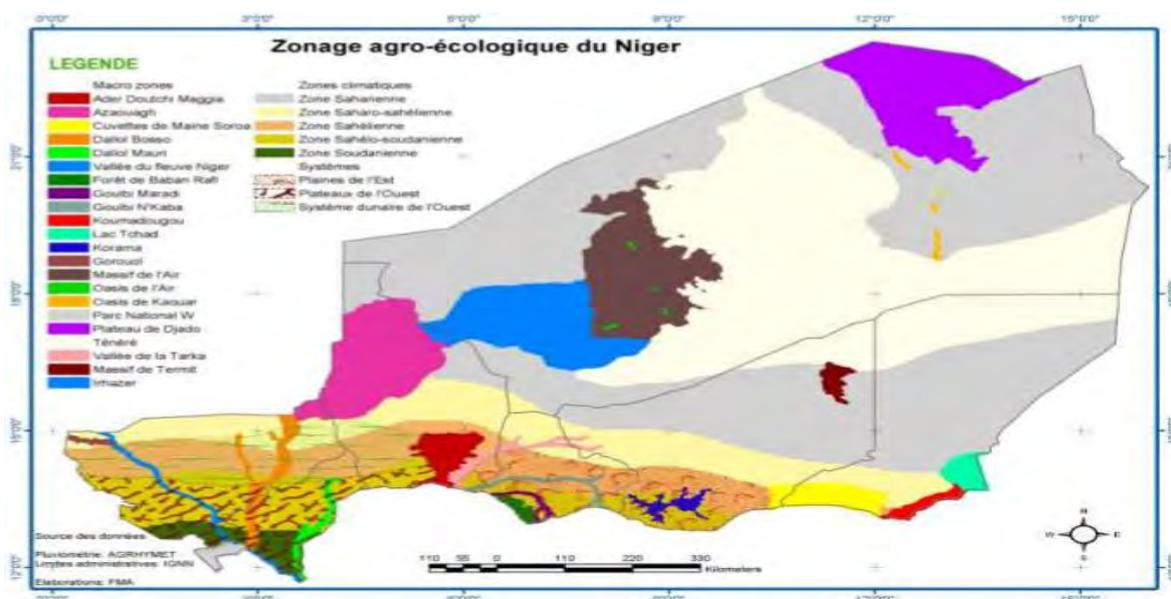


Figure 5 : Zones agro-écologiques du Niger (source : RECA, 2004).

I.1.6 Situation géographique du Ghana

Le Ghana est un pays qui se trouve au centre de la Côte Occidentale de l'Afrique, avec une superficie de 238540 km². Il est situé à la latitude 12° 23' 28'' Nord et à la longitude 8° 28' 55'' Est. Son climat est tropical avec deux saisons des pluies dans le sud du pays (de mars à juillet, et de septembre à octobre) et une seule saison des pluies dans la partie nord (de juillet à septembre) (MAAF, 2015). L'agriculture ghanéenne joue un rôle très important dans l'économie du pays, en participant à 22,4% du PIB en 2014. La production de céréales est dominée par le maïs (1,77 million de tonnes), suivi par le riz (604 000 tonnes de riz paddy, 417000 tonnes de riz blanc). Le Ghana peut être divisé en cinq zones agro-écologiques définies sur la base du climat, de la végétation et des sols. Les cinq zones agro-écologiques sont la zone de forêt tropicale, celle de forêt de feuillus, la zone de transition, la savane côtière et la savane du nord (septentrionale) (MAAF, 2015).



Figure 6 : présentation du Ghana (source : geotlas.fr).

I.1.7 Situation géographique du Cameroun

Le Cameroun est un pays d’Afrique Centrale qui fait la jonction entre l’Afrique centrale et l’Afrique occidentale, avec une superficie de 475 650 km². Il est situé entre les 2^{ème} et 13^{ème} degrés de latitude Nord et les 9^{ème} et 16^{ème} degrés de longitude Est (Ngnikam et Tolale, 2009). Le climat camerounais est fondamentalement influencé par le balancement saisonnier du front intertropical, qui délimite trois grandes zones climatiques : le climat équatorial au Sud, le climat tropical humide dans la région centrale du pays, le climat soudano-sahélien dans la partie nord (Leipzig, 1996). L’agriculture Camerounais est l’un des plus riches d’Afrique Centrale du fait de ses productions agricoles vivrières (maïs, manioc, banane plantain, macabo, riz, mil, sorgho et arachide, etc.) et de rente (cacao, café, coton, caoutchouc, banane, ananas, etc.) (Ngnikam et Tolale, 2009).

Le Cameroun peut être divisé en cinq zones agro-écologiques homogènes : Soudano sahélienne, Hautes savanes guinéennes, Hauts plateaux de l’Ouest, Forestière humide monomodale, et Forestière humide bimodale (Ngandeu et Ngatchou, 2006).



Figure 7 : Zones agro-écologiques du Cameroun (source : IRAD, octobre 2005).

I.1.8 Situation géographique de la République de Centrafrique

La république de Centrafrique est un pays situé au nord de l'équateur entre les latitudes 3°N et 11°N et les longitudes 14°E et 27°E avec une superficie de 623 000 km² (WRI/MEFCP, 2010). L'économie de ce pays repose essentiellement sur l'agriculture. Ce domaine emploie plus de 75% des actives et contribue à environ 45% du PIB national. Ce pays jouit d'un climat dont les manifestations ne sont pas uniformes. Les écarts de températures, d'humidité et de précipitations y sont assez importants, aussi bien en terme de quantité qu'en terme de durée (Ouikon, 2007). Ce climat est équatorial chaud et humide caractérisé par deux saisons : une saison sèche et une saison pluvieuse. La pluviométrie varie entre 800 mm au Nord et 1600 mm au Sud et la température moyenne annuelle oscille entre 15 °C au Sud et 38 °C au Nord (CPDN, 2015).

La république de Centrafrique peut être subdivisée en quatre zones agro-écologiques :

- **La zone forestière** dite zone forêt-café qui couvre les parties sud-ouest et sud-est du pays avec une pluviométrie dépassant les 1 600 mm par an. C'est la zone de production de maïs, des cultures pérennes (café, cacao, palmier à huile, poivre), des plantes à racines et tubercules (manioc, taro, igname), des bananes et plantains, et des fruits (ananas, avocat, etc.) (FAO/PAM, 2014).

- **La zone savane** ou zone vivrier-élevage s'étend sur la partie centre-ouest du pays. La pluviométrie est comprise entre 1 400 et 1 600 mm par an. Les principales productions sont constituées de racines et tubercules (manioc, igname, taro, patate douce), de produits maraîchers et de l'élevage du gros bétail (FAO/PAM, 2014).
- **La zone savane**, dite zone coton-vivrier-élevage s'étend d'ouest en est au nord de la zone vivrier élevage et de la zone café. Les principales productions sont le coton, les céréales (sorgho, mil, maïs, paddy), les légumineuses à graines et protéagineux (arachide, niébé, sésame, courges). L'élevage y est également pratiqué grâce à l'étendue et à la richesse des pâturages (FAO/PAM, 2014).
- **La zone savane**, dite zone cynégétique et touristique couvre la partie nord-est du pays. C'est une zone de savane caractérisée par 4 à 5 mois de saison pluvieuse suivie de 2 mois d'intersaison et 5 à 6 mois de saison sèche. On pratique dans cette zone, les cultures de céréales (mil, sorgho), de dattes et de la gomme arabique (FAO/ PAM, 2014).



Figure 8 : zones agro-écologiques de la Centrafrique (source : Annuaire du Ministère du développement rural (MDR)).

I.2 Maïs (*Zea mays* L.)

I.2.1 Présentation du maïs

Le maïs, de son nom scientifique *Zea mays*. L, est une plante tropicale herbacée annuelle de la famille des graminées (Poacées) pouvant atteindre 5 m (Escalante *et al.*, 2012). C'est une plante qui se multiplie à l'état naturel avec l'intervention de l'homme c'est ce qui pourrait expliquer son absence à l'état sauvage (Doré et Varoquaux, 2006). Il est originaire d'Amérique

Centrale et du Mexique (Fukunaga *et al.*, 2005) ; introduit en Afrique vers le XVIème siècle par les explorateurs Portugais (Bassaler, 2000).



Figure 9 : champ de maïs (source CNRA, 2006).

I.2.2 Systématique et variété de *Zea mays*

Le maïs (*Zea mays*. L) ou blé d'Inde est constitué d'une seule espèce. Selon la classification classique, le maïs appartient à l'embranchement des Phanérogames, au sous-embranchement des Angiospermes, à la classe des Monocotylédones, de l'ordre des Glumâles et de la famille des *Poaceae*. Il est inclus dans la sous famille des Panicoidea et plus précisément dans la tribu des Maydea. De nos jours, avec la classification d'APG III (2009), le maïs appartient au clade des Angiospermes du clade des Monocotylédones et du clade des Commélinidées, à l'ordre des Poales qui renferme la famille des *Poaceae* réunissant la sous famille des Panicoidea et la tribu des Andopogonea.

Au Sénégal, huit variétés de maïs sont répertoriées dont la plupart sont seulement à vocation culturale pluviale sauf la variété Noor 96 qui est à vocation culturale pluviale et irriguée. Les autres variétés rencontrées sont Xéewel gui, Doo Mer, Sooror, Gaaw Na, Jaboot, Goor Yomboul, Yaayi Séex (MAER, 2012). Ces différentes variétés sont principalement cultivées dans quatre zones : le Sénégal-Oriental, le Sine-Saloum, la Casamance et la vallée du Fleuve Sénégal (Fall et Lo, 2009).

Au Mali, onze (11) variétés de maïs sont répertoriées dont les plus utilisées sont « Dembagnouma » et « Sotubaka ». Les autres variétés sont « Birgo, Diorobana, R22, Kabadiema, Kabablema, Niéleni, Sincouroufin, Wallé et N'zangaguéréni » (CNSM, 2018).

En Guinée Conakry, sept variétés de maïs sont cultivées. Parmi celles-ci, la variété « Perta » qui est cultivée presque dans tout le pays. En moyenne Guinée, les variétés, « Kilissi

113 » et « Kilissi il 5 » sont utilisées. Au Fouta Djallon, les variétés « Diansangué » et « Langan » sont essentiellement répertoriées. La variété locale à cycle particulièrement long « Kaabè binyé » est cultivée en base Guinée de même « Kilissi 113 » (Camara, 1994).

En Côte d'Ivoire, il existe sept variétés de maïs, cultivées dans diverses zones agro-écologiques en association avec la plupart des cultures (CNSM, 2018). Il s'agit des variétés à cycle de maturité intermédiaire de 100 à 105 jours : GMRP-18, MDJ, EV8728 (F7928), et Violet de Katiola ; des variétés à cycle de maturité précoce de 90 à 95 jours : DMRESR-Y et DMRESR-W ; des variétés à cycle de maturité tardif de 105 à 110 jours : ACR97 TZL Complsyn-W.

Au Niger, sept variétés de maïs sont actuellement utilisées par les producteurs. Ces variétés sont « CET », « Early Thai », « SR », « JEKA », « JFS », « MAFA » et « P3 kolo » (FAO, 2008).

Le Ghana, est le pays qui renferme le plus grand nombre de variétés de maïs. Il renferme 21 variétés qui sont : « 8425-8 », « 8505-4 (New Kaduna) », « 8644-27 (OBA SUPER 2) », « 8644-32 », « ABALECHI », « ABUROCHI », « ABUROTIA », « CIDABA », « DMRESRW », « DOBIDI », « DODZI », « DORKE », « MAMABA », « OBA TANPA GH », « OKOMASA », « POOL 16 DT », « SUWAN I-SR », « TZBR Ecdana 3 C2 », « TZEE-W SR BC5 », « TZL COMPOSITE » et « TZUTSR-W » (FAO, 2008).

Au Cameroun, treize variétés de maïs sont utilisées. Ces différentes variétés sont : « CMS 8501 », « CMS 8704 », « CMS 8806 », « CMS-9015 », « SHABA », « CHC 201 », « COCA-SR », « CHCB », « CLH 103 », « CLH 103 », « CHH 105 », « CHH 101 », « TZEE-W » et « CMS 8602 » (FAO, 2012).

En RCA, quatre variétés de maïs sont répertoriées telle que « CMS-8501 », « CMS-8704 » et « BSR-81 » (FAO, 2012).

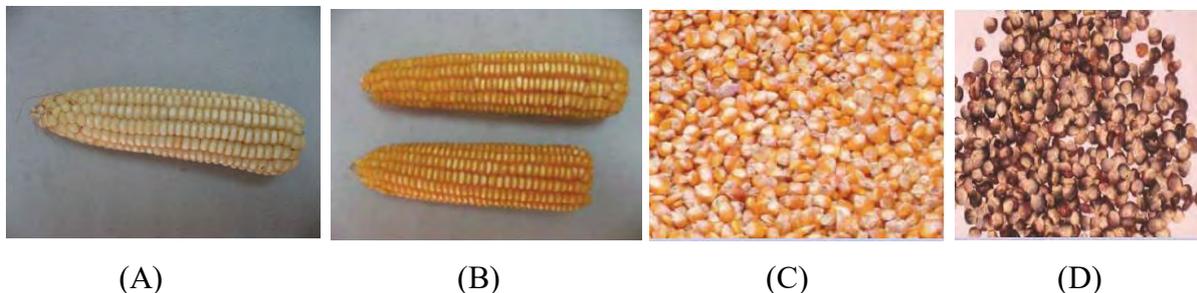


Figure 10 : deux variétés de maïs cultivés au Sénégal (Noor 96 (A) et Doo Mer (B)) et deux variétés en Côte d'Ivoire (F 8128 (C) et Violet de Katiola (D)).

Source : (A) et (B) catalogue officiel des espèces et des variétés cultivées au Sénégal 1^{ère} édition aout 2012. (C) et (D) CNRA (2006)

I.2.3 Diversité génétique du maïs (*Zea mays L*)

La diversité génétique se rapporte à la variété des gènes, mais aussi à celle des allèles, et même à celle des structures chromosomiques. Le maïs a connu tout au long de son histoire une formidable évolution, par la sélection naturelle conduite par les cultivateurs et l'apparition et le développement des variétés hybrides (Bassaler, 2000). Il présente dix paires de chromosomes ($2n=20$) dont les chromosomes normaux sont sous forme de bâtonnets de longueurs inégales (Dabire, 2000). La séquence de référence du génome du maïs a été faite à partir de la lignée de référence B73¹. D'après Tenailon *et al.* (2010) la taille de ce génome est moyenne par rapport aux autres angiospermes. Il est égal à 2,5 milliards de paires de bases (Gallais et Ricoch, 2006). L'étude de la diversité génétique entre deux lignées de maïs a révélé un nombre de différences nucléotidiques moyen entre deux haplotypes (lignées) de l'ordre de 1,4% supérieur à la divergence observée entre le chimpanzé et l'homme (Buckler *et al.*, 2006). Donc on peut considérer la diversité génétique entre deux lignées de maïs comme étant très élevée. Une comparaison de la région du gène bronze de deux lignées de maïs révèle une variation structurale énorme dépassant la variation nucléotidique (Fu et Dooner, 2002). Selon Morgante *et al.* (2005) 20% des gènes entre deux lignées de maïs diffèrent dans leur localisation. Ceci peut être dû à la duplication du génome du maïs, aux réarrangements chromosomiques et aux éléments transposables.

I.2.4 Production du maïs dans quelques pays d'Afrique de l'Ouest et du Centre

Au **Sénégal**, pour la campagne agricole 2017/2018, la production de maïs est de 476 621 tonnes. Pour cette même campagne le taux d'importation du maïs s'élève à 207 490 tonnes. Ce qui fait que les besoins en maïs au cours de l'année 2018 s'élèvent à 684111 tonnes (CILSS/FAO/FEWS NET/PAM/GOUVERNEMENT, 2018).

Au **Mali** la production de maïs dans les différentes zones de production en 2016 est de 2 811 384 tonnes (CORAF/WECARD, 2018). Le Mali importe 17% de ses besoins en maïs (CILSS, 2017).

En **Guinée Conakry**, la production du maïs au cours de l'année 2015 s'élève à 700 000 tonnes (Bocoum, 2017).

Quant au **Niger**, le maïs est produit essentiellement dans trois régions Tahoua, Zinder et Dosso. La production totale de maïs est estimée à 23 172,81 tonnes (MAEN, 2018).

¹ <http://www.maizesequence.org/index.html>

En **Côte d'Ivoire**, le maïs occupe la seconde place derrière le riz, parmi les céréales qui y sont cultivées avec une production de 700 000 t/an (Ducroquet *et al.*, 2017). La production du maïs a un potentiel de développement important pour le marché intérieur et sous régional. La Côte d'Ivoire exporte 14 184 tonnes de maïs vers la sous région et importe 28 163 tonnes (Ducroquet *et al.*, 2017).

Au **Ghana**, la production de maïs au cours de l'année 2016-2017 s'élève à 1 205 338 tonnes alors que les besoins du pays sont au tour de 1 297 530 tonnes. Le Ghana est donc autosuffisant en maïs à 93% (FEWS/CILSS/PAM, 2017). En Afrique de l'Ouest en dehors du Nigéria, le Ghana est le plus important producteur du maïs suivi du Bénin et de la Côte d'Ivoire (Josserand, 2013).

Au **Cameroun**, la production de maïs est de 2 164 003 au cours de 2016 (INSC, 2017). Au cours de cette même année la quantité de maïs importée s'élève à 31 959 tonnes (INSC, 2017). Pour la **République de Centrafrique**, la production céréalière est de 106 541 tonnes pour l'année 2018 (FAO/PAM, 2019). La quantité de maïs importée est de 3 315 tonnes (FAO/PAM, 2019). Ce qui fait que les besoins en maïs de la République de Centrafrique s'élève à 109 856 tonnes.

I.2.5 Utilité du maïs

Le maïs est la première céréale produite dans le monde soit 41% de la production mondiale de céréale devant le blé et l'orge (AGPM, 2015). Il a principalement trois types d'utilisations : l'alimentation animale, l'alimentation humaine et dans l'industrie.

➤ **Alimentation animale**

L'alimentation animale représente 70% de la consommation du maïs soit 420 à 440 millions de tonnes (AGPM, 2015). Le maïs est un aliment de référence dans le monde entier apprécié pour ses atouts nutritionnels, économiques et pour son apport énergétique (AGPM, 2015). La plante de maïs peut être consommée par les animaux élevages comme fourrage frais ou sec ou comme ensilage. Elle permet d'engraisser plus rapidement les bovins et d'augmenter la production de lait des vaches. Dans l'alimentation animale, le maïs entre dans la composition des farines et des granulés, mélangé à d'autres matières premières telles que le soja ou le pois (AGPM, 2015).

➤ **Alimentation humaine**

Le maïs est l'aliment de base de nombreuses populations. Il est largement répandu dans le monde, se substituant à des céréales autrefois consommées comme le mil et le millet. Il répond à de nombreux besoins vitaux de l'organisme. Consommé par l'homme le maïs lui donne des vitamines, des glucides et des fibres (AGPM, 2015). Ses modes de consommation

sont divers. Il peut être consommé soit sous forme de graines entières (séparées ou sur épi), soit réduit en farine et préparé sous forme de bouilles ou galettes cuites. En Amérique Latine, c'est la céréale la plus populaire avec ses multiples préparations salées ou sucrées à l'instar des tortillas (Bassaler, 2000).

➤ Industrie

Le maïs a plusieurs usages dans l'industrie. Il est utilisé dans l'industrie agro-alimentaire (biscuiterie, pâtisserie, brasserie, distillerie), dans l'industrie textile pour la fabrication de colle, dans l'industrie pharmaceutique, dans la production de plastiques biodégradables et de biocarburants (Basséne *et al.*, 2012).

I.3 *Sitophilus zeamais* (Mostschulsky, 1855)

I.3.1 Position systématiques

Selon la classification classique, *Sitophilus zeamais* appartient à l'embranchement des Arthropodes ; au sous Embranchement des Antennates ; à la sous classe des *Ptérygotes* ; à l'ordre des coléoptères ; au sous ordre des *Polyphaga* ; à la super famille des *Phytophagoidae* ; à la famille des *Curculionidae* ; à la sous famille des *Dryophthorinae*. Cette espèce appartient au genre *Sitophilus*.

I.3.2 Description

Le genre *Sitophilus* se reconnaît par la présence d'un rostre renflé triangulaire et portant des antennes à la base. La larve blanche et charnue est apode et mesure 2 à 4 mm (Seck, 2009). L'adulte est de couleur brun-rouge foncé à noir, avec en général deux petites taches claires sur chaque élytre (Délobel et Tran, 1993). Les élytres sont contigus et peuvent être parfois soudés, rendant impossible leur écartement (Anonyme, 2009a). *S. zeamais* présente des crevaisons elliptiques presque circulaires. Les tergites abdominaux sont généralement noirs. L'organe reproducteur male porte deux rainures longitudinales au niveau dorsal. L'édeage-génita (forme du sexe) est courbée (Anonyme, 2009a). *S. zeamais* vole très peu et préfère les grains de grande taille comme le maïs (Seck, 2009). En se basant sur leurs rostres une distinction peut être faite entre mâle et femelle. La femelle a un rostre long et effilé alors que le rostre du mâle est court épais et moins lisse (Aboubakary, 2010).



Femelle



Mâle

Figure 11 : Femelle et mâle de *Sitophilus zeamais*.

I.3.3 Cycle de développement

Le cycle de développement de *Sitophilus zeamais* ne peut se produire que dans un grain dont le taux d'humidité est supérieur à 95% sur un pelage de température allant de 15 à 35°C (Kossou *et al.*, 1992). Les femelles des charançons pondent leurs œufs à l'intérieur des grains dans un trou perforé par le rostre. Ce trou est ensuite rebouché par une sécrétion mucilagineuse de l'oviducte qui durcit rapidement à l'air (Nardon, 1963 ; Hubert, 1997). Les femelles de *S. zeamais* peuvent pondre 300 à 400 œufs durant leur vie (Mason et Donough, 2012). Le cycle de développement du charançon du maïs est en moyenne 35 jours à 27°C avec un développement maximum qui dure 110 jours à 18°C. La survie de toutes les étapes immatures devient plus élevée à 25°C (Mason et Donough, 2012). La température minimum pour le développement est de 13°C (Mason et Donough, 2012). Le développement, de la larve (quatre stades larvaires et un stade nymphal) jusqu'au stade adulte, se déroule à l'intérieur du grain. Le premier stade larvaire est vulnérable aux conditions de l'environnement (humidité relative, oxygène, densité de la population, température) (Hardman, 1978). Lorsque plusieurs larves sont présentes sur le même grain, il en émerge qu'un seul adulte (cannibalisme) (Délobel et Tran, 1993). Le grain de céréales apporte à l'insecte à la fois sa nourriture et sa protection. Après la mue imaginale, l'adulte reste un à deux jours dans le grain avant l'émergence (Hubert, 1997).

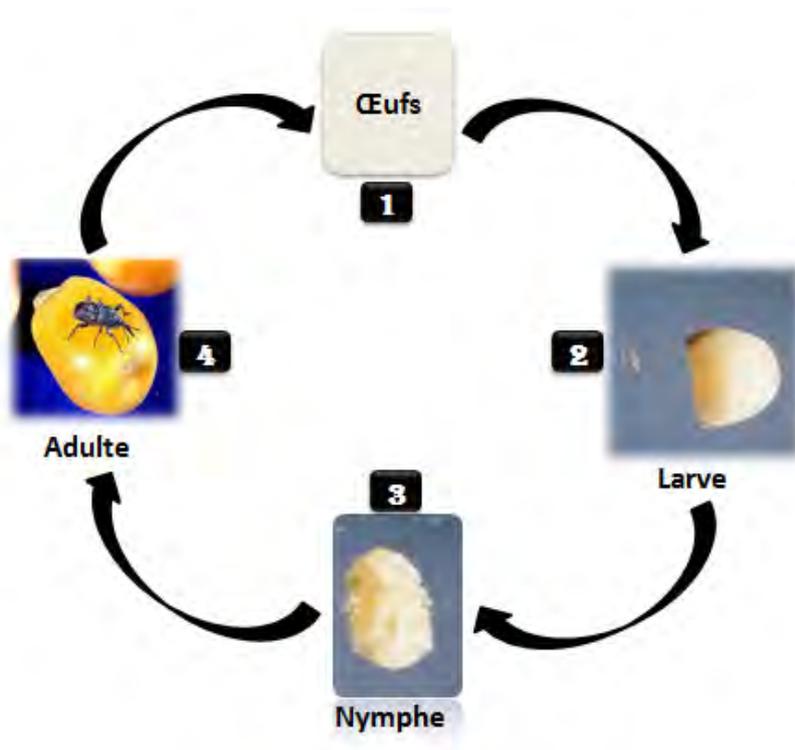


Figure 12 : cycle de développement de *S. zeamais*.

Source : <http://www.ars.usda.gov/is/graphics/photos/aug00/k8854-1i.jpg> (adulte)

I.3.4 Bio-écologie

Sitophilus zeamais se trouve le plus souvent en association avec *Sitophilus oryzae*. Elles sont caractéristiques des régions tropicales et subtropicales. Cependant, elles sont présentes dans les régions tempérées (Mason et Donough, 2012). Le charançon du maïs (*S. zeamais*) et le charançon du riz (*S. oryzae*) ont une large gamme semblable. Ils sont communément trouvés dans le maïs, le blé, l'orge, le seigle, le riz. Ces deux charançons préfèrent les grains, entiers mais ils ont été trouvés sur beaucoup de produits transformés y compris la nourriture quotidienne et les pâtes (Mason et Donough, 2012). *S. zeamais* a une alimentation régulière sur les pommes de terre entreposées (Mason et Donough, 2012). La gamme d'humidité à l'intérieur de laquelle a été trouvée *S. zeamais* est beaucoup plus large que celle de *S. oryzae* (Anonyme, 2009b).

I.3.5 Dégâts causés par *S. zeamais*

L'adulte de *S. zeamais* ne cause pas directement de dégât sur le maïs au champ ni dans les stocks. Ce sont les stades juvéniles qui causent les ravages sur les stocks puisqu'ils ne vivent jamais à l'air libre et se développent à l'intérieur du grain, consommant avant le stade pupa une partie importante des réserves nutritives du grain (Ngamo *et al.*, 2007). C'est pour cette raison

qu'ils sont qualifiés de cléthrophage par Ghesquiere en 1933. Par contre, les adultes sont qualifiés de granivore, puisqu'ils rongent les grains extérieurement (Lepesme, 1944). Cependant, l'infestation du maïs par *S. zeamais* se produit dans le champ juste avant la récolte et les insectes émergents dans les magasins où la population s'accumule rapidement (Asawalam, 2008). *S. zeamais* est considéré comme étant un ravageur primaire. L'adulte se reproduit dans les grains entreposés.

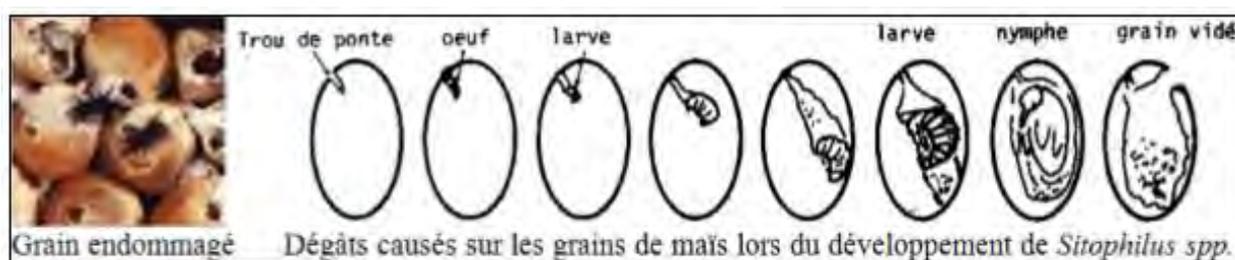


Figure 13 : Trous causés par l'émergence des adultes sur les grains et détérioration des grains au cours du cycle de développement de *Sitophilus spp.*

I.4 Apport de la biologie moléculaire

Selon Lionnet et Croquette (2005), la biologie moléculaire peut être définie comme étant « l'ensemble des techniques et découvertes qui ont permis l'analyse moléculaire des processus les plus intimes du vivant, de ceux qui en assurent la pérennité et la reproduction ». Ainsi, en Biologie moderne, au cours de ces dernières années, elle est devenue incontournable, avec ses découvertes importantes.

I.4.1 Intérêt de la biologie moléculaire

De nos jours, l'importance de la biologie moléculaire n'est plus à démontrer. C'est grâce à elle que les systématiciens ont pu discriminer des taxons par la méthode d'hybridation ADN-ADN, pour pouvoir évaluer la divergence génétique entre deux espèces par la comparaison de la température dissociation de leurs ADN (Sibley et Ahlquist, 1991). Actuellement, il est possible de corréliser la structure génétique d'un insecte phytophage avec la distribution de ses plantes hôtes comme fut le cas de *Caryedon serratus* (Sembène *et al.*, 2012). La biologie moléculaire a permis la diagnose d'espèce affine ou cryptique d'insectes d'importance agronomique ou médicale (Harry *et al.*, 1998). A cela s'ajoute la caractérisation des populations, des races d'hôtes, des espèces ou des complexes d'espèces pour élaborer des stratégies de lutte biologique ou intégrée contre les insectes ravageurs des plantes cultivées (Sembène et Delobel, 1998).

I.4.2 Marqueurs moléculaires

Les marqueurs sont des fragments d'ADN, qui servent de repère pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à une autre. Ils sont utilisés pour suivre l'ensemble du génome ou pour nous renseigner sur la transmission de gènes qui leurs sont associés. Grâce à ceci, l'identification de groupes d'individus pourra se faire pour la gestion de la diversité génétique inter et intra population (Boichard *et al.*, 1998). Dès lors on peut se poser la question à savoir, comment doit être un bon marqueur ? Ainsi, selon Vienne (1998) un marqueur doit être polymorphe, multiallélique, codominant, non épistatique, neutre, insensible au milieu. En effet, on peut distinguer deux types de marqueurs selon leur origine cellulaire : les marqueurs nucléaires et les marqueurs mitochondriaux.

CHAPITRE II :

Caractérisation morphométrique des populations de *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : *curculionidae*) infestant des types de maïs en Afrique de l'Ouest et en Afrique Centrale

CHAPITRE II : CARACTERISATION MORPHOMETRIQUE DES POPULATIONS DE *SITOPHILUS ZEAMAI*S MOTSCHULSKY (COLEOPTERA : CURCULIONIDAE) INFESTANT DES TYPES DE MAÏS EN AFRIQUE DE L'OUEST ET EN AFRIQUE CENTRALE.

Introduction

Le maïs (*Zea mays*, famille des Poacées) est une céréale cultivée dans diverses zones agro-écologiques, seul ou en association avec la plupart des cultures (Escalante *et al.*, 2012). Sa production permet de traverser les périodes de soudure en zone rurale. Cependant, le maïs est attaqué dès le champ et pendant le stockage par des insectes ravageurs comme *Sitophilus zeamais* (Motschulsky). Ce ravageur primaire du maïs peut occasionner des pertes qualitatives et quantitatives (Ngamo *et al.*, 2007) et favoriser ainsi la colonisation des stocks par des ravageurs secondaires et des champignons producteurs de toxine à l'image d'*Aspergillus flavus* (Gueye *et al.*, 2011). Ces différents dégâts réduisent la qualité du grain et le rendent impropre à la consommation (Waongo *et al.*, 2013). Cependant, l'estimation des pertes causées par *S. zeamais* est très souvent difficile du fait de leur grande variabilité qui peut être liée aux conditions agro-écologiques, à la période de récolte (Delobel et Tran, 1993 ; Ngamo *et al.*, 2007) et même à la variété de maïs (Stoll, 2000 ; Ngamo *et al.*, 2007).

Sitophilus zeamais est un insecte cosmopolite très adapté aux températures et aux humidités élevées (Délobel et Tran, 1993). Il est largement réparti dans les régions tropicales où il s'attaque aux récoltes sur pied (Anonyme, 2013). En Afrique, il est particulièrement répandu sur du maïs (Délobel et Tran, 1993). Cependant, certains pays d'Afrique présentent des conditions agro-climatiques et agro-écologiques différentes les unes des autres et ne cultivent pas les mêmes variétés de maïs. Alors que les caractères biodémographiques affectent la vigueur biologique de l'insecte (Danho et Haubruge, 2003). En plus de cela les facteurs environnementaux, y compris les pratiques agronomiques (types d'engrais, pratiques culturales), influencent la composition du grain (FAO, 1998) qui peut à son tour influencer la morphologie jusqu'à même la génétique de la population d'insectes qui l'infeste comme le cas de *Caryedon serratus* (Sembène, 2000). Ce contexte nous a menés à se demander d'abord si *S. zeamais* a la même morphologie au niveau des différentes zones agro-écologiques en Afrique de l'Ouest et en Afrique Centrale où le maïs est cultivé en grande quantité.

Dans le but de répondre à cette question scientifique, la présente étude vise à déterminer l'existence de groupes morphométriques de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et en Afrique

Centrale selon deux facteurs : la localisation géographique (pays échantionné) et la variété de maïs.

II.1 Matériel et méthodes

II.1.1 Echantillonnage

Les zones de l'étude ont été choisies selon les pays producteurs de maïs, de l'infestation, en tenant compte de la position géographique. Ainsi, l'échantillonnage a été effectué dans six pays d'Afrique de l'Ouest et deux pays d'Afrique Centrale tableau I :

Tableau I: tableau des pays échantillonnés

Pays	Coordonnées géographiques	
	Latitude	Longitude
Sénégal	12°00' - 16°30' Nord	11°30' - 17°30' Ouest
Guinée Conakry	07°05' - 12°51' Nord	07°30' - 15°10' Ouest
Mali	10°00' - 25°00' Nord	4°00' Est - 12°00' Ouest
Côte d'Ivoire	04°30' - 10°30' Nord	2°30' - 8°30' Ouest
Niger	12°00' - 23°00' Nord	0°00' - 16°00' Est
Ghana	04°44' - 11°11' Nord	01°11' Est - 3°11' Ouest
Cameroun	02°00' - 13°00' Nord	09°00' - 16°00' Est
République Centrafricaine	03°00' - 11°00' Nord	14°00' - 27°00' Est

Dans notre stratégie d'échantillonnage, des collectes de maïs ont été réalisées au niveau des infrastructures de stockage de ces pays et mises dans des sachets en plastique. Ces dernières sont ramenées à l'insectarium du laboratoire d'entomologie et d'acarologie du département de biologie animale de l'UCAD et transférées dans des bocaux, afin de réaliser l'élevage de masse. Les adultes de *S. zeamais* qui ont émergé sont par la suite collectés et conservés dans de l'alcool 90% dans des tubes à essais spécifiques aux différentes populations. Chaque individu d'un échantillon est codifié, en utilisant la première lettre du nom de genre en majuscule suivie des deux premières lettres du pays d'origine (la première lettre en majuscule et la deuxième en minuscule), de la couleur du type de maïs et enfin d'un numéro d'ordre. Par exemple le code SSeJ1 représente un individu de *Sitophilus zeamais* issu du Sénégal, sur du maïs de couleur jaune, avec comme numéro d'ordre 1 (tableau II).

Tableau II: tableau récapitulatif de l'échantillonnage.

Pays	Types de maïs	Nombre d'échantillons	Code d'échantillonnage
Sénégal	jaune	30	SSeJ
	blanc	30	SSeB
Guinée Conakry	jaune	30	SGuJ
Mali	jaune	30	SMaJ
	blanc	30	SMaB
Côte d'Ivoire	blanc	30	SCoB
	rouge	30	SCoR
Niger	blanc	30	SNiB
Ghana	jaune	30	SGaJ
Cameroun	blanc	30	SCaB
	orange	30	SCaO
République Centrafricaine	blanc	30	SRCB

II.1.2 Etude morphométrique

Le matériel biologique utilisé pour la morphométrie est composé de mâles de *Sitophilus zeamais* issus de l'élevage de masse sur du maïs. L'utilisation des mâles pour l'étude morphométrique s'explique du fait que les femelles pouvant être gravites changent de morphologie et ainsi biaiser les mesures. L'identification du mâle par rapport à la femelle se fait en se basant sur des critères établis par l'étude de Delobel et Tran (1993) sur les insectes des denrées alimentaires. Le rostre du mâle est plus court et plus épais, mais moins lisse que celui de la femelle ; la face ventrale de l'abdomen est concave à l'apex chez le mâle, à peu près plane chez la femelle. L'insecte est sorti de l'alcool avec une pince, mis dans de l'eau distillée, puis transféré sur du papier essui pour être séché (le papier aspire l'eau dans laquelle est trempé l'insecte). Il est par la suite placé sur un papier millimétré se trouvant sur une loupe binoculaire, pour procéder aux mensurations. L'insecte est d'abord disséqué à l'aide de pinces en séparant ses trois tagmas à savoir la tête, le thorax et l'abdomen. Chaque tagma est par la suite séparée de ses différents articles. Au total seize (16) variables sont mesurées avec un degré de précision raisonnable (± 1 mm) (tableau III).

Tableau III: variables mesurées.

Variables mesurées		
Tête	Thorax	Abdomen
Longueur du rostre (Lr)	Longueur du pronotum (Lop)	Largeur pygidium (lpy)
Largeur du rostre (Lar)	Largeur du pronotum (Lap)	Epaisseur pygidium (Epy)
Longueur de l'antenne (Lan)	Longueur de l'aile (Loa)	Longueur du premier sternum (Los1)
	Longueur de l'élytre (Loe)	
	Largeur de l'élytre (Lae)	
	Longueur tibia 3 (LT3)	
	Longueur fémur 3 (Lf3)	
	Longueur coxa 3 (Lc3)	
	Longueur tarse 3 (Lt3)	

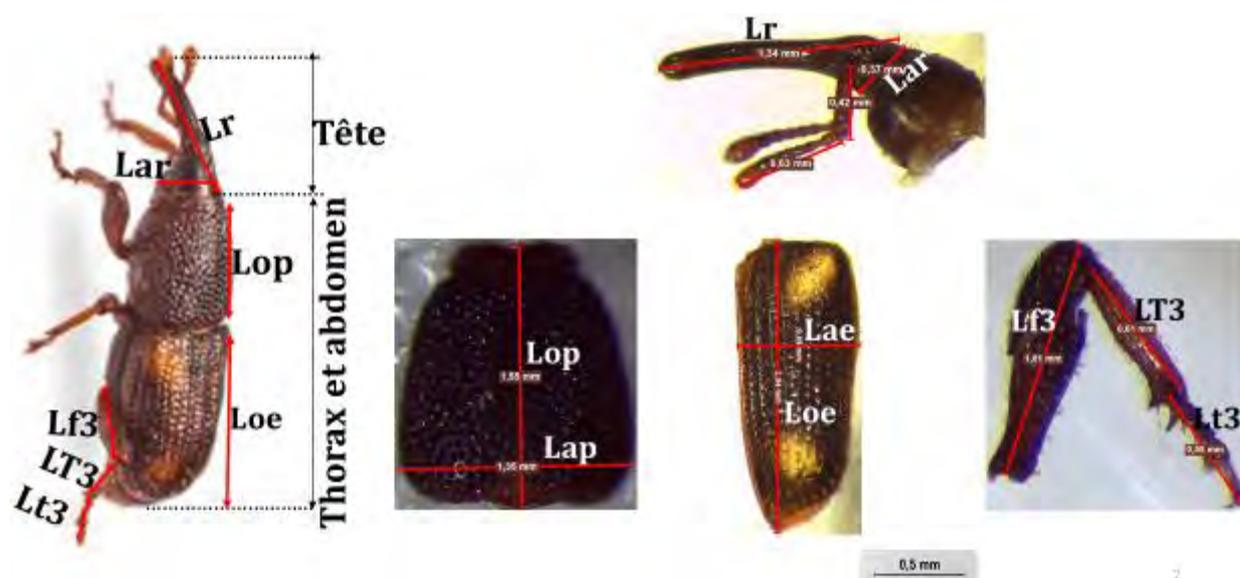


Figure 14 : illustration des variables mesurées.

II.1.3 Analyses statistiques

II.1.3.1 Mensurations brutes

Après le choix du nombre d'axes à retenir, selon le critère du coude (qui permet d'obtenir le meilleur plan factoriel), une analyse en composante principale (ACP) et une analyse factorielle discriminante (AFD) des populations avec les mensurations brutes des variables en fonction de la localisation géographique et des types de maïs échantillonnés sont réalisées avec

le logiciel R version 3.2.3 de R Core Team (2014). L'ACP a pour but de sortir la contribution des variables sur chaque axe factoriel, de visualiser les corrélations entre les variables. L'AFD des populations est effectuée avec les variables dont leur contribution est supérieure ou égale à $(1/P) \times 100$. L'AFD permet de quantifier la discrimination des populations selon les différents axes retenus.

II.1.3.2 Mensurations transformées

➤ Effet taille et transformation des données

L'effet taille se traduit par un cercle de corrélation qui regroupe toutes les variables dans un seul plan pour un axe donné. Il s'agit d'un effet importun, dont les études métriques cherchent à s'affranchir (Santos, 2015). Le principe est donc d'éliminer cet effet et de ramener tous les individus à la même taille, afin de n'observer sur l'ACP que des différences de forme. L'élimination de l'effet taille dans cette étude a été réalisée selon la démarche proposée par Darroch et Mossiman (1985) ; Santos (2015) ; Dia *et al.* (2017) ; Sarr *et al.* (2017) ; Dia *et al.* (2018)

- Log-transformation des données : notre tableau de données initiales est constitué des variables X_1, X_2, \dots, X_p , nous avons créé par la suite un nouveau tableau de données constitué des variables $\log(X_1), \log(X_2), \dots, \log(X_p)$;

- pour chaque individu, nous avons calculé la moyenne sur l'ensemble des variables log-transformées. Nous considérons que ce score moyen constitue une bonne idée de la « taille » pour cet individu ;

- enfin, pour chaque individu, nous avons retranché à chacune de ces mensurations brutes la taille moyenne obtenue avec les log-transformés.

L'effet taille est ainsi éliminé et seule la différence de forme sera observée sur l'ACP. La diminution du poids du facteur (Taille) entraîne une baisse de la discrimination globale. Cette transformation a été réalisée sous Excel version 2010.

II.1.3.2.1 Analyse factorielle discriminante

Des analyses factorielles discriminantes (AFD) des populations avec les données transformées des variables selon la localisation géographique et le type de maïs échantillonné ont été réalisées avec le logiciel R version 3.2.3. Elle est aussi effectuée avec les variables dont leur contribution est supérieure ou égale à $(1/P) \times 100$. Elle a pour but de voir le meilleur facteur de regroupement (localisation géographique et le type de maïs) des individus selon leur morphologie.

II.1.3.2.2 Détermination des variables discriminant les populations

Pour déterminer les variables qui différencient significativement la morphologie des populations, un test de normalité de Shapiro-Wilk des données est tout d'abord effectué sur chaque log-variable transformée. Lorsque la *p-value* du test est inférieure à 0,05 (le cas de toutes les log-variables transformés de cette étude), les données du log-transformé correspondante ne suivent pas la loi normale et le test de Kruskal-Wallis (non paramétrique) est réalisé pour une comparaison multiple des rangs moyens des populations de la variable correspondante. Le test de Wilcoxon (non paramétrique) avec l'ajustement de Bonferroni est réalisé pour tester la significativité des écarts de rangs moyens des log-variables transformés par paire de populations.

II.1.3.2. 3 Analyse factorielle de correspondances (AFC)

L'analyse factorielle de correspondances (AFC) est une méthode d'analyse multivariée utilisée le plus souvent en génétique des populations. Cette méthode considère les fréquences alléliques de toutes les populations aux différents loci comme variables (Hoda et Marsan, 2012). Dans notre étude morphométrique, les log-variables transformées sont considérées comme des loci, afin de tester d'éventuelles similarités métriques entre les populations. A cet effet, une représentation graphique est produite à partir des mensurations transformées en utilisant le programme Genetix version 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004).

II.1.3.2.4 Matrice de confusion pour les résultats de la validation croisée

La matrice de confusion récapitule les reclassements des individus pour en déduire les taux de bon et de mauvais classement. Ceci permet de déterminer le «pourcentage (%) correct » qui est le rapport du nombre d'individus bien classées au nombre total d'individus. La validation croisée est appliquée sur les log-transformés avec le logiciel XLSTAT version 2016.03.30882 (Addinsoft, 2016).

II.1.3.2.5 Classification ascendante hiérarchique (CAH)

La classification ascendante hiérarchique permet de dégager à *posteriori* des classes qui ne sont pas évidentes à *priori*. Elle consiste à regrouper les individus selon leur ressemblance et à les séparer selon leur dissemblance, grâce à la tronçature. Elle a pour but d'identifier les groupes morphologiquement homogènes du point de vue des variables. Elle a été réalisée avec le logiciel XLSTAT version 2016.03.30882 (Addinsoft, 2016).

II.2 Résultats et discussion

II.2.1 Résultats

II.2.1.1 Mensurations brutes

II.2.1.1.1 Choix du nombre d'axes à retenir

Pour obtenir le nombre d'axes à retenir, nous avons utilisé le critère du coude. Ce critère a pour but d'obtenir le maximum d'inertie conservée avec le minimum de facteurs. Dans notre étude deux axes sont retenus, car la coupure (le coude) a lieu à $K=2$ (figure 15).

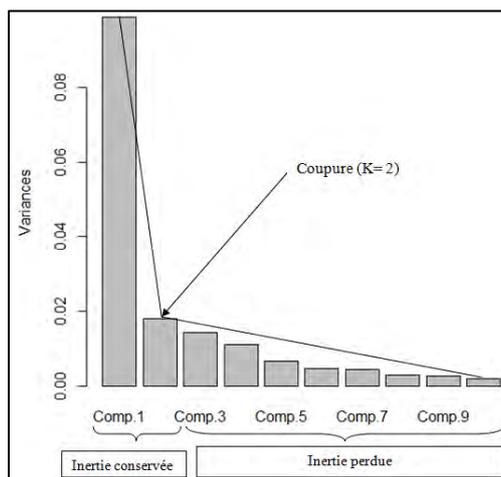


Figure 15 : Choix du nombre de facteurs.

II.2.1.1.2 Analyse en composante principale

➤ Populations issues du maïs jaune

L'analyse en composante principale révèle que les deux premiers axes factoriels (dimensions) expliquent au mieux la variabilité morphométrique avec 43,8% de pourcentage d'inertie. Les variables telles que Lae ($F_1=13,2$), Loe ($F_1=11,24$), LT3 ($F_1=10,5$), Loa ($F_1=9,77$), Lap ($F_1=8,76$), Lr ($F_1=7,39$), Los1 ($F_1=7,53$) et Lan ($F_1=7,25$) participent largement à la construction du premier axe factoriel avec 30,86% du pouvoir d'inertie (Figure 15). D'autres telles que Lar ($F_1=6,23$), Epy ($F_1=4,64$), Lop ($F_1=3,81$), Laa ($F_1=3,64$), Lpy ($F_1=2,79$), Lf3 ($F_1=2,63$), Lc3 ($F_1=0,56$) et Lt3 ($F_1=0,10$) contribuent faiblement à la construction de cet axe factoriel. L'axe factoriel deux (Dim 2) avec un pourcentage d'inertie faible (12,91%) est construit par les variables Lpy ($F_2=17,5$), Lar ($F_2=17,4$), Lop ($F_2=12,2$), Epy ($F_2=12,1$), Lr ($F_2=8,16$), Lap ($F_2=7,64$), Los1 ($F_2=6,92$) et Laa ($F_2=6,7$). Les autres variables telles que Lan ($F_2=5,76$), Lt3 ($F_2=2$), Loa ($F_2=1,47$), Lae ($F_2=0,66$), Lf3 ($F_2=0,5$), Lc3 ($F_2=0,37$), Loe ($F_2=0,33$), LT3 ($F_2=0,32$) contribuent faiblement à la construction de cet axe. Sur le premier axe factoriel toutes les variables à l'exception de Lc3 sont positivement corrélées car elles ont le même signe. Visiblement l'effet taille a affecté notre ACP (Figure 16).

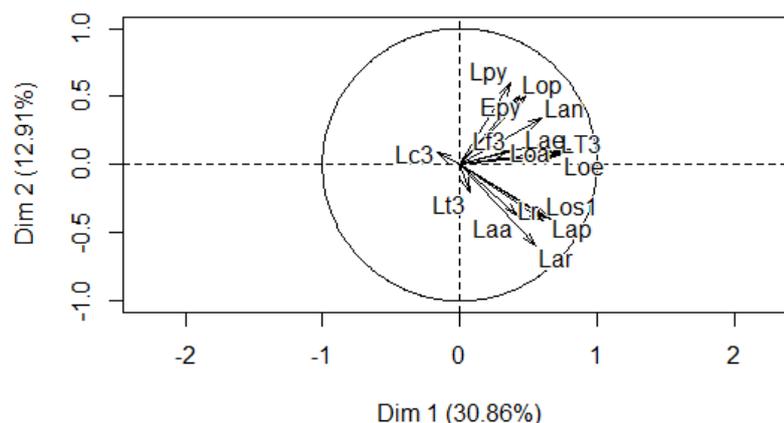


Figure 16 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données brutes des populations issues du maïs jaune.

➤ **Populations issues du maïs blanc.**

L'analyse en composantes principales révèle que les deux premiers axes factoriels (dimensions) expliquent au mieux la variabilité morphométrique avec 60,93% de pourcentage d'inertie. Les variables telles que Loa (F1=10), Lr (F1=9,69), Lf3 (F1=9,15), Loe (F1=8,83), Lop (F1=7,94), LT3 (F1= 7,74) et Lae (F1=7) contribuent largement à la construction du premier axe factoriel avec 51,78 % du pourcentage d'inertie. Les autres comme Lan (F1=6,08), Laa (F1=5,97), Lpy (F1= 5,86), Lap (F1=5,78), Lar (F1=5,60), Epy (F1=5,50), Lt3 (F1=4,16), Los1 (F1=0,6), LC3 (F1=1,5.10⁻²⁹) participent faiblement à la construction de cet axe. Le deuxième axe factoriel avec un pouvoir d'inertie de 9,15%, est construit majoritairement par les variables, Los1 (F2=41), Laa (F2=10,4), Lt3 (F2=10,1) et Lop (F2=6,91). Les autres telles que Lap (F2=6), Lpy (F2=4,18), Loe (F2=3,56), Epy (F2=1,29), Lae (F2=1,31), Lar (F2=1,06), LT3 (F2=0,82), Lan (F2=0,08), Lf3 (F2=0,02), Loa (F2=0,02), Lr (F2=4,72.10⁻²) et Lc3 (F2=1,06.10⁻²⁴) contribuent faiblement suivant l'axe 2. Suivant le premier axe factoriel toutes les variables se sont regroupées dans un seul plan et sont ainsi positivement corrélées. Visiblement l'effet taille a affecté notre ACP (Figure 17).

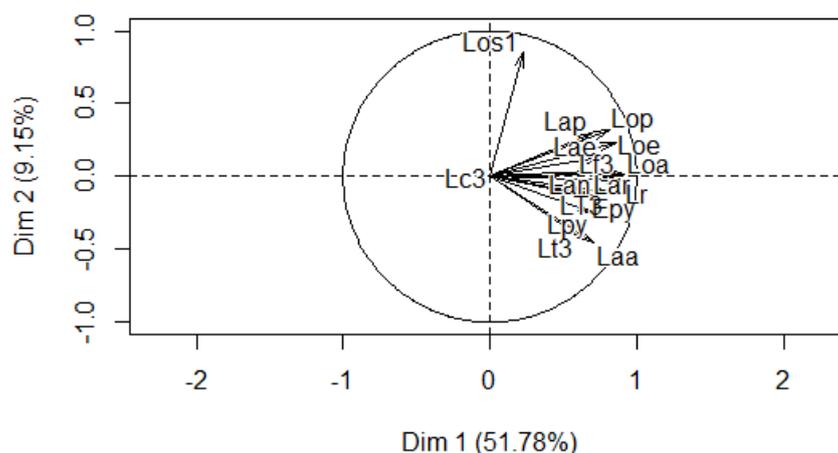


Figure 17 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données brutes des populations issues du maïs blanc.

II.2.1.1.3 Discrimination des populations

➤ Issues du maïs jaune

La meilleure qualité de représentation de l'analyse factorielle discriminante (AFD) est obtenue par le plan formé par les deux premiers axes factoriels (Dim1 et Dim2) avec 52,58% du pourcentage d'inertie (figure 18). L'AFD des populations est effectuée avec les variables dont leur contribution est supérieure ou égale à $(1/P) \times 100^2$ (les composantes principales). Ces variables sont la Lr, Lar, Lan, Lop, Lap, Loe, Lae, Loa, Laa, LT3, Lpy, Epy et Los1. La meilleure qualité de représentation est obtenue par le plan formé par les deux premiers axes factoriels (Dim1 et Dim2) avec 52,58% du pourcentage d'inertie (Figure 18). Suivant le premier axe factoriel (Dim1), avec un pourcentage d'inertie de 36,96 %, deux groupes morphométriques se sont distingués avec une zone d'introgression. Il s'agit d'une part du groupe formé par les individus des populations du Mali, de la Guinée et d'autre part du groupe constitué par les individus des populations du Sénégal et du Ghana. Le deuxième axe factoriel avec un pourcentage d'inertie de 15,62% discrimine d'une part les individus de la population du Mali de ceux de la Guinée et d'autre part les individus de la population du Sénégal de ceux du Ghana (Figure 18).

² $(1/P) \times 100$ avec P étant le nombre de variables qui est égal à 16 variables.

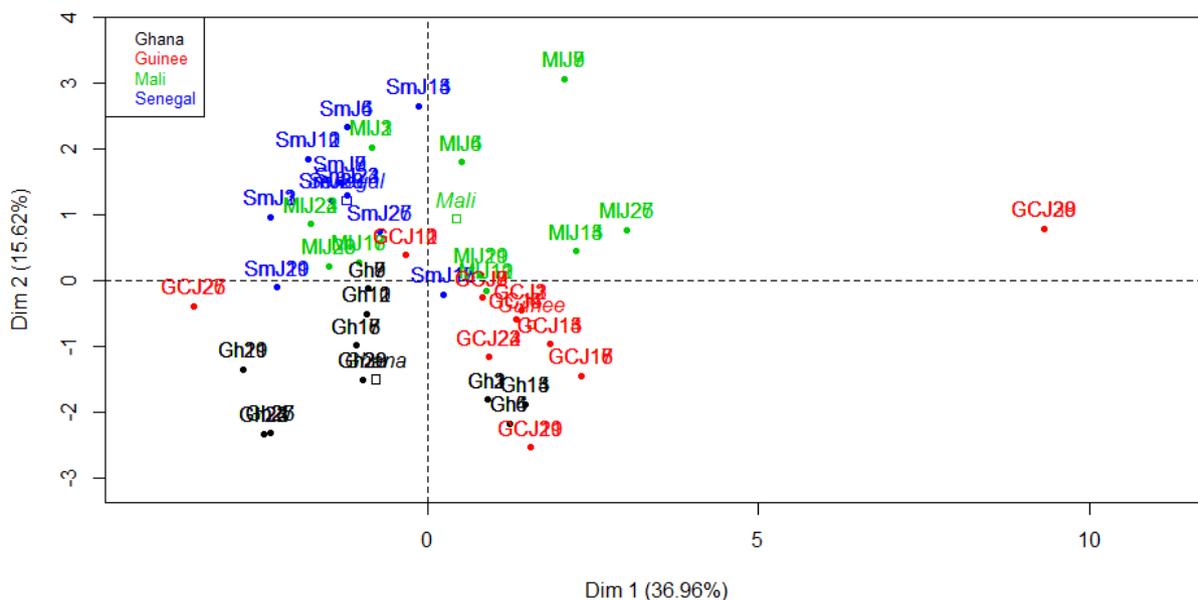


Figure 18 : Représentation dsans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* issues du maïs jaune.

➤ **Issues du maïs blanc**

La meilleure qualité de représentation de l'analyse factorielle discriminante est aussi obtenue par le plan formé par les deux premiers axes factoriels (Dim1 et Dim2) avec 74,91% du pourcentage d'inertie (Figure 19). L'AFD des populations est effectuée avec les composantes principales telles que Lr, Lop, Loe, Lae, Loa, Laa, Lf3, LT3, Lt3 et Los1. La meilleure qualité de représentation est aussi obtenue par le plan formé par les deux premiers axes factoriels (Dim1 et Dim2) avec 74,91% de pourcentage d'inertie (Figure19). Suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 61,28 % deux groupes morphométriques se sont partiellement distingués avec une zone d'introgression. Ces deux groupes sont d'une part les individus des populations du Sénégal, de la Côte d'Ivoire, et de la RCA, d'autre part ceux du Cameroun, du Mali et du Niger (Figure 19). Le deuxième axe factoriel, avec un pourcentage d'inertie de 13,63% discrimine les individus de la population du Niger de ceux du Cameroun et du Mali. Ce même axe discrimine aussi les individus de la RCA de ceux du Sénégal et de la Côte d'Ivoire (Figure 19).

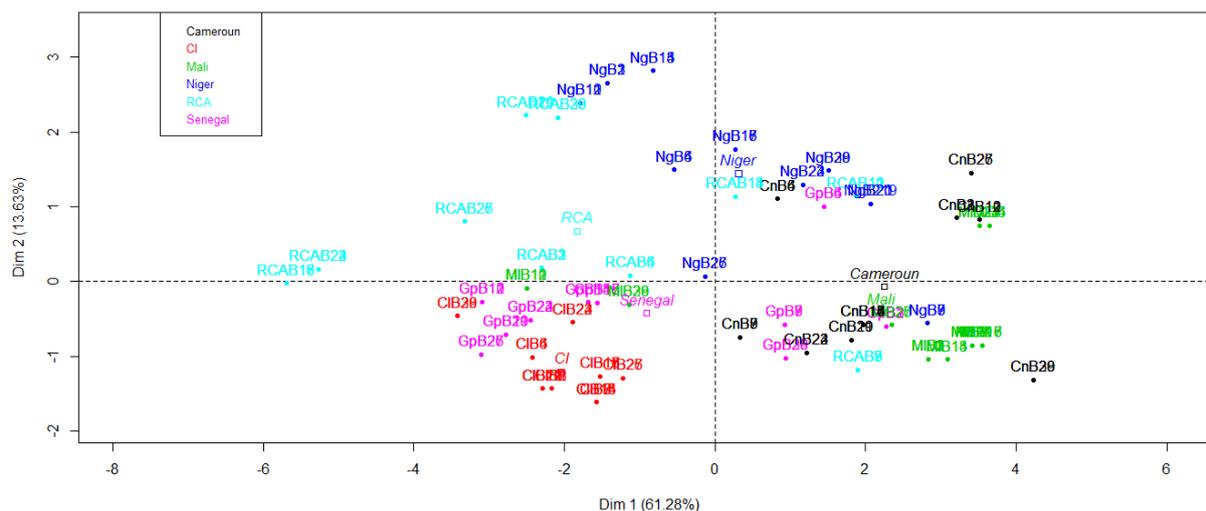


Figure 19 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de *Sitophilus zeamais* définies issues du maïs blanc.

II.2.1.1.4 Analyse en composante principale dans chaque pays

L’analyse en composantes principales révèle aussi que les deux premiers axes factoriels (dimensions) expliquent au mieux la variabilité morphométrique.

Au **Sénégal**, où les individus proviennent de deux types de maïs (maïs jaune et blanc), les deux premiers axes factoriels expliquent 55,37% de la variabilité. Les variables telles que Lae (F1= 13,7), Lr (F1= 13,4), Lap (F1= 10,3), Lop (F1= 10,1), Loa (F1=10), Lf3 (F1= 9,65), Loe (F1=9,14) et Lt3 (F1= 8,32) contribuent largement à la construction du premier axe avec 35,77% de pourcentage d’inertie. Les autres telles que LT3 (F1= 5,86), Lar (F1= 3,96), Los1 (F1= 2,46), Lan (F1= 0,78), Lc3 (F1= 0,61), Laa (F1= 0,59), Epy (F1= 0,48) et Lpy (F1= 0,47) participent faiblement à la construction de cet axe. Suivant le deuxième axe factoriel avec 19,60% de pourcentage d’inertie, les variables qui contribuent significativement à sa construction sont : Lpy (F2= 23,7), Laa (F2= 23,3), Lar (F2= 15,1) et Lan (F2= 9,09). Les autres comme Lc3 (F2= 5,86), Lop (F2= 4,71), LT3 (F2= 4,24), Epy (F2= 2,39), Loe (F2= 2,39), Lf3 (F2= 1,87), Lt3 (F2= 1,81), Lap (F2= 1,47), Lae (F2= 0,23), Loa (F2= 0,07) et Lr (F2= 0,03) y contribuent faiblement (Figure 20).

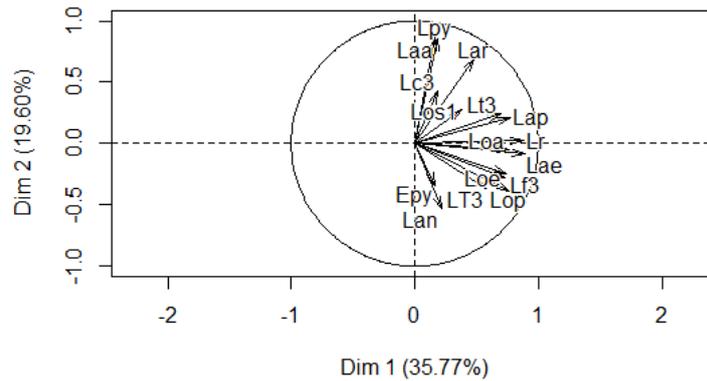


Figure 20 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Sénégal.

Au **Mali**, où les individus se sont émergés sur du maïs jaune et sur du maïs blanc, les deux axes factoriels décrivent 65,09% de la variabilité. Suivant le premier axe factoriel, avec 54,08% de pouvoir d'inertie les variables telles que Laa (F1= 9,78), Lr (F1= 9,65), Loa (F1= 9,54), Loe (F1= 9,10), Lae (F1= 8,29), LT3 (F1= 7,67), Lpy (F1= 7,63), Lan (F1= 7,60) et Epy (F1= 7,07), contribuent largement à sa construction. Par contre les autres y participent faiblement. C'est le cas de Lap (F1= 5,72), Lt3 (F1=5,04), Lar (F1= 4,82), Lf3 (F1= 3,49), Lop (F1= 2,58), Lc3 (F1= 1,2) et Los1 (F1=0,79). Sur le deuxième axe, pour un pourcentage d'inertie de l'ordre de 11,01%, les variables telles que Lop (F2= 32,6), Lf3 (F2= 24,5), Lc3 (F2= 11,3), Epy (F2= 9,06) et Lt3 (F2= 6,60) contribuent largement à la construction de l'axe. Les autres comme Los1 (F2= 4,48), Lpy (F2= 2,29), Lan (F2= 2,29), Loe (F2= 2,02), Lap (F2= 1,83), Lar (F2= 0,88), Lae (F2=0,68), Laa (F2= 0,60), Loa (F2=0,20), Lr (F2= 0,20) et LT3 (F2= 0,05) y participent faiblement (Figure 21).

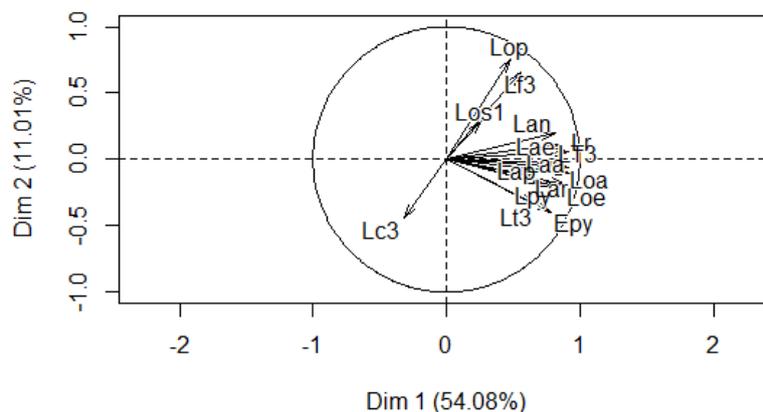


Figure 21 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Mali.

En **Côte d'Ivoire**, où les individus sont issus sur du maïs blanc et du rouge, les deux axes factoriels relatent 64,26% de leur variabilité morphométrique totale. Suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 51,76%, les variables, Loa (F1= 11,5), Lf3 (F1= 10,8), Lar (F1=10,8), Los1 (F1= 10,8), Loe (F1= 8,82), Lr (F1= 8,26), LT3 (F1= 7,38), Lap (F1= 7,16) et Lop (F1= 6,80) participent largement à la construction de cet axe. Les autres variables comme Laa (F1= 6,13), Lae (F1= 5,46), Epy (F1= 4,82), Lt3 (F1= 0,98), Lpy (F1= 0,28), Lan (F1= 1,60.10⁻²⁸) et Lc3 (F1= 1,58.10⁻²⁸) contribuent faiblement dans la construction de cet axe. Sur le deuxième axe factoriel, avec un pourcentage d'inertie de 12,50%, les variables qui contribuent à la construction de l'axe, sont Lc3 (F2= 50) et Lan (F2= 50). Les autres variables telles que Lpy (F2= 1,07.10⁻²⁵), Lop (F2= 7,93.10⁻²⁶), LT3 (F2= 5,57.10⁻²⁶), Epy (F2= 4,99.10⁻²⁶), Los1 (F2= 3,11.10⁻²⁶), Lf3 (F2= 2,58.10⁻²⁶), Laa (F2= 2,19.10⁻²⁶), Lt3 (F2= 1,63.10⁻²⁶), Loe (F2= 1,5.10⁻²⁶), Lar (F2= 3,54.10⁻²⁷), Lae (F2= 3,47.10⁻²⁷), Loa (F2= 2,06.10⁻²⁷), Lr (F2= 1,28. 10⁻²⁷) et Lap (F2= 9,17.10⁻²⁸) y participent très faiblement (Figure 22).

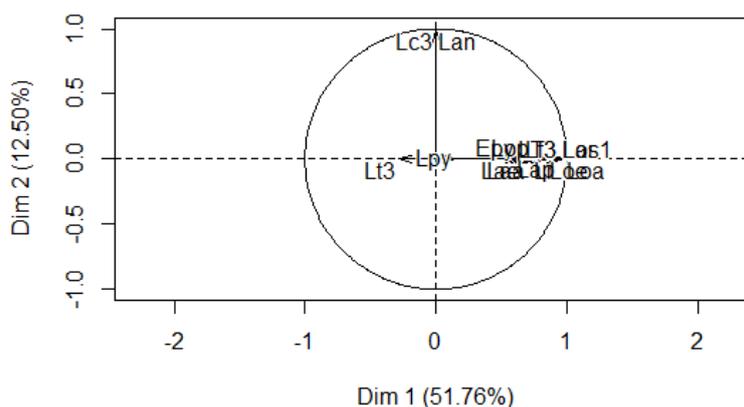


Figure 22 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* de la Côte d'Ivoire.

Au **Cameroun**, où les individus proviennent sur du maïs orange et du maïs blanc, les deux axes factoriels expliquent 53,88% de leur variabilité morphométrique totale. Suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de l'ordre de 42,67%, les variables, Laa (F1= 11,9), Loa (F1= 11,1), Lap (F1= 11,1), Lpy (F1= 9,65), Lr (F1= 9,61), Lop (F1= 8,71), Epy (F1= 8,09) et Lae (F1= 6,71) contribuent largement à la construction de cet axe. Les autres, telles que Lar (F1= 5,61), LT3 (F1= 4,47), Lf3 (F1= 2,92), Loe (F1= 2,73), Lt3 (F1= 2,26), Lan (F1=2,12), Los1 (F1= 1,99) et Lc3 (F1= 1,72) y participent faiblement. Pour la construction du deuxième axe factoriel les variables qui y contribuent largement, sont Loe (F2= 17,7), Lf3 (F2= 12,7), Lt3 (F2= 11,3), Los1 (F2= 11,3), Lpy (F2= 9,38), Lap (F2= 8,09), LT3 (F2= 6,32), pour un pourcentage d'inertie de l'ordre de 11,21%. Par contre, les variables telles que Laa (F2= 5,66), Lae (F2= 5,56), Lar (F2= 4,87), Lop (F2= 3,97), Lan (F2= 1,76), Lr (F2= 0,87), Loa (F2=

0,51), Epy (F2 = 0,017) et Lc3 (F2= 8,24.10⁻²⁶) participent faiblement à la construction du deuxième axe (Figure 23).

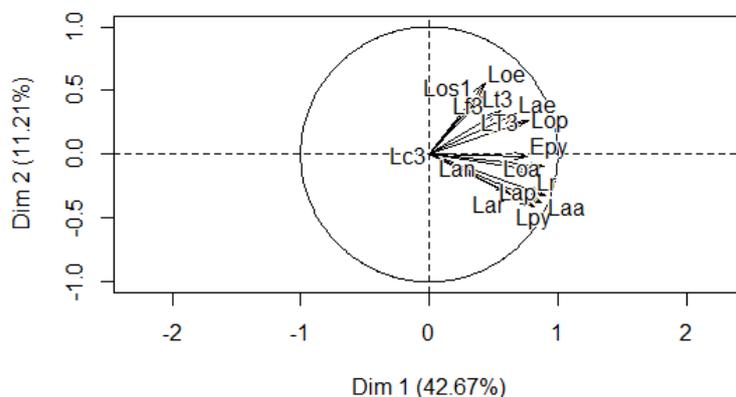


Figure 23 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Cameroun.

II.2.1.1.5 Discrimination morphologique des populations selon les types de maïs

L'analyse factorielle discriminante des populations selon les types de maïs a été effectuée en utilisant les variables qui contribuent significativement. Pour les différents pays, la meilleure qualité de représentation est obtenue suivant le plan formé par les deux premiers axes (Dim1 et Dim 2).

Au **Sénégal**, suivant les deux axes factoriels, pour un pourcentage d'inertie de 70,60%, les individus issus du maïs blanc et du jaune se discriminent faiblement, avec une zone d'introgression très importante (Figure 24).

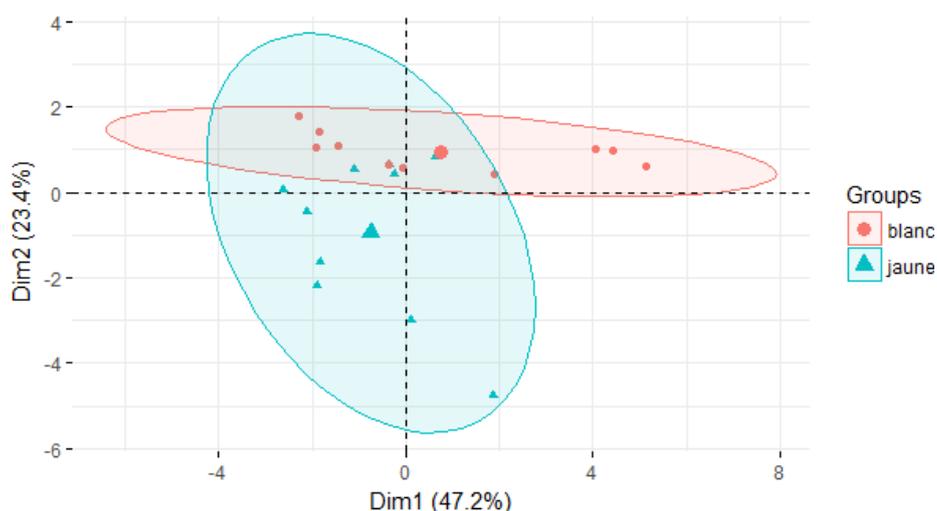


Figure 24 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Sénégal.

Le même constat est observé au **Mali**, pour les individus issus du maïs blanc et du maïs Jaune avec un pourcentage d'inertie de 72,60% (Figure 25).

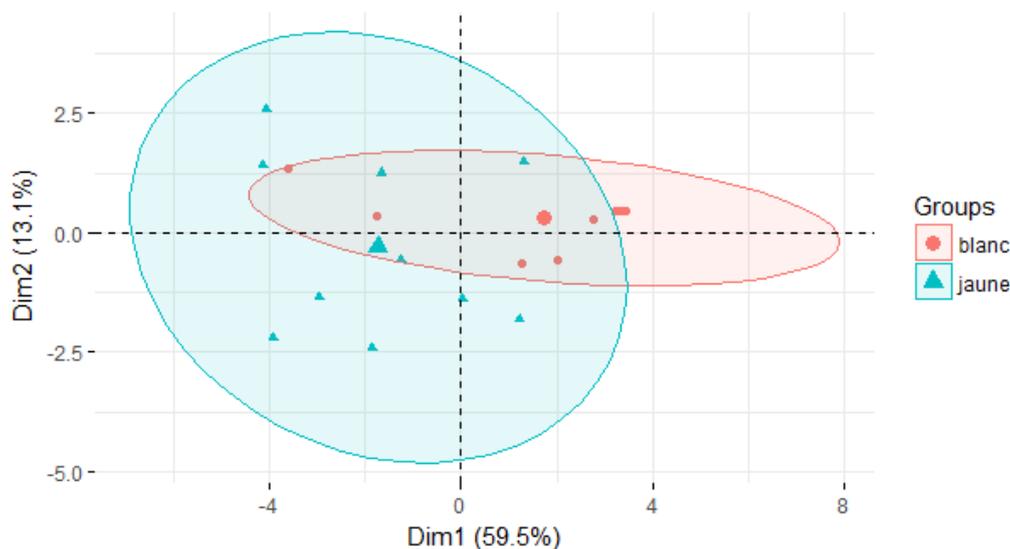


Figure 25 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Mali.

En **Côte d'Ivoire**, le premier axe factoriel pour un pouvoir d'inertie de l'ordre de 61,60% différencie nettement les individus issus du maïs blanc de ceux provenant du maïs rouge (Figure 26).

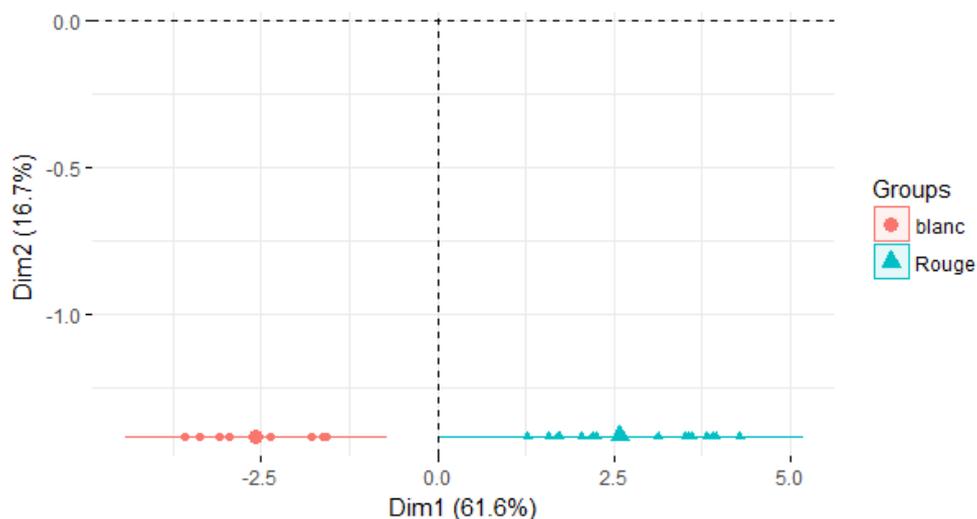


Figure 26 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* de la Côte d'Ivoire.

Au **Cameroun**, le premier axe factoriel discrimine les individus provenant sur du maïs blanc de ceux issus sur du maïs orange avec un pourcentage d'inertie de 48,8% (Figure 27).

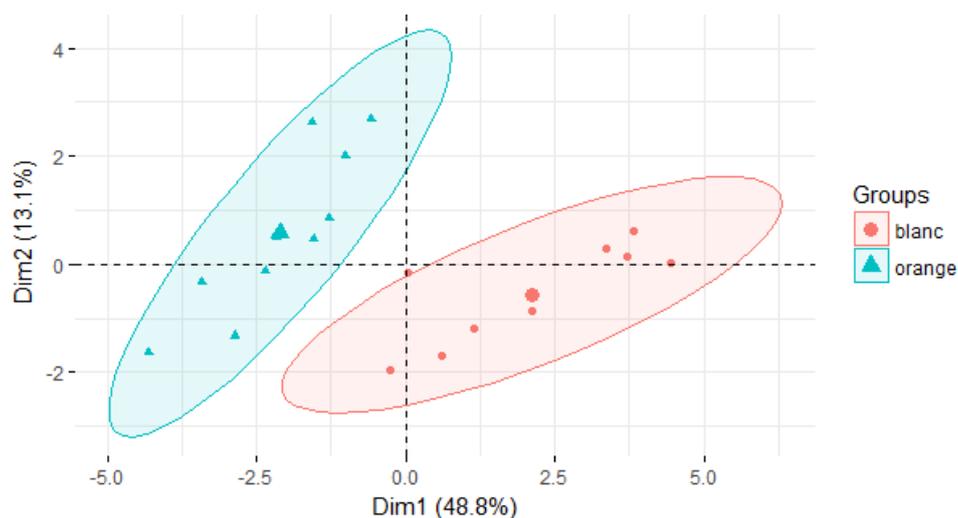


Figure 27 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* du Cameroun.

II.2.1.2 Mensurations transformées

II.2.1.2.1 Choix du nombre d'axes à retenir après transformation des données

Après transformation des données, le nombre d'axes retenu avec le critère du coude est le même qu'avant transformation (Figure 28).

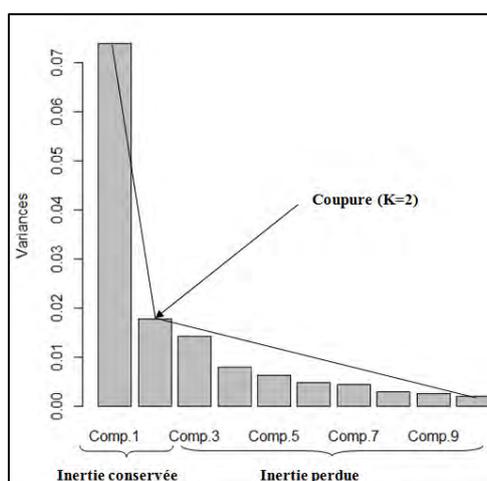


Figure 28 : choix du nombre de facteurs après transformations des données.

II.2.1.2.2 Analyse en composante principale des variables transformées

➤ Populations issues du maïs jaune

L'analyse en composantes principales a révélé qu'après transformation des données, le premier axe factoriel a perdu 8,08% de son pourcentage d'inertie. Par contre le pourcentage d'inertie du deuxième axe factoriel a augmenté de 3,46%. Ce qui fait que le pourcentage d'inertie des deux premiers axes est égal à 39,17%. La meilleure qualité de représentation est toujours obtenue par ces deux premiers axes. Sur le premier axe factoriel, avec un pourcentage

d'inertie de 22,80%, la contribution de certaines variables est inférieure à ce qu'elle était avant transformation. C'est le cas de la longueur de l'aile ($F1= 7,92$), la largeur du pronotum ($F1= 5,31$), la longueur du rostre ($F1= 4,49$), la longueur de l'antenne ($F1= 2,76$), la largeur du rostre ($F1= 1,44$), l'épaisseur du pygidium ($F1= 0,38$), la largeur de l'aile ($F1= 0,37$), la longueur du fémur 3 ($F1= 0,30$), la longueur du pygidium ($F1= 0,25$) et la longueur du pronotum ($F1= 0,01$). Par contre, la contribution de certaines variables a augmenté. C'est le cas de la longueur de l'élytre ($F1= 18,7$), la longueur du tibia 3 ($F1= 17,2$), la largeur de l'élytre ($F1= 17,1$), la longueur du coxa 3 ($F1= 15,5$) et la longueur du tarse 3 ($F1= 5,90$).

Suivant le deuxième axe factoriel (16,37% de pourcentage d'inertie), la contribution de certaines variables a diminué par rapport à ce qu'elle était avant transformation. Ces variables sont la longueur du pygidium ($F2= 15,8$), la longueur du pronotum ($F2= 7,66$), la largeur de l'aile ($F2= 6,55$), la longueur de l'antenne ($F2= 4,06$), la longueur du coxa 3 ($F2= 0,097$) et la longueur du fémur 3 ($F2= 0,006$). Par contre la contribution de certaines variables a augmenté. C'est le cas de la largeur du rostre ($F2= 20,08$), l'épaisseur du pygidium ($F2= 12,8$), la largeur du pronotum ($F2= 8,99$), la longueur du rostre ($F2= 8,56$), la longueur du premier sternum ($F2= 7,76$), la longueur du tarse 3 ($F2= 2,07$), la longueur de l'élytre ($F2= 1,26$) et la longueur du tibia 3 ($F2= 1,29$). L'élimination de l'effet taille est matérialisée par la dispersion des variables de part et d'autre des deux axes (figure 29).

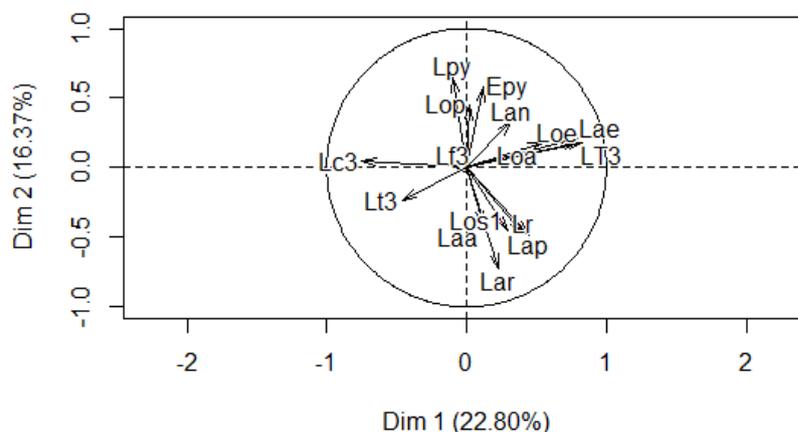


Figure 29 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) avec les données transformées des individus issus du maïs jaune.

➤ **Populations issues du maïs blanc**

L'analyse en composantes principales a révélé qu'après transformation des mensurations des individus issus sur du maïs blanc, le premier axe factoriel a perdu 14,83% de son pourcentage d'inertie. Par contre le pourcentage d'inertie du deuxième axe factoriel a augmenté de 2,37%. Ce qui fait que le pourcentage d'inertie des deux premiers axes est égal à 48,47%. Suivant le premier axe factoriel, avec un pourcentage d'inertie de 36,95%, la contribution de certaines variables est inférieure à ce qu'elle était avant transformation. C'est le cas de la longueur du fémur 3 ($F_1=8,84$), la longueur du tibia 3 ($F_1= 6,05$), la largeur de l'aile ($F_1=5,72$), la largeur du pronotum ($F_1=4,16$), la largeur de l'élytre ($F_1= 3,82$), la longueur du pygidium ($F_1=3,66$), l'épaisseur du pygidium ($F_1=2,16$), la largeur du rostre ($F_1=0,98$) et la longueur du tarse3 ($F_1=0,58$). La contribution de la longueur du coxa3 a largement augmenté de $F_1=1,5.10^{-29}$ à $F_1=16,6$. La contribution des autres a aussi augmenté.

Suivant le deuxième axe factoriel, avec un pourcentage d'inertie de 11,52% la contribution de certaine variable a largement baissé par rapport à ce qu'elle était avant transformation. C'est le cas des variables telles que la longueur du premier sternum ($F_2=29,6$), l'épaisseur du pygidium ($F_2=1,14$), la largeur du rostre ($F_2=2,23.10^{-1}$), la longueur du fémur 3 ($F_2=7,81.10^{-4}$) et la longueur du rostre ($F_2=7,91.10^{-6}$). Par contre la contribution de certaines variables a beaucoup augmenté. C'est le cas de la longueur du tibia3 ($F_2=16$), la largeur de l'aile ($F_2=14,08$), la largeur du pronotum ($F_2=11,8$), la longueur du pronotum ($F_2=7,82$), la longueur de l'élytre ($F_2=5,88$), la longueur du pygidium ($F_2=5,18$) et la largeur de l'élytre ($F_2=4,42$). La contribution des autres variables telles que la longueur de l'antenne ($F_2=9,16.10^{-1}$), la longueur de l'aile ($F_2=2,54.10^{-1}$) et la longueur du coxa 3 ($F_2=2,48.10^{-2}$) a légèrement augmenté. L'élimination de l'effet taille se matérialise par la dispersion des variables de part et d'autre des deux axes (figure 30).

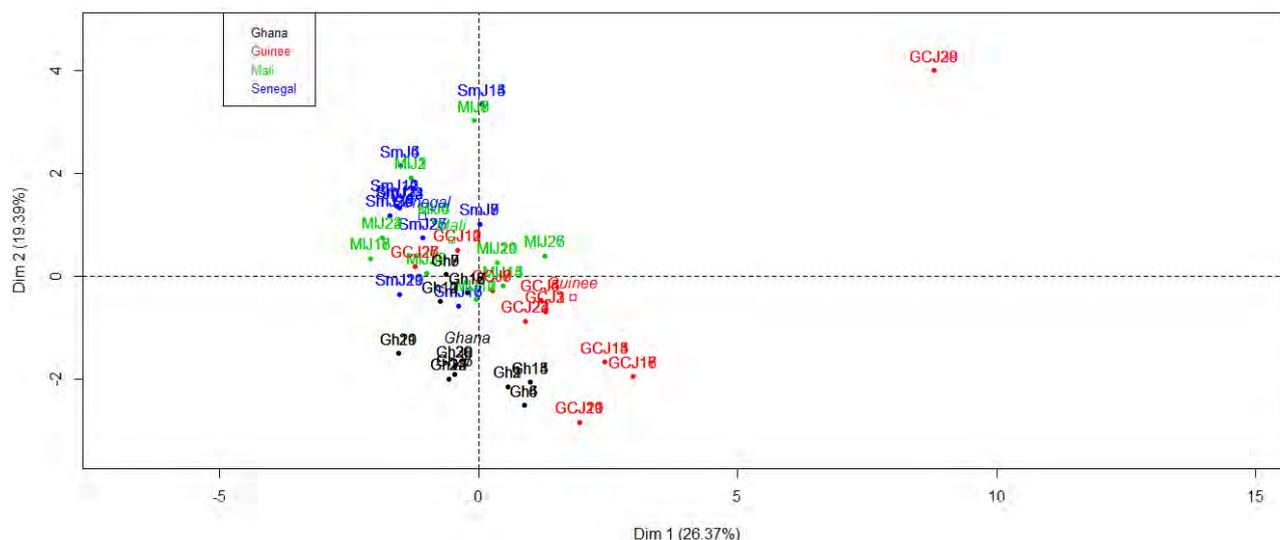


Figure 31 : Représentation dans le plan principal de l'AFD des populations de *Sitophilus zeamais* issues sur du maïs jaune après transformation des variables.

➤ **Populations issues sur du maïs blanc**

Les mêmes regroupements sur données brutes sont observés sur données transformées suivant les deux axes. Suivant le premier axe factoriel (Dim1), les mêmes groupes qui se différencient avec les données brutes se distinguent aussi après transformation des données avec un pourcentage d'inertie de 49,52%. Il s'agit du groupe formé par les individus des populations du Cameroun, du Mali et du Niger, et d'autre part du groupe composé par les individus des populations du Sénégal, de la Côte d'Ivoire et de la RCA avec des zones d'introgression plus ou moins importantes entre ces groupes. Suivant le deuxième axe factoriel, avec un pourcentage d'inertie de 17,08%, les individus du Niger se discriminent de ceux du Cameroun et du Mali. Et de même des individus de la population de la RCA qui se distinguent des individus des populations du Sénégal et de la Côte d'Ivoire suivant cet axe (Figure 32).

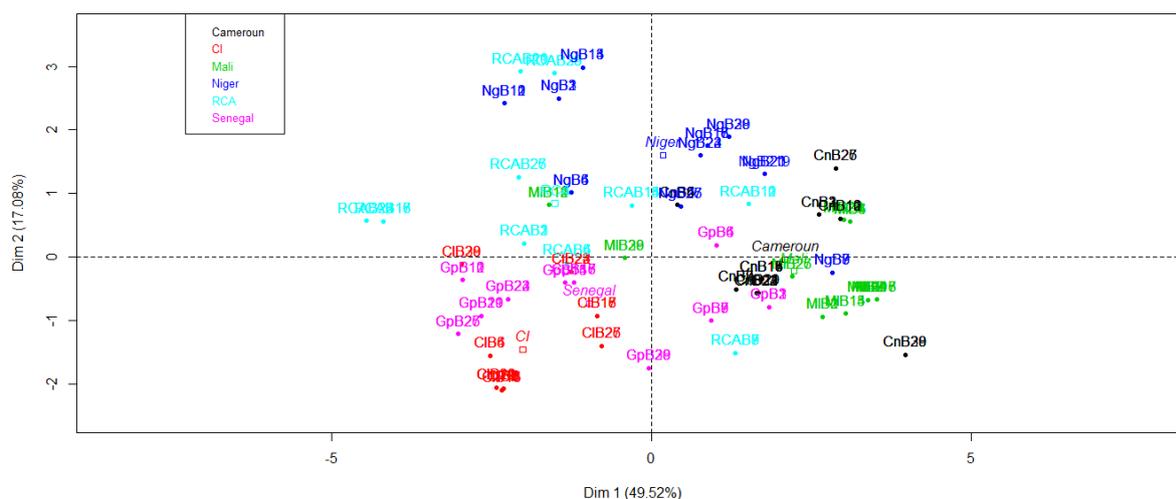


Figure 32 : Représentation dans le plan principal de l’AFD des populations de *Sitophilus zeamais* issues sur du maïs blanc après transformation des variables.

II.2.1.2.4 Variables permettant la discrimination après transformation

➤ Populations issues du maïs jaune

Suivant le premier axe (Dim), la différence morphologiques entre les individus de la population du Sénégal par rapport à ceux de la population de Guinée Conakry sont expliquées significativement par la longueur du rostre, la largeur du rostre (Lr), la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la longueur de l’aile (Loa), la longueur de l’élytre (Loe), la largeur de l’élytre (Lae), la longueur du tibia 3 (LT3), la longueur du coxa 3 (Lc3), la longueur du pygidium (Lpy) et l’épaisseur du pygidium (Epy). Ces dernières expliquent significativement les différences morphologiques notées entre les populations de la Guinée Conakry et du Mali à l’exception de l’épaisseur du pygidium (Epy). Entre la population de la Guinée Conakry et celle du Ghana, les variables telles que la longueur du rostre (Lr), la largeur du rostre (Lar), la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la largeur de l’aile (Laa), la longueur du pygidium (Lpy) et l’épaisseur du pygidium (Epy) expliquent significativement les différences morphologiques entre ces deux populations.

Suivant le deuxième axe factoriel (Dim 2), les différences morphologiques entre la population du Ghana et celle du Mali sont expliquées par la longueur du rostre (Lr), la largeur du rostre (Lar), la longueur du pronotum (Lop), la longueur de l’aile (Loa) et la longueur du pygidium (Lpy). Entre les populations du Ghana et du Sénégal, la longueur du rostre (Lr), la largeur du rostre (Lar), la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la largeur de l’aile

(Laa), la longueur du pygidium (Lpy) et l'épaisseur du pygidium (Epy) expliquent significativement les différences morphologiques entre ces populations (tableau IV).

Tableau IV : test de significativité des moyennes des log-variables transformées des populations issues sur du maïs jaune après transformation.

Populations variables	Ghana	Guinée Conakry	Mali	Sénégal
Lr	1,58±0,07 ^b	1,58±0,06 ^b	1,52±0,06 ^a	1,50±0,06 ^a
Lar	0,58±0,04 ^b	0,58±0,05 ^b	0,53±0,05 ^a	0,51±0,05 ^a
Lan	1,01±0,04 ^a	1,06±0,06 ^b	1,06±0,04 ^b	1,07±0,06 ^b
Lop	1,27±0,05 ^a	1,30±0,04 ^a	1,42±0,09 ^c	1,36±0,05 ^b
Lap	1,10±0,04 ^{bc}	1,13±0,08 ^c	1,10±0,04 ^b	1,05±0,04 ^a
Loa	3,22±0,20 ^a	3,59±0,21 ^c	3,42±0,19 ^b	3,27±0,09 ^a
Laa	1,21±0,05 ^c	1,13±0,10 ^b	1,18±0,08 ^{bc}	1,05±0,15 ^a
Loe	1,81±0,04 ^a	2,06±0,57 ^b	1,84±0,06 ^a	1,82±0,08 ^a
Lae	0,83±0,02 ^a	0,90±0,10 ^b	0,85±0,05 ^a	0,86±0,03 ^a
LT3	0,75±0,05 ^a	0,87±0,33 ^b	0,75±0,04 ^a	0,73±0,06 ^a
Lf3	0,95±0,04 ^a	0,97±0,06 ^a	0,98±0,05 ^a	0,94±0,08 ^a
Lc3	0,34±0,01 ^b	0,30±0,04 ^a	0,33±0,03 ^b	0,33±0,03 ^b
Lt3	0,59±0,05 ^a	0,57±0,07 ^a	0,57±0,04 ^a	0,56±0,05 ^a
Lpy	0,51±0,03 ^a	0,52±0,05 ^a	0,62±0,05 ^b	0,59±0,05 ^b
Epy	0,81±0,04 ^a	0,81±0,03 ^a	0,82±0,04 ^{ab}	0,85±0,06 ^b
Los1	1,08±0,04 ^a	1,07±0,05 ^a	1,06±0,04 ^a	1,06±0,03 ^a

Les moyennes des log-variables transformées surmontées par des lettres différentes sont significatives différentes et celles surmontées par les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes.

➤ Populations issues du maïs blanc

Suivant le premier axe factoriel (Dim 1), les différences morphologiques entre la population du Cameroun et celle du Sénégal sont expliquées par les variables telles que la longueur du rostre (Lr), la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la longueur de l'aile (Loa), la longueur de l'élytre (Loe) et la longueur du tarse 3 (Lt3). Entre les individus de la population du Cameroun et ceux de la population de Côte d'Ivoire, en plus de la longueur du coxa 3 (Lc 3), ce sont les mêmes variables sauf la longueur du tarse 3 (Lt3) qui expliquent leurs différences morphologiques. Pour les individus de la population du Cameroun et ceux de la RCA, l'ensemble des variables les plus contributives permet leur différenciation. Les variables telles que la longueur du rostre (Lr), la longueur du pronotum (Lop), la longueur de l'aile (Loa), la longueur de l'élytre (Loe) et la longueur du coxa 3 (Lc3), sont à l'origine des

différences morphologiques entre la population du Mali et celle du Sénégal. Ces mêmes variables en plus de la longueur du tarse 3 différencient significativement la morphologie des individus du Mali de ceux de la Côte d'Ivoire. Entre les individus du Mali et de la RCA, les variables les plus contributives à l'exception de la longueur du pronotum (Lop) et la longueur du tarse 3 (Lt3) sont à l'origine de la différenciation. Les individus du Niger et ceux du Sénégal se sont morphologiquement différenciés au niveau de la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la longueur de l'aile (Loa) et la longueur de l'élytre (Loe). Pour les individus du Niger et de la Côte d'Ivoire la différence morphologique est expliquée par toutes les variables les plus contributives sauf la largeur de l'aile (Laa). Les individus du Niger et ceux de la RCA se sont morphologiquement différenciés suivant toutes les variables les plus contributives sauf la longueur du pronotum (Lop) et la largeur du pronotum (Lap).

Suivant le deuxième axe (Dim 2), la longueur du rostre (Lr), la longueur du pronotum (Lop), la longueur du coxa 3 (Lc3) et la longueur du tarse 3 (Lt3) différencient morphologiquement les individus du Cameroun de ceux du Niger. Entre ces derniers et ceux du Mali, en plus de la longueur de l'aile (Loa), la largeur de l'aile (Laa), ces mêmes variables sauf la longueur du pronotum (Lop) les différencient morphologiquement. Quant à la différenciation entre les individus du Sénégal et de la RCA sur cet axe, la longueur du rostre (Lr), la longueur du pronotum (Lop), la largeur du pronotum (Lap), la largeur de l'aile (Laa) sont à l'origine. Ces mêmes variables en plus de la longueur du tarse 3 différencient les individus de la Côte d'Ivoire de ceux de la RCA (tableau V).

Tableau V : test de significativité des moyennes des log-variables transformées des populations issues sur du maïs blanc après transformation

Populations variables	Cameroun	CI	Mali	Niger	RCA	Sénégal
	Lr	1,65±0,05 ^c	1,49±0,06 ^a	1,65±0,08 ^c	1,56±0,07 ^b	1,47±0,05 ^a
Lar	0,55±0,05 ^a	0,54±0,00 ^a	0,58±0,04 ^b	0,55±0,03 ^a	0,54±0,02 ^a	0,56±0,03 ^{ab}
Lan	1,05±0,04 ^a	1,04±0,00 ^a	1,09±0,02 ^b	1,05±0,04 ^a	1,05±0,03 ^a	1,04±0,03 ^a
Lop	1,44±0,04 ^d	1,24±0,00 ^a	1,37±0,05 ^c	1,36±0,07 ^c	1,35±0,07 ^c	1,31±0,08 ^b
Lap	1,19±0,03 ^c	1,09±0,06 ^a	1,19±0,03 ^c	1,17±0,06 ^{bc}	1,15±0,06 ^b	1,06±0,03 ^a
Loa	3,58±0,18 ^b	3,20±0,08 ^a	3,76±0,21 ^c	3,46±0,21 ^b	3,27±0,23 ^a	3,27±0,13 ^a
Laa	1,22±0,05 ^{bc}	1,22±0,04 ^{bc}	1,26±0,05 ^c	1,18±0,10 ^b	1,11±0,09 ^a	1,22±0,03 ^{bc}
Loe	1,88±0,06 ^c	1,76±0,05 ^a	1,93±0,06 ^d	1,91±0,06 ^{cd}	1,81±0,08 ^{ab}	1,81±0,05 ^b
Lae	0,87±0,04 ^{bc}	0,84±0,00 ^a	0,88±0,04 ^c	0,91±0,04 ^d	0,85±0,05 ^{ab}	0,87±0,03 ^{bc}
LT3	0,79±0,03 ^c	0,76±0,04 ^{ac}	0,78±0,02 ^{bc}	0,77±0,04 ^{ac}	0,74±0,06 ^a	0,75±0,03 ^{ab}
Lf3	1,00±0,01 ^c	0,94±0,00 ^a	0,98±0,03 ^{bc}	0,98±0,04 ^{bc}	0,96±0,06 ^{ab}	0,97±0,03 ^b
Lc3	0,30±0,01 ^a	0,34±0,00 ^d	0,30±0,02 ^a	0,33±0,02 ^b	0,34±0,02 ^{cd}	0,33±0,01 ^{bc}
Lt3	0,61±0,03 ^c	0,62±0,04 ^c	0,58±0,04 ^b	0,55±0,04 ^a	0,58±0,03 ^b	0,57±0,03 ^{ab}
Lpy	0,64±0,04 ^c	0,55±0,03 ^a	0,66±0,05 ^c	0,55±0,05 ^a	0,59±0,05 ^b	0,63±0,01 ^c
Epy	0,86±0,04 ^c	0,79±0,05 ^a	0,86±0,04 ^c	0,79±0,05 ^a	0,84±0,02 ^{bc}	0,84±0,01 ^b
Los1	1,04±0,05 ^a	1,04±0,05 ^a	1,02±0,04 ^a	1,11±0,04 ^c	1,08±0,04 ^b	1,04±0,03 ^a

Les moyennes des log-variables transformées surmontées par des lettres différentes sont significativement différentes et celles surmontées par les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes.

II.2.1.2.5 Analyse en composantes principales des variables transformées dans chaque pays

L'analyse en composantes principales des données transformées des variables des individus du Sénégal montre que le premier axe factoriel a perdu 5,37% de son pourcentage d'inertie. Quant au deuxième axe factoriel, il a perdu 0,44% de son pourcentage d'inertie. Ce qui fait que le pourcentage d'inertie des deux axes équivaut à 49,56%. Ainsi, suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 35,77%, la contribution de certaines variables est inférieure à ce qu'elle était avant transformation. C'est le cas de la longueur du rostre (F1= 9,85), la longueur du fémur 3 (F1= 9,46), la longueur du premier sternum (F1= 0,51), la largeur du rostre (F1= 0,46), l'épaisseur du pygidium (F1= 0,12). Par contre la contribution de certaines variables a évolué. Ces variables sont la longueur du pronotum (F1= 14,2), la largeur de l'élytre (F1= 12,9), la longueur de l'élytre (F1= 10,2), la longueur du pygidium (F1= 9,46), la longueur de l'aile (F1= 9,38), la longueur du tibia (F1= 6,56), la longueur du coxa 3 (F1= 5,47), la largeur de l'aile (F1= 4,31), la largeur du pronotum (F1= 3,42), la longueur du tarse (F1= 2,21) et la largeur de l'antenne (F1= 1,47).

Suivant le deuxième axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 19,16%, la contribution de certaines variables a également diminué. Ces variables sont la largeur de l'aile ($F_2= 15,8$), la longueur du pygidium ($F_2= 7,21$), la largeur de l'antenne ($F_2= 6,26$), la longueur du coxa 3 ($F_2= 5,56$), la longueur de l'élytre ($F_2= 0,66$), la longueur du premier sternum ($F_2= 0,40$), la longueur du fémur 3 ($F_2= 0,23$), la longueur du pronotum ($F_2= 0,09$) et la longueur du tibia 3 ($F_2= 0,06$). L'élimination de l'effet taille se matérialise par une dispersion des variables de part et d'autre des deux axes (Figure 33).

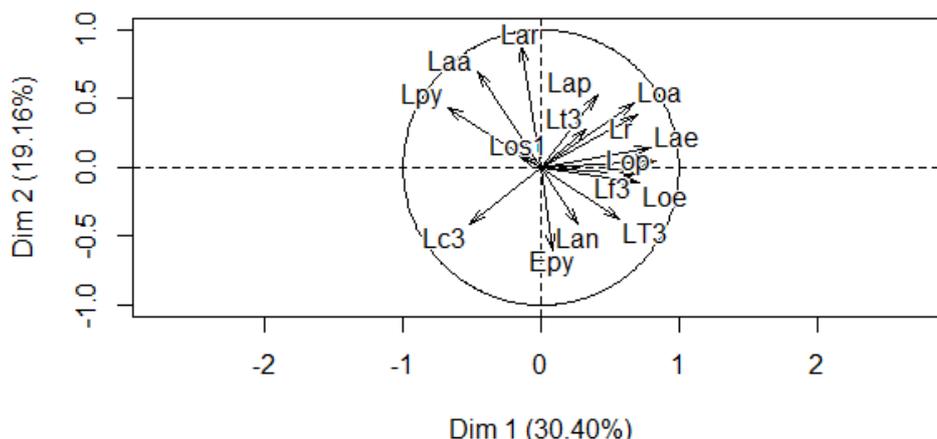


Figure 33 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus du Sénégal.

Pour les individus du Mali, l'analyse en composantes principales des données transformées des variables révèle que le premier axe factoriel (Dim1) a perdu 15,17% de son pourcentage d'inertie. Par contre, le pourcentage d'inertie du deuxième axe factoriel a augmenté de 3,72%. Ce qui fait que le pourcentage d'inertie des deux axes est égal à 53,64%. Ainsi, suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 38,91%, la contribution de certaines variables a diminué. Ces variables sont la largeur de l'élytre ($F_1= 8,06$), l'épaisseur du pygidium ($F_1= 6,30$), la longueur du tibia ($F_1= 6,05$), la longueur du rostre ($F_1= 4,92$), la largeur du pronotum ($F_1= 4,78$), la largeur du rostre ($F_1= 3,89$), la longueur du tarse 3 ($F_1= 1,44$), la longueur du pronotum ($F_1= 0,80$), la longueur du fémur 3 ($F_1= 0,32$) et la longueur de l'antenne ($F_1= 0,027$). Cependant, la contribution de certaines variables a augmenté. Ces variables sont la longueur de l'aile ($F_1= 13,8$), la largeur de l'aile ($F_1= 12,8$), la longueur du coxa 3 ($F_1= 12,02$), la longueur de l'élytre ($F_1= 11,9$), la longueur du pygidium ($F_1= 10,9$) et la longueur du premier sternum ($F_1= 1,91$).

Suivant le deuxième axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 14,73%, la contribution de certaines variables a aussi diminué. C'est le cas de la longueur du pronotum ($F_2= 19,9$), l'épaisseur du pygidium ($F_2= 3,15$), la longueur du fémur 3 ($F_2= 2,75$), la longueur du tarse

($F_2= 2,63$), la longueur du coxa 3 ($F_2= 1,22$), la longueur de l'antenne ($F_2= 0,95$) et la largeur de l'aile ($F_2= 0,20$). La contribution des autres variables telles que la largeur de l'élytre ($F_2= 16,4$), la longueur du premier sternum ($F_2= 13,05$), la largeur du rostre ($F_2=5,95$), la longueur de l'aile ($F_2= 3,64$), la longueur du pygidium ($F_2= 2,93$), la largeur du pronotum ($F_2= 2,18$) et la longueur du tibia 3 ($F_2= 1,50$) a augmenté de contribution (Figure 34).

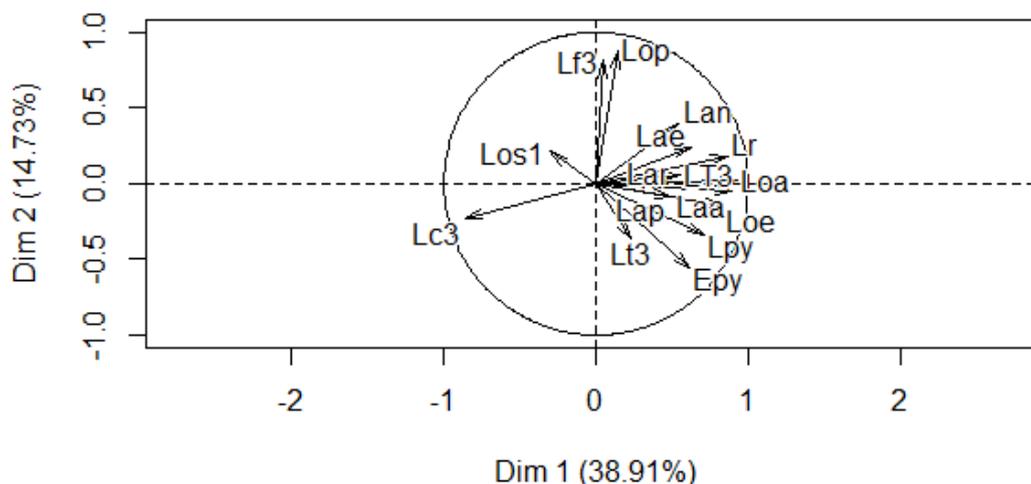


Figure 34 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus du Mali.

En ce qui concerne, l'analyse en composantes principales des données transformées des individus de la Côte d'Ivoire, le pourcentage d'inertie du premier axe factoriel a évolué de 1,73%. Quant au deuxième axe factoriel, il a perdu 0,75% de son pourcentage d'inertie. Par conséquent, le pourcentage d'inertie des deux axes factoriels est égal à 65,24%.

Suivant le premier axe factoriel, pour un pourcentage d'inertie de 53,49%, la contribution des variables comme la longueur de l'antenne et la longueur du coxa 3 a largement augmenté après transformation. Elles passent respectivement de $F_1= 1,60.10^{-28}$ à $F_1= 11,02$ et de $F_1= 1,58.10^{-28}$ à $F_1= 10,9$. La contribution des autres variables telles que la longueur du fémur 3 ($F_1= 10,9$), la longueur de l'élytre ($F_1= 9,77$), la longueur du tarse 3 ($F_1= 4,55$) et la longueur du pygidium ($F_1= 2,71$) a faiblement augmenté de contribution. Sur ce même axe, la contribution des variables telles que la longueur du premier sternum ($F_1= 9,77$), la largeur du rostre ($F_1= 9,77$), la longueur du rostre ($F_1= 6,86$), la longueur de l'aile ($F_1= 6,44$), la longueur du tibia 3 ($F_1= 5,07$), la largeur de l'aile ($F_1= 4,05$), la longueur du pronotum ($F_1= 3,43$), la largeur de l'élytre ($F_1= 2,23$), épaisseur du pygidium ($F_1= 1,45$) et la largeur du pronotum ($F_1= 1,10$) a diminué.

Suivant le deuxième axe pour un pourcentage d'inertie de 11,75%, la contribution de certaines variables a considérablement augmenté. C'est le cas de la longueur du pronotum ($F_2= 17,9$), la

longueur du rostre (F2= 14,7), la longueur du tibia 3 (14,6), la longueur du pygidium (F1= 12,3), la largeur du pronotum (F2= 11,2), la largeur de l'élytre (F2= 6,14), la longueur du premier sternum (F2= 5,24), la longueur du fémur 3 (F2= 5,24), la largeur du rostre (F2= 5,24), la longueur de l'élytre (F2= 3,07), la largeur de l'aile (F2=1,15), l'épaisseur du pygidium (F2= 0,75), la longueur du tarse 3 (F2= 0,26) et la longueur de l'aile (F2= 0,001). Les autres variables telles que la longueur du coxa 3 (F2= 1,08) et la longueur de l'antenne (F2= 1,08) ont des contributions considérablement plus faibles (Figure 35).

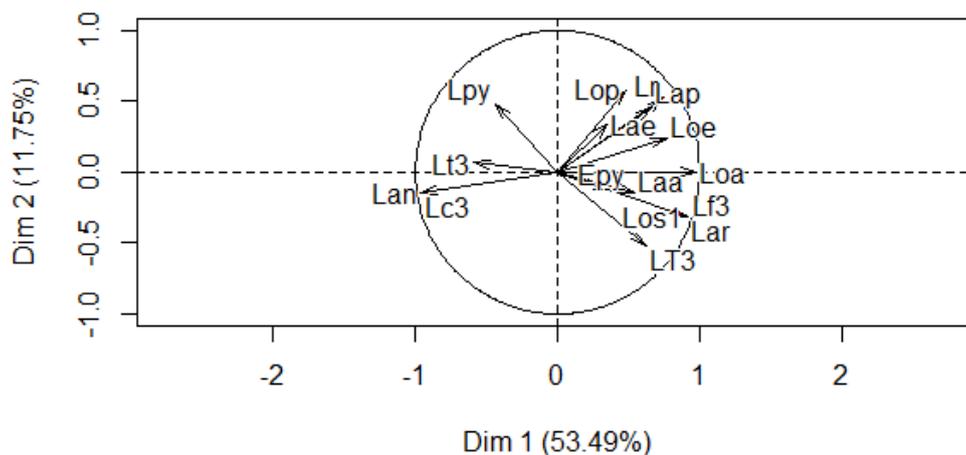


Figure 35 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus de la Côte d'Ivoire.

L'analyse en composantes principales des données transformées des individus des populations du Cameroun montre que le premier axe factoriel a perdu 8,64% de son pourcentage d'inertie. Par contre le deuxième axe a gagné 2,86% de son pourcentage d'inertie. Ce qui fait que le pourcentage d'inertie du plan factoriel est égal 48,03%.

Ainsi suivant le premier axe (Dim 1), pour un pourcentage d'inertie de 14,07%, la contribution de certaines variables a augmenté par rapport à ce qu'elle était. Ces variables sont la longueur du coxa 3 (F1= 16,8), la largeur de l'aile (F1= 16,7), la largeur du pronotum (F1= 15,6), la longueur du pygidium (F1= 13,9), la longueur de l'aile (F1= 13,5), la longueur du rostre (F1= 9,11) et la longueur du fémur 3 (F1= 4,41). Cependant, sur ce même axe, la contribution de certaines variables a diminué. C'est le cas de la longueur du pronotum (F1= 3,12), l'épaisseur du pygidium (F1= 2,57), la longueur du tarse (F1= 1,31), la longueur du premier sternum (F1= 1,26), la largeur du rostre (F1= 0,86), la largeur de l'élytre (F1= 0,45), la longueur du tibia 3 (F1= 0,40), la longueur de l'antenne (F1= 0,01) et la longueur de l'élytre (F1= 0,002).

Suivant le deuxième axe (Dim 2), pour un pourcentage d'inertie de 14,07%, la contribution de certaines variables a aussi augmenté. Ces variables sont la longueur de l'élytre (F1= 23,2), la longueur du pronotum (F2= 19,9), la largeur de l'élytre (F2= 16,4), la longueur du premier

sternum ($F_2= 13,04$), la largeur du rostre ($F_2= 5,95$), la longueur de l'aile ($F_2= 3,64$), l'épaisseur du pygidium ($F_2= 3,14$), la longueur du fémur 3 ($F_2= 2,75$) et la longueur du coxa 3 ($F_2= 1,22$). Les autres variables ont diminué de contribution. C'est le cas de la longueur du pygidium ($F_2= 2,93$), la longueur du tarse 3 ($F_2= 2,63$), la largeur du pygidium ($F_2= 2,18$), la longueur du tibia 3 ($F_2= 1,50$), la longueur de l'antenne ($F_2= 0,95$), la largeur de l'aile ($F_2= 0,21$) et la longueur du rostre ($F_2= 0,20$) (Figure 36).

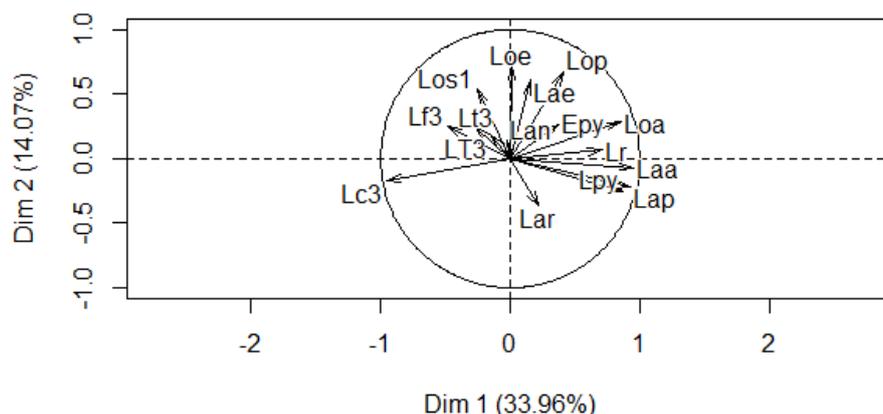


Figure 36 : corrélation des variables selon leur contribution à la construction des deux dimensions (Dim. 1 et Dim. 2) des données transformées des individus de la Côte d'Ivoire.

II.2.1.2.6 Discrimination des populations après transformation en fonction des types de maïs

La meilleure qualité de représentation est toujours obtenue à partir du plan formé par les deux premiers axes (Dim1 et Dim2). L'analyse factorielle discriminante des individus au sein de chaque pays a été effectuée à partir des variables les plus contributives (les composantes principales).

Au Sénégal, avec un pourcentage d'inertie de 61,68%, les individus issus sur du maïs jaune et du maïs blanc se discriminent faiblement avec une zone d'introgression très importante suivant les deux axes factoriels (Figure 37).

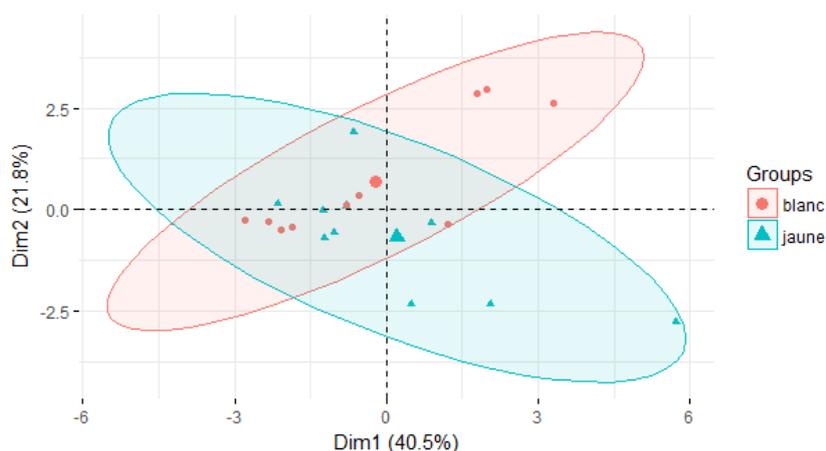


Figure 37 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de *Sitophilus zeamais* en fonction des types de maïs au Sénégal.

C'est le même constat qui est aussi observé au sein de la population du Mali entre les individus issus du maïs jaune et ceux du maïs blanc, avec une forte zone d'introggression et une inertie totale de 60% (Figure 38).

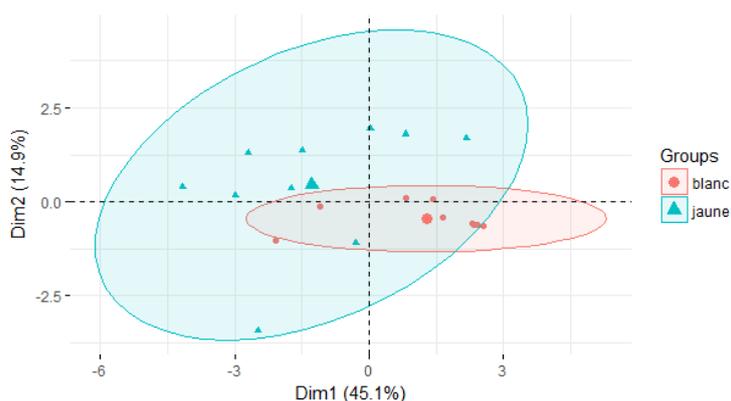


Figure 38 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de *Sitophilus zeamais* en fonction des types de maïs au Mali.

Pour la population de la Côte d'Ivoire, les individus issus sur du maïs blanc et ceux issus sur du maïs rouge se discriminent mieux suivant le premier axe factoriel avec un pourcentage d'inertie de 58,2% (Figure 39).

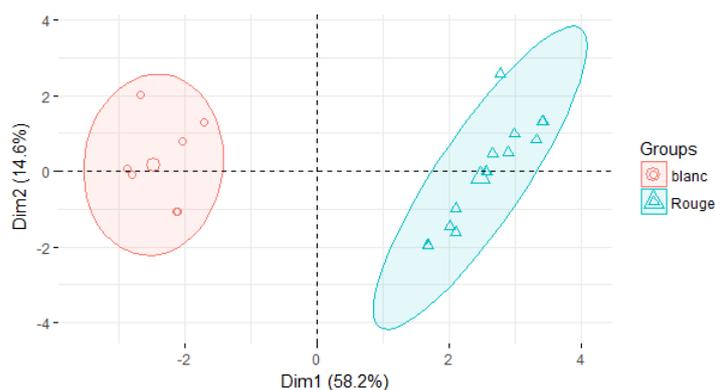


Figure 39 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de *Sitophilus zeamais* en fonction des types de maïs de la Côte d'Ivoire.

Au Cameroun, les individus issus sur du maïs blanc et ceux issus sur du maïs orange se discriminent aussi d'avantage suivant le premier axe, avec un pouvoir d'inertie de 50,4% (Figure 40).

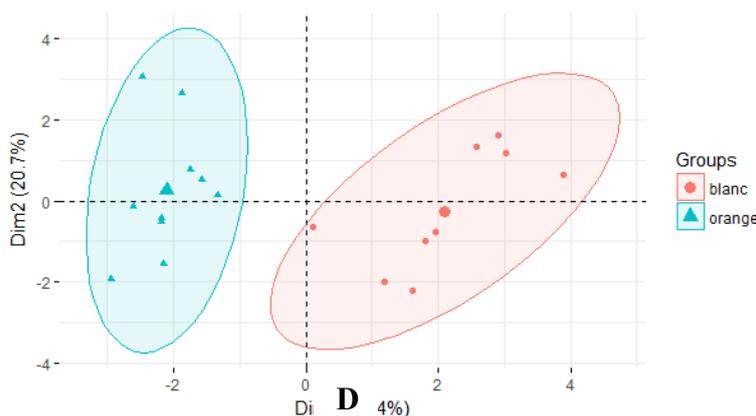


Figure 40 : Représentation dans le plan principal de l'AFD après transformation des données des populations de *Sitophilus zeamais* en fonction des types de maïs du Cameroun.

II.2.1.2.7 Variables discriminantes après transformation dans chaque pays

La faible discrimination morphologique des individus issus sur du maïs jaune par rapport à ceux issus sur du maïs blanc du Sénégal s'explique par le fait que ceux du maïs blanc ont les largeurs des rostrs, des ailes et les longueurs du pygigium les plus grands que ceux du maïs jaune. Ces derniers ont les longueurs du pronotum les plus grands.

Au Mali, la faible discrimination morphologique des individus du maïs blanc, à ceux du maïs jaune résulte du fait que les individus du maïs blanc ont les largeurs du rostre, les longueurs d'ailes, des élytres et du pygidium les plus grandes. Alors que les individus issus sur du maïs jaune ont les plus grandes longueurs du pronotum et du coxa 3.

Entre les individus du maïs blanc et ceux du maïs rouge de la Côte d'Ivoire, la discrimination morphologique est due par les plus grandes largeurs du rostre et du pronotum, les plus grandes longueurs du rostre, de l'élytre, du tibia 3 et du fémur 3 des individus du maïs rouge. Cependant les individus du maïs blanc ont les plus grandes longueurs d'antennes, de coxa 3 et de pygidium. La discrimination morphologique entre les individus du maïs blanc et ceux du maïs orange du Cameroun s'explique par la grande dimension du rostre, des ailes et du pygidium des individus issus du maïs blanc. Par contre, les individus issus du maïs orange ont le coxa 3 et le premier sternite abdominal les plus longs (tableau VI).

Tableau VI : test de significativité des moyennes des log-variables transformées.

Variables	Sénégal		Mali		Côte d'Ivoire		Cameroun	
	Maïs jaune	Maïs blanc	Maïs jaune	Maïs blanc	Maïs blanc	Maïs rouge	Maïs blanc	Maïs orange
Lr	1,50±0,06 ^a	1,55±0,10 ^a	1,52±0,06 ^a	1,65±0,08 ^b	1,49±0,06 ^a	1,60±0,07 ^b	1,65±0,05 ^b	1,55±0,07 ^a
Lar	0,52±0,06 ^a	0,56±0,03 ^b	0,54±0,05 ^a	0,58±0,04 ^b	0,54±0,006 ^a	0,61±0,007 ^b	0,55±0,05 ^a	0,54±0,007 ^a
Lan	1,04±0,02 ^a	1,04±0,03 ^a	1,07±0,04 ^a	1,08±0,02 ^a	1,04±0,006 ^b	1,01±0,007 ^a	1,05±0,05 ^a	1,07±0,04 ^b
Lop	1,36±0,05 ^b	1,31±0,08 ^a	1,42±0,09 ^b	1,37±0,05 ^a	1,24±0,005 ^a	1,27±0,04 ^a	1,44±0,04 ^a	1,41±0,06 ^a
Lap	1,05±0,04 ^a	1,06±0,03 ^a	1,1±0,03 ^a	1,19±0,03 ^b	1,09±0,06 ^a	1,17±0,06 ^b	1,19±0,03 ^b	1,04±0,007 ^a
Loa	3,27±0,09 ^a	3,27±0,13 ^a	3,42±0,2 ^a	3,76±0,21 ^b	3,20±0,08 ^a	3,70±0,09 ^b	3,58±0,18 ^b	3,33±0,03 ^a
Laa	1,05±0,15 ^a	1,22±0,03 ^b	1,18±0,08 ^a	1,93±0,06 ^b	1,22±0,04 ^a	1,27±0,05 ^a	1,22±0,05 ^b	0,94±0,007 ^a
Loe	1,82±0,08 ^a	1,81±0,05 ^a	1,84±0,06 ^a	1,93±0,07 ^b	1,76±0,05 ^a	1,85±0,04 ^b	1,88±0,06 ^a	1,91±0,09 ^a
Lae	0,86±0,03 ^a	0,87±0,03 ^a	0,85±0,05 ^a	0,88±0,02 ^a	0,84±0,006 ^a	0,86±0,05 ^a	0,87±0,04 ^a	0,87±0,04 ^a
LT3	0,73±0,06 ^a	0,75±0,03 ^a	0,75±0,04 ^a	0,78±0,02 ^b	0,76±0,04 ^a	0,81±0,007 ^b	0,79±0,027 ^a	0,80±0,04 ^a
Lf3	0,95±0,08 ^a	0,97±0,03 ^a	0,98±0,05 ^a	0,98±0,02 ^a	0,94±0,006 ^a	1,01±0,007 ^b	1±0,01 ^a	1,02±0,04 ^b
Lc3	0,33±0,03 ^a	0,33±0,01 ^a	0,34±0,03 ^b	0,30±0,02 ^a	0,34±0,005 ^b	0,31±0,007 ^a	0,30±0,01 ^a	0,34±0,007 ^b
Lt3	0,56±0,05 ^a	0,57±0,03 ^a	0,58±0,04 ^a	0,58±0,02 ^a	0,62±0,04 ^b	0,56±0,05 ^a	0,61±0,03 ^a	0,63±0,05 ^b
Lpy	0,59±0,05 ^a	0,63±0,01 ^b	0,62±0,05 ^a	0,66±0,04 ^b	0,55±0,03 ^b	0,52±0,03 ^a	0,64±0,04 ^b	0,48±0,05 ^a
Epy	0,85±0,06 ^a	0,83±0,01 ^a	0,83±0,04 ^a	0,86±0,04 ^b	0,79±0,05 ^a	0,81±0,007 ^a	0,86±0,04 ^a	0,85±0,03 ^a
Los1	1,06±0,03 ^b	1,04±0,03 ^a	1,05±0,04 ^b	1,02±0,04 ^a	1,04±0,006 ^a	1,11±0,007 ^b	1,04±0,05 ^a	1,06±0,04 ^b

Les moyennes des log-variables transformées surmontées par des lettres différentes sont significativement différentes et celles surmontées par les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes.

II.2.1.2.8 Analyse factorielle des correspondances (AFC)

➤ Individus issus du maïs jaune

L'analyse factorielle des correspondances des individus issus du maïs jaune a révélé que la variable morphologique totale des populations d'insectes (100% de pourcentage d'inertie) est expliquée par trois axes factoriels. Ces derniers ont permis d'identifier trois groupes morphométriques : un groupe formé des individus du Sénégal et une partie de ceux du Ghana ; celui constitué par des individus de la Guinée Conakry et une partie de ceux du Ghana et un groupe composé uniquement des individus du Mali (Figure 41).

Suivant le premier axe qui explique 41,90% de variabilité morphométrique totale, le groupe formé par les individus du Sénégal et une partie de ceux du Ghana se distingue nettement des autres. Le second axe qui explique 37,27% de la variabilité morphométrique totale, sépare le groupe composé uniquement des individus du Mali, du groupe constitué des individus de la Guinée Conakry et une partie de ceux du Ghana (Figure 41).

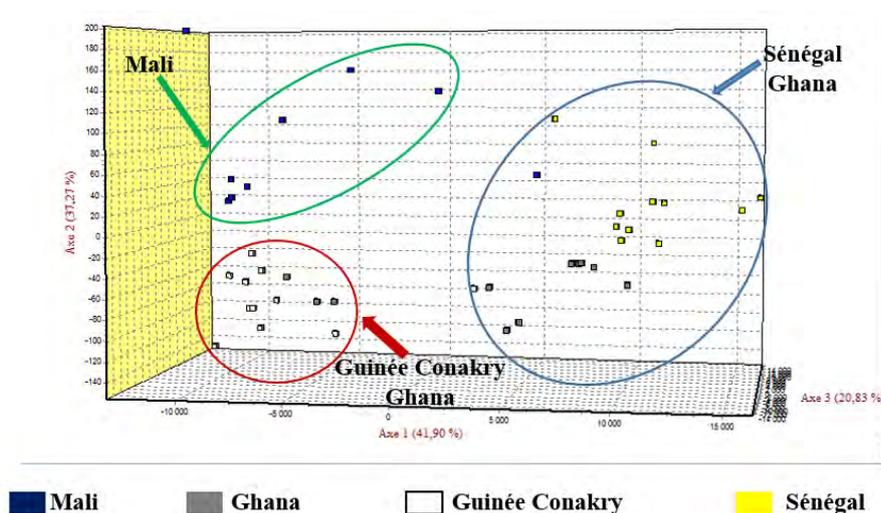


Figure 41 : répartition de la variabilité morphométrique des individus issus du maïs jaune suivant les trois axes.

➤ Individus issus du maïs blanc

L'AFC des individus issus du maïs blanc a révélé que la variabilité morphologique totale est expliquée par quatre axes factoriels. Le plan formé par les trois premiers axes explique aux mieux le nombre de groupes morphométriques avec un pourcentage d'inertie total de 79,46%. Ainsi, trois groupes morphométriques sont identifiés : un groupe constitué par les individus du Cameroun et de ceux du Mali ; un groupe formé par les individus du Niger, une partie des individus de la RCA et du Sénégal ; un groupe composé par les individus de la Côte d'Ivoire, une partie des individus du Sénégal et de la RCA (Figure 42).

Suivant le premier axe factoriel qui explique 34,30% de la variabilité morphométrique totale, le groupe constitué des individus du Cameroun et de ceux du Mali se sépare des autres groupes. Cependant, le second axe qui explique 24,77% de la variabilité morphométrique permet de distinguer le groupe constitué des individus de la Côte d'Ivoire, une partie des individus du Sénégal et de la RCA, du groupe composé des individus du Niger et l'autre partie des individus de la RCA et du Sénégal (Figure 42).

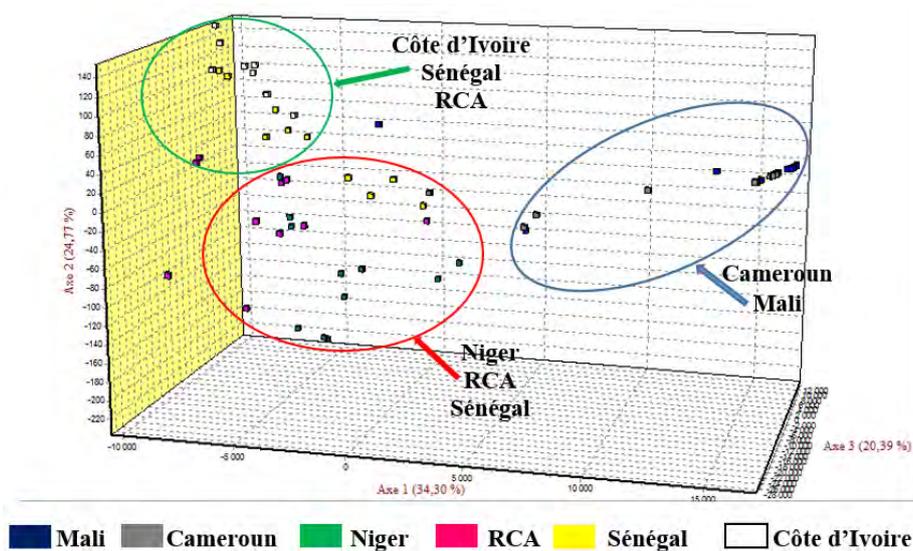


Figure 42 : répartition de la variabilité morphométrique des individus issus du maïs blanc suivant les 3 premiers axes.

➤ Au sein de chaque pays

L'analyse factorielle des correspondances des populations de *S. zeamais* du Sénégal a révélé que seul le premier axe factoriel (axe 1) explique la variabilité morphométrique totale (100% de pourcentage d'inertie). Cet axe permet de distinguer deux groupes morphométriques : un groupe formé par des individus issus du maïs blanc et un autre groupe d'individus issus du maïs jaune (Figure 43).

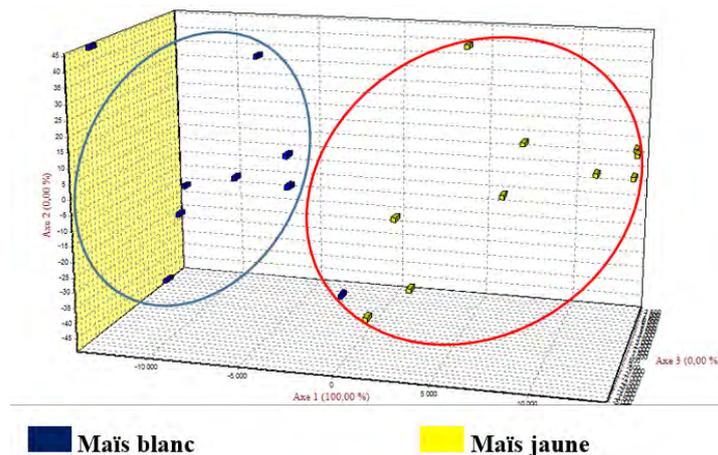


Figure 43 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Sénégal suivant les trois axes.

Pour les populations du Mali, l'analyse factorielle a aussi révélé que seul le premier axe factoriel explique la variabilité morphométrique totale (100% du pourcentage d'inertie). Suivant cet axe, deux groupes morphométriques se distinguent. Ces deux groupes d'individus sont respectivement issus du maïs jaune et du maïs blanc (Figure 44).

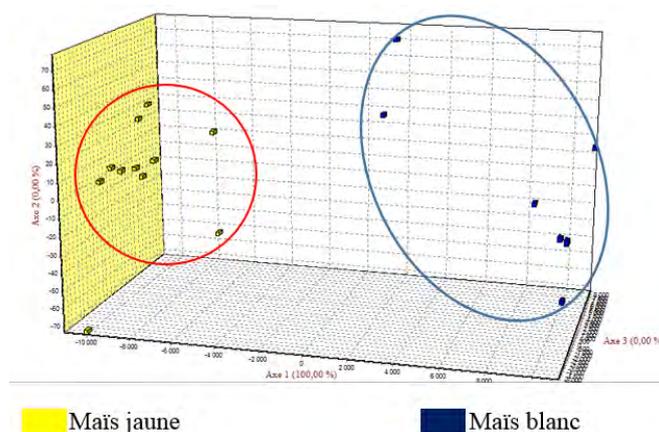


Figure 44 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Mali suivant les trois axes.

Pour les populations de la Côte d'Ivoire, c'est le premier axe factoriel qui explique la variabilité morphométrique totale (100%). Sur cet axe, deux groupes morphométriques sont identifiés. Ces deux groupes sont issus de types de maïs différentes (sur du maïs rouge et du blanc) (Figure 45).

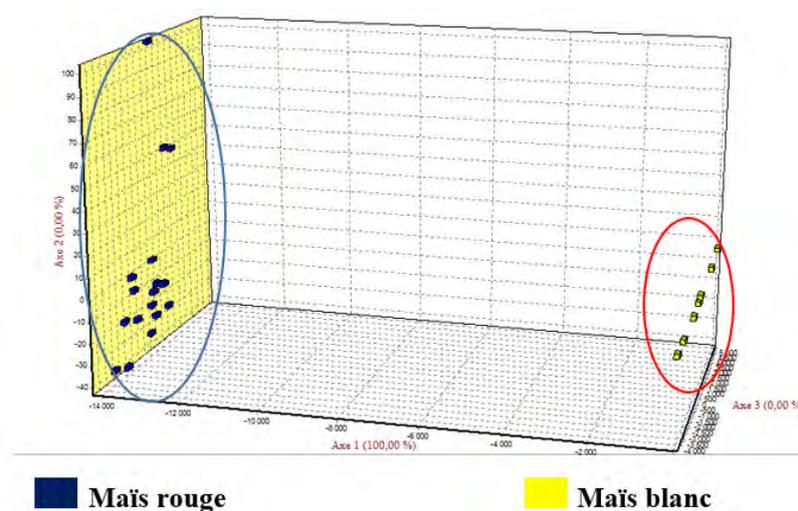


Figure 45 : répartition de la variabilité morphométrique des populations de la Côte d'Ivoire suivant les trois axes.

Le premier axe factoriel explique aussi la variabilité morphométrique des populations du Cameroun (100%). Cependant, pour cette population les individus issus du maïs orange et ceux provenant du maïs blanc, forment un même groupe morphométrique (Figure 46).

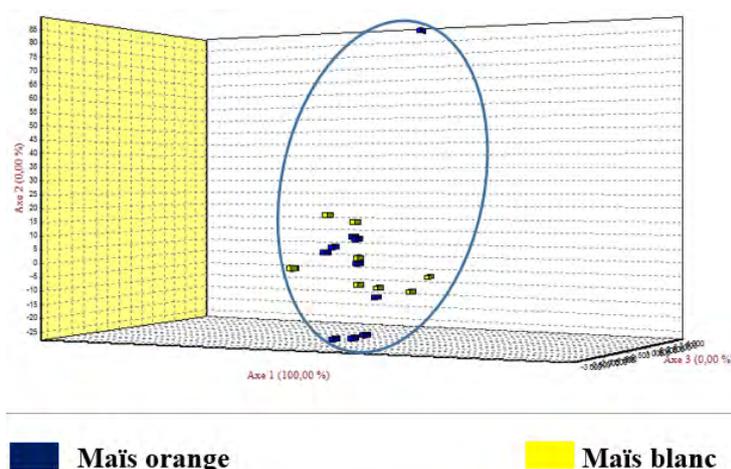


Figure 46 : répartition de la variabilité morphométrique des populations du Cameroun suivant les trois axes.

II.2.1.2.9 Matrice de confusion de la validation croisée des populations

➤ Issues du maïs jaune

La matrice de confusion récapitule les reclassements des individus pour en déduire les taux de bon et de mauvais classement. Ceci permet de déterminer le « % correct » qui est le rapport du nombre d'individus bien classés sur le nombre total d'individus.

Ainsi, la validation croisée des individus des populations issues du maïs jaune révèle que 92,5% des individus sont bien classés dans leur population d'origine. En effet, les individus des populations du Ghana et de la Guinée sont les plus homogènes avec 100% d'individus bien classés. Quant aux individus des populations du Mali et du Sénégal, ils sont moins homogènes par rapport aux autres, avec respectivement 80% et 90% d'individus bien classés (tableau VII).

Tableau VII : Matrice de confusion de la validation croisée des populations issues du maïs jaune.

de \ Vers	Ghana	Guinée	Mali	Sénégal	Total	% correct
Ghana	30	0	0	0	30	100,00%
Guinée	0	30	0	0	30	100,00%
Mali	0	0	24	6	30	80,00%
Sénégal	0	0	3	27	30	90,00%
Total	30	30	27	33	120	92,50%

➤ **Issus du maïs blanc**

Pour les populations des individus issus du maïs blanc 75% sont bien classés dans leur population d'origine. Les individus des populations du Sénégal, du Cameroun et de la Côte d'Ivoire sont les plus homogènes avec respectivement 90%, 90% et 80% d'individus bien classés. Cependant les individus des populations du Mali, de la RCA et du Niger se présentent comme les plus hétérogènes avec respectivement 70%, 70% et 50% d'individus bien classés (tableau VIII).

Tableau VIII : Matrice de confusion de la validation croisée des populations issues du maïs blanc.

de \ Vers	CI	Cameroun	Mali	Niger	RCA	Sénégal	Total	% correct
CI	24	0	0	0	3	3	30	80,00%
Cameroun	0	27	3	0	0	0	30	90,00%
Mali	0	3	21	0	3	3	30	70,00%
Niger	0	0	9	15	6	0	30	50,00%
RCA	0	6	0	3	21	0	30	70,00%
Sénégal	0	3	0	0	0	27	30	90,00%
Total	24	39	33	18	33	33	180	75,00%

➤ **Au sein de chaque pays**

La matrice de confusion pour validation croisée des individus au sein de chaque pays montre que 90% des individus du **Sénégal** sont bien classés dans leurs groupes d'origine. En effet, les individus issus du maïs blanc de même que ceux issus sur du maïs jaune sont classés dans leurs groupes d'origine à 90% (tableau IX).

Tableau IX : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Sénégal.

de \ Vers	blanc	jaune	Total	% correct
blanc	27	3	30	90,00%
jaune	3	27	30	90,00%
Total	30	30	60	90,00%

Pour le **Mali**, 85% des individus sont bien répertoriés dans leurs groupes d'origine. Dans cette population, les individus issus du maïs blanc s'avèrent être les plus homogènes avec 90% d'individus bien classés. Ceux issus du maïs jaune sont assignés à leur groupe d'origine à 80% (tableau X).

Tableau X : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Mali.

de \ Vers	blanc	jaune	Total	% correct
blanc	27	3	30	90,00%
jaune	6	24	30	80,00%
Total	33	27	60	85,00%

Quant aux individus de la **Côte d'Ivoire** et ceux du **Cameroun**, la validation croisée montre qu'ils sont bien assignés dans leurs groupes d'origine avec 100% d'individus bien classés (tableau XI et XII).

Tableau XI : Matrice de confusion de la validation croisée des individus de la Côte d'Ivoire.

de \ Vers	Rouge	blanc	Total	% correct
Rouge	30	0	30	100,00%
blanc	0	30	30	100,00%
Total	30	30	60	100,00%

Tableau XII : Matrice de confusion de la validation croisée des individus du Cameroun.

de \ Vers	blanc	orange	Total	% correct
blanc	30	0	30	100,00%
orange	0	30	30	100,00%
Total	30	30	60	100,00%

II.2.1.2.10 Classification ascendante hiérarchique des individus

➤ Issus du maïs jaune

La ligne en pointillé représente la troncature et révèle cinq groupes morphologiques : Gr₁ (2,5% des individus de la population totale), Gr₂ (2,5%), Gr₃ (20%), Gr₄ (52,5%) et Gr₅ (27%) (Figure 47).

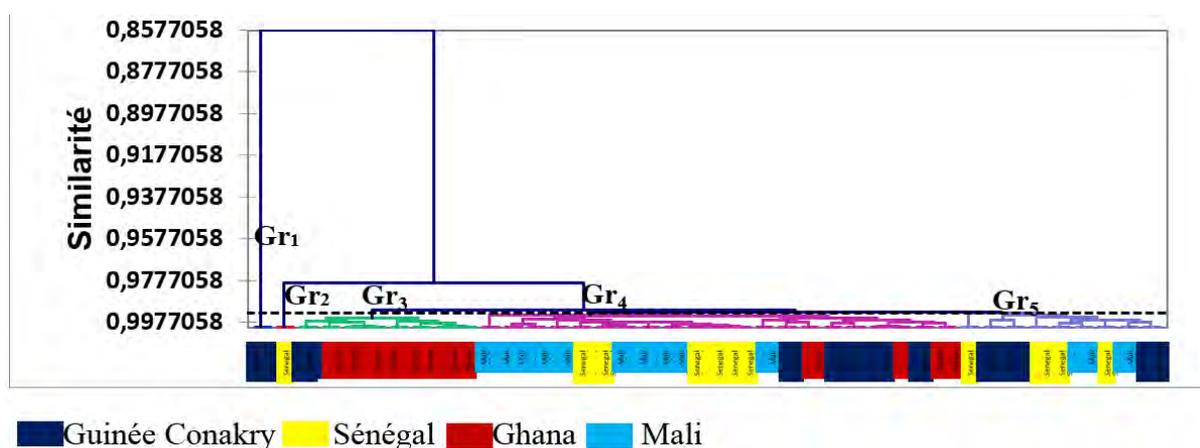


Figure 47 : classification ascendante hiérarchique des individus issus du maïs jaune.

Gr₁ (groupe_1), Gr₂ (groupe_2), Gr₃ (groupe_3), Gr₄ (groupe_4), Gr₅ (groupe_5).

Les groupes_1 et _2 sont composés respectivement que des individus de la Guinée Conakry (100%) et du Sénégal (100 %). Des individus de la Guinée Conakry (12,5%) et du Ghana (87,5%) forment le groupe_3. Quant au groupe_4, il est constitué d'individus du Mali (38%), du Sénégal (23,8%), de la Guinée Conakry (23,8%) et du Ghana (14,4%). Le dernier groupe (groupe_5) est composé d'individus du Sénégal (44,5%), de la Guinée Conakry (33,3%) et du Mali (22,2%). D'après la classification ascendante hiérarchique par similarité, les individus de la Guinée Conakry sont morphologiquement les plus hétérogènes, avec 10% de leurs individus qui se trouvent dans le groupe_1, 10% dans le groupe_3, 50% dans le groupe_4 et 30% dans le groupe_5. Il s'en suivent les individus du Sénégal dont 10% d'entre eux sont classés dans le groupe_2, 50% dans le groupe_4 et 40% dans le groupe_5. Par contre les individus du Ghana et du Mali sont morphologiquement les moins hétérogènes. Les individus du Ghana sont à 70% regroupés dans le groupe_3 et 30% dans le groupe_4. Ceux du Mali sont rencontrés dans le groupe_4 (80%) et le groupe_5 (20%) (Tableau XIII).

Tableau XIII : composition des groupes morphométriques et répartition des individus issus du maïs jaune dans chaque groupe.

Composition des groupes morphométriques				
Pays / groupes	Guinée Conakry	Sénégal	Ghana	Mali
Gr_1 (2,5%)	100%	----	----	----
Gr_2 (2,5%)	----	100%	----	----
Gr_3 (20%)	12,5%	----	87,5%	----
Gr_4 (52,5%)	23,8%	23,8%	14,4%	38%
Gr_5 (27%)	33,3%	44,5%	----	22,2%

Répartition des individus dans les groupes					
Pays / Groupes	Gr_1	Gr_2	Gr_3	Gr_4	Gr_5
Guinée Conakry	10%	----	10%	50%	30%
Sénégal	----	10%	----	50%	40%
Ghana	----	----	70%	30%	----
Mali	----	----	----	80%	20%

➤ **Issus du maïs blanc**

La classification ascendante hiérarchique des individus issus du maïs blanc révèle sept groupes morphométriques (Gr₁, Gr₂, Gr₃, Gr₄, Gr₅, Gr₆ et Gr₇) avec des proportions respectives : 3,3%, 11,7%, 1,67%, 3,3%, 6,67%, 48,3% et 25% des individus de l'effectif total (Figure 48).

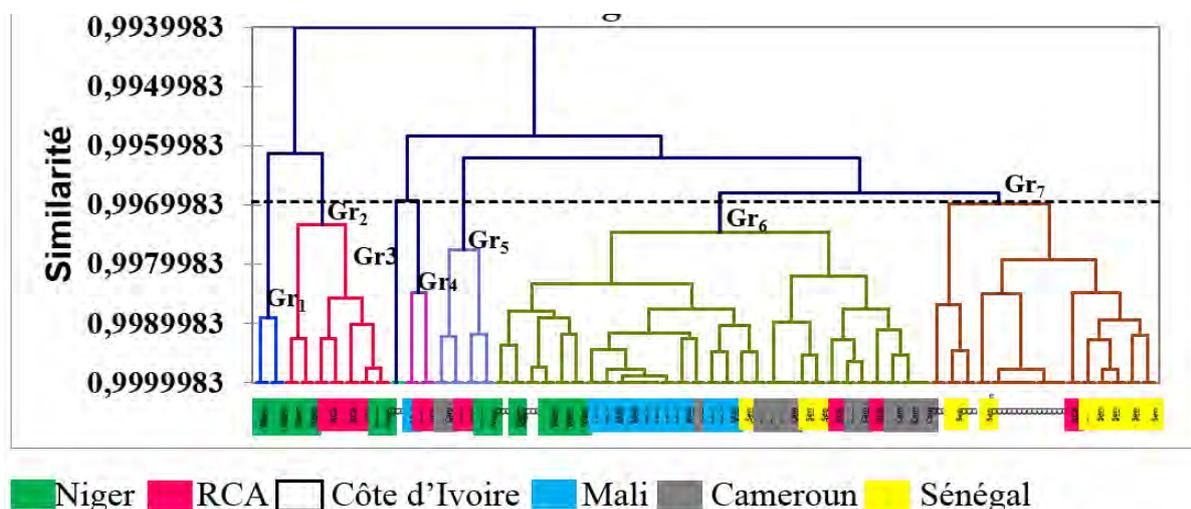


Figure 48: classification ascendante hiérarchique des individus issus du maïs blanc :

Gr₁ (groupe 1), Gr₂ (groupe 2), Gr₃ (groupe 3), Gr₄ (groupe 4), Gr₅ (groupe 5), Gr₆ (groupe 6), Gr₇ (groupe 7).

Le groupe_1 est composé uniquement des individus du Niger (100%). Le groupe_2 est constitué d'individus du Niger (42,9%) et de la RCA (57,1%). Des individus de la Côte d'Ivoire (100%) forment le groupe_3. Le groupe_4 est constitué d'individus du Mali (50%) et de la RCA (50%).

Le groupe_5 est composé d'individus du Cameroun (25%), de la RCA (50%) et du Niger (25%). Le groupe_6 réunissant le plus grand nombre d'individus est formé d'individus de la Côte d'Ivoire (6,90%), du Niger (13,8%), du Mali (31,03%), du Sénégal (10,34%), de la RCA (6,90%), et du Cameroun (31,03%). Le 7^{ème} groupe est constitué d'individus de la Côte d'Ivoire (46,7%), du Sénégal (46,7%) et de la RCA (6,6%). D'après la classification ascendante hiérarchique, les individus de la RCA s'avère être les plus morphologiquement hétérogènes, avec 40% de leurs individus qui se trouvent dans le groupe_2, 10% dans le groupe_4, 20% dans le groupe_5, 20% dans le groupe_6 et 10% dans le groupe_7. Ils s'en suivent ceux du Niger qui sont classés dans le groupe_1 (20%), le groupe_2 (30%), le groupe_5 (10%) et le groupe_6 (40%). Les individus du Mali et du Cameroun sont morphologiquement les moins hétérogènes avec chacun 90% de leurs individus qui sont regroupés dans le groupe_6. Les individus du Sénégal et de la Côte d'Ivoire sont à 70% classés dans le groupe_7 (Tableau XIV).

Tableau XIV : composition des groupes morphométriques et répartition des individus issus du maïs blanc dans chaque groupe.

Composition des groupes morphométriques						
Pays	Niger	RCA	Côte d'Ivoire	Mali	Cameroun	Sénégal
Groupes						
Gr_1 (3,3%)	100%	----	----	----	----	----
Gr_2 (11,7%)	42,9%	57,1%	----	----	----	----
Gr_3 (1,67%)	----	----	100%	----	----	----
Gr_4 (3,3%)	----	50%	----	50%	----	----
Gr_5 (6,67%)	25%	50%	----	----	25%	----
Gr_6 (48,3%)	13,8%	6,90%	6,90	31,03%	31,03%	10,34%
Gr_7 (25%)	----	6,6%	46,7%	----	----	46,7%

Répartition des individus dans les groupes							
Groupes	Gr_1	Gr_2	Gr_3	Gr_4	Gr_5	Gr_6	Gr_7
Pays							
Niger	20%	30%	----	----	10%	40%	----
RCA	----	40%	----	10%	20%	20%	10%
Côte d'Ivoire	----	----	10%	----	----	20%	70%
Mali	----	----	----	10%	----	90%	----
Cameroun	----	----	----	----	10%	90%	----
Sénégal	----	----	----	----	----	30%	70%

➤ Au sein de chaque pays

Pour la population du **Sénégal**, la classification ascendante hiérarchique par similarité a révélée que les individus issus du maïs blanc et ceux du maïs jaune sont regroupés en 7 groupes. Les proportions respectives de ces groupes sont : Gr₁ (5%), Gr₂ (5%), Gr₃ (5%), Gr₄ (10%), Gr₅ (5%), Gr₆ (50%) et Gr₇ (20%) (Figure 49).

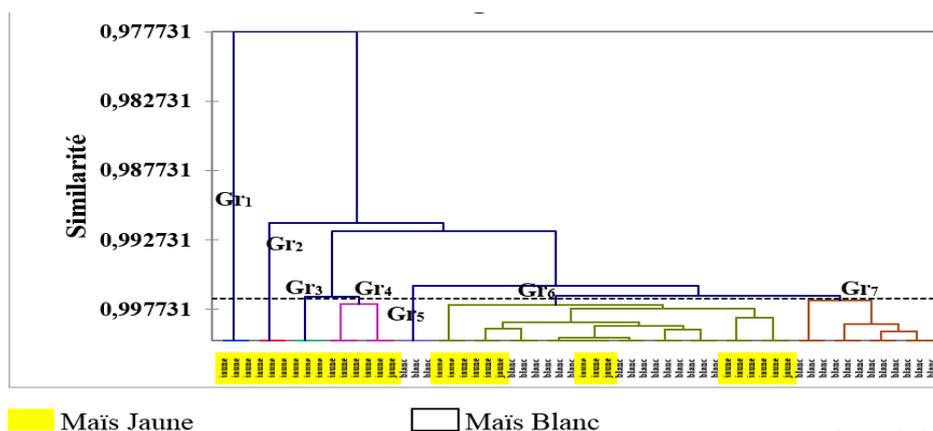


Figure 49 : classification ascendante hiérarchique des individus du Sénégal :

Gr₁ (groupe_1), Gr₂ (groupe_2), Gr₃ (groupe_3), Gr₄ (groupe_4), Gr₅ (groupe_5), Gr₆ (groupe_6), Gr₇ (groupe 7).

Les groupes_1, 2, 3 et 4 sont constitués à 100% d'individus provenant du maïs jaune. Quant aux groupes_5 et 7, ils sont composés à 100% d'individus issus du maïs blanc. Le groupe_6 est formé de 50% d'individus issus du maïs jaune et 50% d'individus provenant du maïs blanc. Les individus issus du maïs jaune et blanc trouvent leur similarité morphométrique dans le groupe 6 (Tableau XV).

Tableau XV : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus du Sénégal.

Composition des groupes morphométriques							
Groupes Types de maïs	Gr_1	Gr_2	Gr_3	Gr_4	Gr_5	Gr_6	Gr_7
Maïs jaune	100%	100%	100%	100%	50%
Maïs blanc	100%	50%	100%
Répartition des types de maïs dans les groupes							
Groupes Types de maïs	Gr_1	Gr_2	Gr_3	Gr_4	Gr_5	Gr_6	Gr_7
Maïs jaune	10 %	10 %	10 %	20 %	50 %
Maïs blanc	10 %	50 %	40 %

Gr₁ (groupe_1), Gr₂ (groupe_2), Gr₃ (groupe_3), Gr₄ (groupe_4), Gr₅ (groupe_5), Gr₆ (groupe_6), Gr₇ (groupe 7).

Pour les individus de la population du **Mali** (issus sur du maïs jaune et du blanc), la classification ascendante hiérarchique montre qu'ils sont répartis en trois groupes. Ces individus sont répartis respectivement dans le groupe_1 (80 %), le groupe_2 (5 %) et le groupe_3 (15 %) (Figure 50).

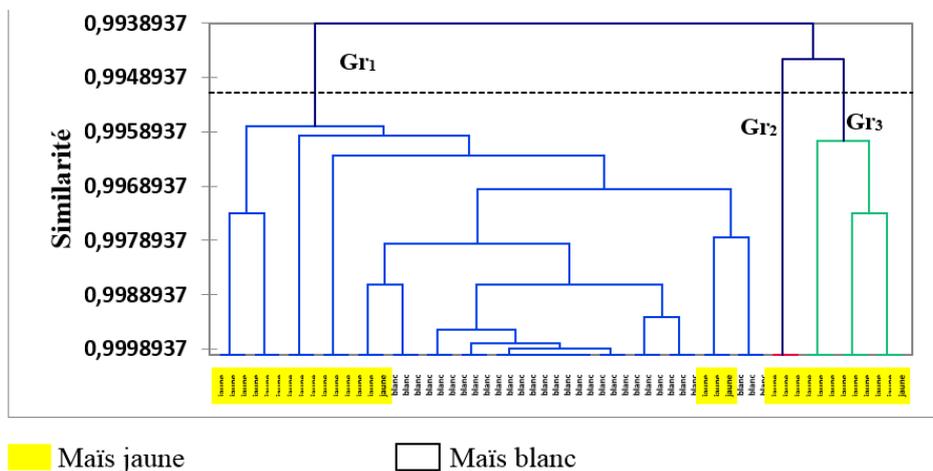


Figure 50 : classification ascendante hiérarchique des individus du Mali :

Gr₁ (groupe_1), Gr₂ (groupe_2), Gr₃ (groupe_3).

Le groupe_1 est constitué de 37,5% d'individus issus du maïs jaune et 62,5% d'individus issus du maïs blanc. Les groupes_2 et 3 sont constitués à 100% d'individus de maïs jaune. Les individus du maïs blanc se trouvent concentrés dans le groupe_1 (100%). Les individus du maïs jaune sont répartis dans les trois groupes avec les proportions respectives : 60%, 10% et 30% (Tableau XVI).

Tableau XVI : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus du Mali.

Composition des groupes morphométriques			
Types de maïs	Maïs jaune	Maïs blanc	
Groupes			
Gr_1 (80 %)	37,5 %	62,5 %	
Gr_2 (5 %)	100 %	----	
Gr_3 (15 %)	100 %	----	
Répartition des types de maïs dans les groupes			
Groupes	Gr_1	Gr_2	Gr_3
Types de maïs			
Maïs jaune	60 %	10 %	30 %
Maïs blanc	100 %	----	----

Les individus de la population de la **Côte d'Ivoire**, issus du maïs rouge et du maïs blanc, sont répartis en trois groupes avec la répartition suivante : groupe_1 (50 %), groupe_2 (15 %) et groupe_3 (35 %) (Figure 51).

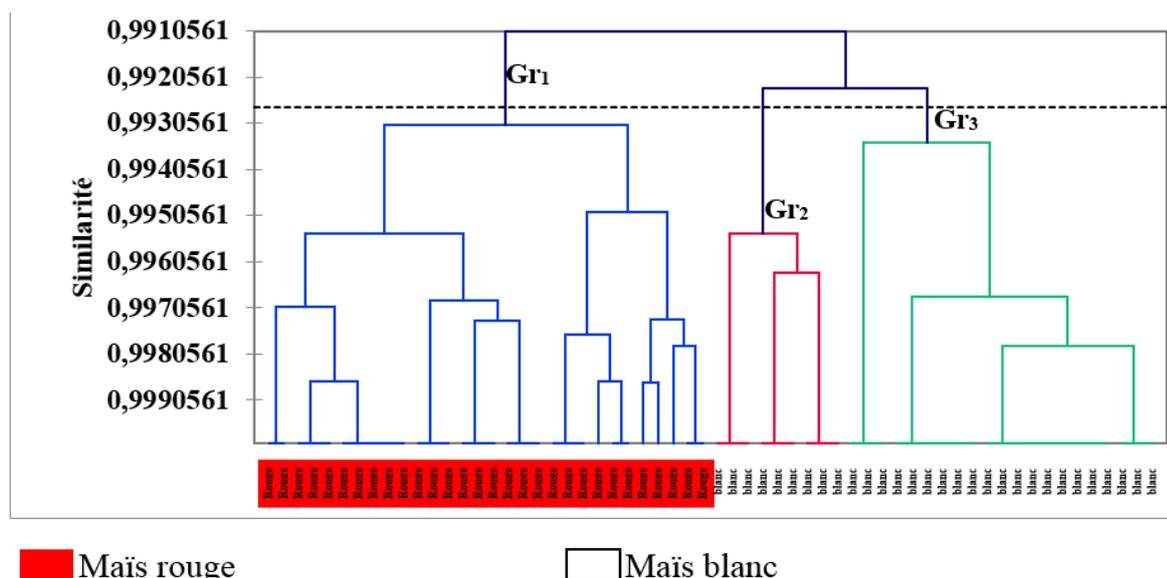


Figure 51 : classification ascendante hiérarchique des individus de la Côte d'Ivoire :

Gr₁ (groupe_1), Gr₂ (groupe_2), Gr₃ (groupe_3).

Le groupe_1 est composé uniquement que d'individus provenant du maïs rouge (100%). Le groupe_2 et le groupe_3 sont constitués que des individus issus du maïs blanc à des proportions respectives de 30% et 70%. Ces différents groupes sont homogènes car étant constitués d'un seul type de maïs (Tableau XVII).

Tableau XVII : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe des individus de la Côte d'Ivoire.

Composition des groupes morphométriques			
Types de maïs	Maïs rouge	Maïs blanc	
Groupes			
Gr_1 (50 %)	100 %	----	
Gr_2 (15 %)	----	100 %	
Gr_3 (35 %)	----	100 %	
Répartition des types de maïs dans les groupes			
Groupes	Gr_1	Gr_2	Gr_3
Types de maïs			
Maïs rouge	100 %	----	----
Maïs blanc	----	30 %	70 %

Les individus de la population du **Cameroun** sont aussi répartis en trois groupes. Les proportions de ces trois groupes sont : groupe_1 (50%), groupe_2 (10%), groupe_3 (40%) (Figure 52).

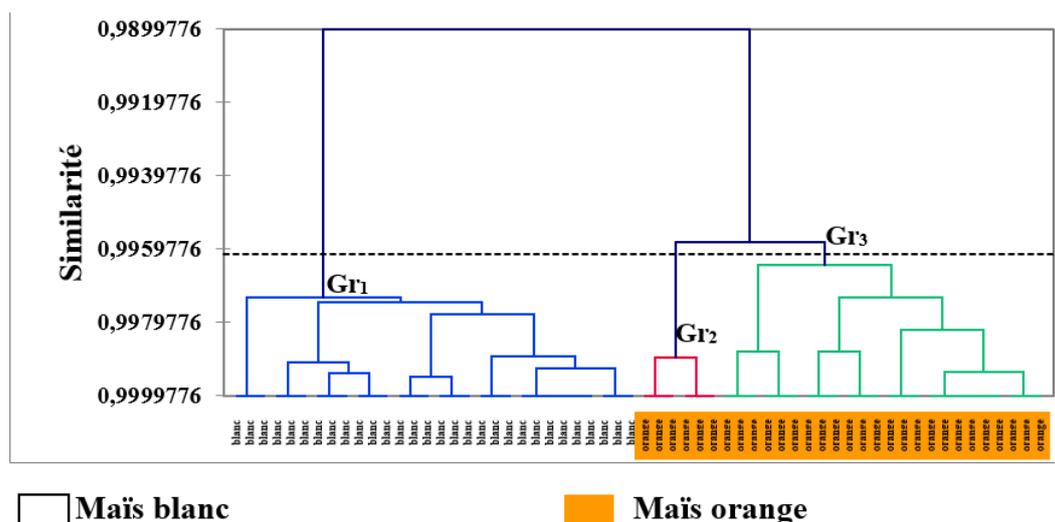


Figure 52 : classification ascendante hiérarchique des individus du Cameroun :
Gr1 (groupe_1), Gr2 (groupe_2), Gr3 (groupe_3).

Les individus issus du maïs blanc de la population du Cameroun forment un seul groupe morphométrique (groupe_1). Par contre, ceux issus du maïs orange sont répartis dans deux groupes dont les proportions sont respectivement : 20 % et 40 % (Tableau XVIII).

Tableau XVIII : composition des groupes morphométriques et répartition dans chaque groupe de la population du Cameroun.

Composition des groupes morphométriques			
Types de maïs	Maïs blanc	Maïs orange	
Groupes			
Gr_1 (50 %)	100 %	----	
Gr_2 (10 %)	----	100 %	
Gr_3 (40 %)	----	100 %	
Répartition des types de maïs dans les groupes			
Groupes	Gr_1	Gr_2	Gr_3
Types de maïs			
Maïs blanc	100 %	----	----
Maïs orange	----	20 %	80 %

II.2.2 Discussion

Ce chapitre avait pour objectif de déterminer l'existence de groupes morphométriques de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et en Afrique Centrale selon deux facteurs : la localisation géographique et le type de maïs.

II.2.2.1 Analyse factorielle discriminante (AFD)

Selon le critère du coude, deux axes factoriels sont retenus pour les mensurations brutes et les données transformées. Ces deux axes factoriels montrent une variabilité morphométrique plus grande pour les mensurations brutes que pour les mensurations transformées. Cette différence de pourcentage d'inertie traduit l'élimination de l'effet taille entre ces dernières.

Avec les mensurations brutes, pour les individus provenant du maïs jaune, suivant les deux axes factoriels, certains présentent des ressemblances entre eux et des dissemblances par rapport aux autres. C'est le cas entre les individus du Mali et de la Guinée Conakry, ceux du Sénégal et du Ghana. Cette ressemblance est due par le fait que ces individus ont des tailles semblables. Après l'élimination de l'effet taille, les individus du Sénégal, du Mali et du Ghana présentent des ressemblances entre eux et une dissemblance avec les individus de la Guinée Conakry. Cependant, les ressemblances rencontrées s'observent entre des individus provenant de pays géographiquement éloignés et n'ayant pas les mêmes conditions agro-écologiques. Les distances géographiques entre pays ne semblent pas être déterminantes en ce qui concerne les ressemblances, comme pour le cas de l'étude de l'identification morphométrique de population soudano-sahéliennes de *Caryedon serratus* (Sembène et Delobel, 1996). Les ressemblances et les dissemblances ne seraient donc pas liées, ni aux conditions agro-écologiques et climatiques, ni à la distance géographique des pays.

Pour les individus issus du maïs blanc, l'élimination de l'effet taille a accentué d'avantage les ressemblances entre les individus. Ainsi les individus de la population du Sénégal, de la Côte d'Ivoire et de la RCA présentent des ressemblances entre eux et des dissemblances avec les individus de la population du Cameroun, du Mali et du Niger. Il se pourrait aussi, pour ces individus que les ressemblances et les dissemblances ne soient pas liées, ni à la distance géographique des pays, ni aux conditions climatiques et conditions agro-écologiques.

En analysant les individus de chaque pays séparément, en fonction des types de maïs, on se rend compte que pour les mensurations brutes et celles transformées, des différenciations sont observées. C'est le cas du Sénégal et du Mali, où les individus issus du maïs jaune se différencient faiblement des individus issus du maïs blanc. Pour les individus de la Côte d'Ivoire, la discrimination est très nette, car ceux provenant du maïs blanc se différencient

nettement de ceux issus du maïs rouge. De même pour le Cameroun, où les individus issus du maïs blanc se discriminent nettement des individus provenant du maïs orange. Cette discrimination au sein des pays pourrait être due à la composition organoleptique des différents types de maïs. La même tendance a été observée par l'étude de Moumouni *et al.* (2014) sur l'influence de trois variétés du Niébé sur la biologie et la morphométrie de *Bruchidius atrolineatus*, ravageurs du niébé au Niger. D'après le FAO (1998), les principaux éléments nutritifs des types de maïs présentent une grande variabilité dans leur composition. Cette variabilité est à la fois d'ordre génétique et environnemental. En effet dans notre étude, le maïs blanc est beaucoup plus riche en matière grasse (3,85%) que le maïs orange (3,50%), le maïs jaune (3,5%) et le maïs rouge (0,47%). Par contre, il est moins riche en amidon (57,17%) que le maïs rouge (63,48 %) et le maïs jaune (60,09%). Le maïs blanc est aussi moins riche en protéine (9,68%) que le maïs orange (10,07%) et le maïs jaune (10,44%) (voir annexe 2). La discrimination morphométrique de *Sitophilus zeamais* selon le support alimentaire (type de maïs) corrobore celle de *Tribolium castaneum* sur du mil, du riz et du maïs à Widou Thiengoli (Dia *et al.*, 2017) et sur du mil et du riz en Afrique de l'ouest (Dia *et al.*, 2018). Selon ces auteurs, les différences morphologiques significatives de *T. castaneum* trouveraient leurs explications dans la composition organoleptique des grains.

II.2.2.2 Analyse factorielle des correspondances (AFC)

Avec l'analyse factorielle des correspondances (AFC), des individus issus du maïs jaune, trois groupes morphométriques sont identifiés, avec un pourcentage d'inertie de 100%. Mais néanmoins, l'AFC de ces individus conserve certaine rassemblement de l'AFD. Il s'agit du groupe formé des individus du Sénégal et de quelques individus du Ghana. Cependant des correspondances sont notées entre les individus de la Guinée Conakry et de quelques individus du Ghana.

Pour l'analyse factorielle des correspondances (AFC), des individus issus du maïs blanc, trois groupes morphométriques sont aussi distingués, avec un pourcentage d'inertie de 79,46%. Cette AFC maintient également certaine rassemblement de l'AFD. Il s'agit notamment, du groupe formé par les individus du Cameroun et du Mali et aussi du groupe composé des individus de la Côte d'Ivoire de quelques individus du Sénégal et de la RCA. Dans la majeure partie des populations de cette études, les individus proviennent de deux types de maïs notamment au Sénégal, au Mali, en Côte d'Ivoire et au Cameroun. En fait, l'analyse factorielle de correspondance au sein de chaque pays a montré qu'à l'exception des individus du Cameroun, ceux provenant de chaque types de maïs constituent un groupe morphométrique à part. Ceci

confirme davantage que la discrimination entre les populations de *S. zeamais* serait plus en faveur de la composition organoleptique des types de maïs.

II.2.2.3 Matrice de confusion pour les résultats de la validation croisée

L'analyse de la matrice de confusion des résultats de la validation croisée des populations issues du maïs jaune a montré que les individus des populations du Ghana et de la Guinée Conakry sont les plus homogènes et ceux du Mali et du Sénégal sont les plus hétérogènes. L'homogénéité des individus du Ghana s'expliquerait par le fait que ce dernier est un pays exportateur de maïs (CILSS, 2013). Il y a peu ou pas d'individus de *S. zeamais* provenant d'autre pays. Quant à la population de la Guinée Conakry, malgré que cette dernière soit un pays importateur de maïs (CILSS, 2013), son homogénéité pourrait être due par un accroissement de la production locale de maïs marquée par une prédominance de l'agriculture familiale (Garambois, 2016). Les individus de *S. zeamais* ne seraient issus que de ce maïs local. L'hétérogénéité des individus du Mali et du Sénégal serait due par l'importation d'une partie du maïs. Ces deux pays importent respectivement 17% et 12% de leurs maïs (CILSS, 2017).

Pour l'analyse de la matrice de confusion des résultats de la validation croisée des populations issues du maïs blanc, l'homogénéité des individus de la Côte d'Ivoire, découlerait du fait que cette dernière est le principal fournisseur de maïs de la sous-région (CILSS, 2017). Quant à la population du Cameroun, l'homogénéité s'expliquerait par l'autosuffisance en maïs de ce pays (PAM, 2011(a)). Les individus de ces deux populations ne proviendraient que du maïs cultivé dans ces pays. Selon CILSS, (2017), le Niger est un pays importateur de maïs. Cette importation du maïs pourrait aussi expliquer l'hétérogénéité des populations du Niger. De même l'importation du maïs de la RCA (PAM, 2011 (b)) serait à l'origine de l'hétérogénéité morphologique de la population de la RCA.

II.2.2.4 Classification ascendante hiérarchique (CAH)

L'étude de la classification ascendante hiérarchique des individus a indiqué une similarité entre certaines populations. Pour les individus issus du maïs jaune, cinq groupes morphométriques sont identifiés, avec les individus de la Guinée qui présentent la morphologie la plus variée. Cependant, les similarités observées entre certains individus ne font que confirmer les ressemblances morphologiques qui ont été identifiées entre certaines populations dans l'analyse factorielle discriminante des populations. C'est le cas des individus du Sénégal, du Ghana et du Mali qui se retrouvent dans le groupe morphométrique 4. Toutefois, les groupes morphométriques 1 et 2 sont spécifiques respectivement aux populations de la Guinée Conakry et du Sénégal. L'existence de ces groupes morphométriques spécifiques pourrait trouver leur

explication soit dans les conditions agro-écologiques, soit dans les conditions de stockages de ces pays, compte tenu du fait qu'en Guinée Conakry, selon Camara (1994), les moyens appropriés pour le stockage font défaut. Les épis entreposés, souvent mal conditionnés, ne bénéficient d'aucun traitement phytosanitaire. Les entrepôts sont mal aérés et constituent des foyers de prolifération des insectes. Donc dans ce pays un groupe d'insectes serait en permanence présent dans les zones de culture. Tout compte fait, ces pareilles conditions de stockages seraient favorables à un système de reproduction fermé. Au Sénégal, les attaques constatées sur le maïs en stock débutent pendant le séchage des épis au champ (Gueye *et al.*, 2012). A cela s'ajoute les types de stockage qui sont la plupart rudimentaires dont l'aération est mal respectée (Gueye *et al.*, 2012), favorisant davantage l'émergence d'insectes. En plus, ce sont les mêmes infrastructures de stockage qui sont utilisées après chaque récolte. Les individus nouvellement émergés seraient engendrés par les individus qui ont initialement infesté les stocks, ce qui rendrait le système de reproduction fermé à d'autres individus. Ce système de reproduction pourrait être à l'origine de ce groupe morphométrique spécifique au Sénégal.

Pour les individus issus du maïs blanc, sept groupes morphométriques sont déterminés, avec les individus de la RCA qui se trouvent être les plus morphologiquement hétérogènes. Les similarités observées entre certains individus du groupe morphométrique 7 confirment aussi les ressemblances morphométriques de l'AFD. Pour ce type de maïs, les groupes morphométriques 1 et 3 sont spécifiques aux populations respectives du Niger et de la côte d'Ivoire.

La classification ascendante hiérarchique au sein de chaque pays a révélé 7 groupes morphométriques pour les individus du Sénégal. Les quatre premiers groupes sont spécifiques au maïs jaune, les groupes 5 et 7 sont rencontrés sur du maïs blanc. Cependant le sixième groupe renferme à la fois des individus issus du maïs jaune et blanc, donc très similaires. Cette similarité explique l'introgression importante observée pendant l'analyse factorielle discriminante. Etant donné que pour chaque type de maïs, il existe des groupes morphométriques, la morphologie des insectes ne serait pas seulement liée à la composition organoleptique des types de maïs. Il se pourrait qu'il existe d'autres facteurs qui interviennent dans la morphologie des insectes. C'est le même constat qui est fait pour les individus du Mali, où les groupes morphométriques 2 et 3 sont composés uniquement d'individus du maïs jaune. Pour ce pays, le groupe 1 renferme des individus du maïs jaune et du maïs blanc expliquant ainsi l'introgression observée de l'analyse factorielle discriminante. Quant aux individus de la Côte d'Ivoire, il n'existe pas de similarité entre ceux issus sur du maïs rouge et ceux provenant du maïs blanc. Néanmoins les individus provenant du maïs blanc constituent deux groupes morphométriques, montrant davantage que la morphologie des insectes n'est pas uniquement

liée à la composition organoleptique des types de maïs. De même au Cameroun, il n'y a pas de similarité entre les individus issus du maïs blanc et ceux issus du maïs orange. Cependant les individus provenant du maïs orange sont constitués de deux groupes morphométriques.

Conclusion partielle

La détermination de groupes morphométriques de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et du Centre, en fonction des pays et des types de maïs est d'une importance capitale. Elle permet de voir si la morphologie de cet insecte dépend de l'origine géographique ou du type de maïs. Ceci afin d'élaborer une traçabilité de cet insecte nuisible pour une meilleure stratégie de lutte durable.

L'analyse factorielle discriminante des individus issus du maïs jaune et du maïs blanc des différents pays a révélé l'existence de groupes morphométriques qui ne seraient pas liées aux conditions agro-écologiques, climatiques et à la distance géographique des pays. Cependant, cette analyse au sein de chaque pays où les individus proviennent sur deux types de maïs montrerait que les groupes morphométriques seraient plus en faveur de la composition organoleptique des types de maïs. Ces résultats sont d'avantage confirmés par l'analyse factorielle de correspondance. Quant à l'analyse de la classification ascendante hiérarchique des populations de *S. zeamais*, elle montrerait qu'en plus de la composition organoleptiques des types de maïs, il existerait d'autres facteurs qui interviendraient dans la caractérisation morphométrique.

Neamoins, l'ensemble des analyses de cette étude, nous permet de dire que les populations de *S. zeamais* seraient structurées morphologiquement en fonction des types de maïs. Tout compte fait, une étude génétique est nécessaire pour voir si les différences morphométriques décelées sont observables au niveau moléculaire en utilisant des gènes mitochondriaux.

CHAPITRE III :
Caractérisation génétique des populations de
***Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera :**
Curculionidae) infestant des types de maïs en
Afrique de l'Ouest et du Centre

CHAPITRE III : CARACTERISATION GENETIQUE DES POPULATIONS DE *SITOPHILUS ZEAMAI*S MOTSCHULSKY (COLEOPTERA : CURCULIONIDAE) INFESTANT DES TYPES DE MAÏS EN AFRIQUE DE L'OUEST ET DU CENTRE

Introduction

La production du maïs est largement répandue depuis les années 70 en Afrique de l'ouest et du centre (Fusillier, 1994). Le choix de sa culture est lié à sa richesse en amidon (72 à 73% de son poids) et de sa convenance à produire de l'éthanol. Il représente la première production céréalière devant le riz et le blé (Anzala, 2006 ; Anonyme, 2012 ; Larsen, 2012). Le maïs est l'un des piliers de la sécurité alimentaire mondiale (FAO, 2016). Le développement de sa culture en Afrique de l'Ouest et du Centre est dû aux immenses potentiels agricoles de leurs écosystèmes (Blein *et al.*, 2008). Mais aussi du fait que le maïs est valorisé dans l'alimentation humaine et dans la fabrication d'aliments bétail, notamment pour les volailles (CEDEAO, 2015). La plupart des pays Ouest africains et du centre se sont fixés comme objectif l'autosuffisance alimentaire pour une sécurité alimentaire par une augmentation des rendements des cultures vivrières et la promotion des semences de nouvelles variétés. Cela implique un stockage et une bonne conservation de la production en vue d'une consommation au fur et à mesure des besoins et une transformation de la matière première pour augmenter la valeur et générer des revenus (Seck, 2009). Ceci est une nécessité, car la majeure partie de la production agricole des pays d'Afrique de l'Ouest et du centre est saisonnière alors que l'utilisation du maïs se fait tout au long de l'année. Durant le stockage, les céréales en particulier le maïs subissent d'importantes pertes pouvant aller jusqu'à 50% de la récolte totale. Ce qui représente selon Haff (2004) une perte dans le monde de l'ordre des milliers de millions d'euros. Ces pertes sont le plus souvent causées par les insectes comme *Sitophilus zeamais* (Motschulsky, 1855). Ce dernier occasionne la colonisation des stocks par des ravageurs secondaires et des champignons producteurs de toxines à l'image de *Aspergillus flavus* (Gueye *et al.*, 2011). Face à ces nombreux dommages, plusieurs techniques de lutte ont été élaborées en allant des luttes chimiques avec ses conséquences néfastes sur l'environnement, aux luttes physiques parfois très coûteuses dans nos régions. Donc, une meilleure connaissance de la structure génétique de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et du Centre semble être nécessaire pour pouvoir adopter une lutte adéquate. C'est dans ce cadre que ce chapitre se fixe comme objectif de caractériser génétiquement des populations de *S. zeamais* en fonction des types de maïs et des pays à partir de deux marqueurs mitochondriaux, le *Cytochrome oxydase I (COI)* et le

Cytochrome b (*Cyt-b*). Pour cela, la diversité et la structure génétiques, l'évolution démographique des populations de *S. zeamais* et les relations phylogénétiques des haplotypes ont été déterminées.

III. 1 Matériel et méthodes

III.1.1 Echantillonnage

III.1.1.1 Sites d'étude

Ce sont les mêmes sites d'étude que ceux présentés dans le chapitre II.

III.1.2.2 Population d'étude

Selon Hartl et Clark, (2007) la population évolutive se définit comme un groupe d'individus de la même espèce vivant dans une zone géographique suffisamment restreinte de telle sorte que chaque membre ait potentiellement une chance équivalente de se reproduire avec chaque membre de sexe opposé. Dans notre étude, la population correspond à un ensemble d'individus issus d'un même pays et échantillonnés sur le même type de maïs. Ainsi, 11 populations ont été définies. Les échantillons ont été acheminés au laboratoire pour les différentes analyses moléculaires (Tableau XVIII).

Tableau XIX : tableau récapitulatif des populations d'étude.

Pays	Types de maïs	Populations	Codes d'échantillons	Nombre d'individus séquencés		Coordonnées géographiques	
				<i>COI</i>	<i>Cyt-b</i>	Latitude	Longitude
Cameroun	orange	Cameroun_orange	SCO	06	04	4° 45' 0'' Nord	11° 49' 59'' Est
	blanc	Cameroun_blanc	SCB	06	03	5° 30' 0'' Nord	10°40'0'' Est
RCA	blanc	RCA_blanc	SRCAB	20	20	4° 21' 40'' Nord	18° 33' 17'' Est
Côte d'Ivoire	rouge	Côte d'Ivoire_rouge	SCIR	21	15	4° 44' 54'' Nord	6° 39' 10'' Ouest
Ghana	jaune	Ghana_jaune	SGJ	18	10	5° 52' 0'' Nord	0° 11' 48'' Ouest
Mali	jaune	Mali_jaune	SMJ	06	-----	12° 39' 0'' Nord	8° 0' 0'' Ouest
	blanc	Mali_blanc	SMB	10	10		
Niger	blanc	Niger_blanc	SNB	08	10	13° 30' 49'' Nord	2° 6' 35'' Est
Guinée Conakry	Jaune	Guinée_jaune	SGuJ	09	10	11° 19' 05'' Nord	12°16' 59'' Ouest
Sénégal	jaune	Sénégal_jaune	SSJ	15	15	13°35'45'' Nord	15°36'16'' Ouest
	blanc	Sénégal_blanc	SSB	06	05	13°31'26'' Nord	13°30'43'' Ouest

III.1.2 Etude génétique

III.1.2.1 Choix des gènes amplifiés

Les deux gènes amplifiés sont des gènes d'ADN mitochondrial (*Cytochrome Oxydase I* et le *Cytochrome b*). Les gènes d'ADN mitochondrial se caractérisent essentiellement par leurs transmissions maternelles (Birky, 2001), par un processus appelé SMI (*strict maternal inheritance*) via les ovocytes, dans le but d'éviter toute incompatibilité entre les produits d'expression des ADN des compartiments nucléaires et mitochondriaux. Ils se distinguent par leurs taux d'évolution qui est 10 fois plus rapide que les taux d'évolution des gènes d'ADN nucléaire chez les animaux (Avice *et al.*, 1987). Les gènes d'ADN mitochondrial se caractérisent aussi par une absence de recombinaison méiotique, de ce fait leurs variations ne sont dues qu'à des mutations cumulées, permettant ainsi d'utiliser les séquences polymorphes comme des haplotypes uniques (Avice, 2000). Mais néanmoins, les deux gènes amplifiés ont des particularités :

➤ **le *Cytochrome Oxydase I (COI)*** : c'est un composant essentiel de transport des électrons et également un transporteur mobile de la chaîne respiratoire. Il est l'un des gènes de protéines de codage les plus conservatrices dans le génome mitochondrial des animaux (Brown, 1985 ; Folmer *et al.*, 1994). Ce gène est *a priori* peu variable et la transmission se fait selon le principe de l'hérédité maternelle et ne se recombine pas. Chez les insectes, sa taille est d'environ 1540 paires de bases (pb) (Spicer, 1995 ; Lunt *et al.*, 1996 ; Wang *et al.*, 2012 ; Shi *et al.*, 2013). Il est très utilisé en phylogénie et en phylogéographie. Le *COI*, est très utile dans le processus du barcoding (Decaëns *et al.*, 2013 ; Ndong *et al.*, 2015). En effet, c'est le fragment standard du génome choisi (pour le règne animal) comme marqueur génétique pour la discrimination des espèces et pour révéler la diversité cryptique (Hebert *et al.*, 2004 ; Decaëns *et al.*, 2013).

➤ **le *Cytochrome b (Cyt-b)*** : c'est un des cytochromes impliqués dans le transport des électrons de la chaîne respiratoire de la mitochondrie. Il est l'un des gènes les plus utilisés pour la phylogénie, et est probablement le gène mitochondrial le mieux connu en ce qui concerne la structure et la fonction de la protéine produite (Farias *et al.*, 2001). Chez les insectes, la longueur du *Cyt-b* est comprise entre 1140 et 1150 pb (Takehana *et al.*, 2003 ; Wang *et al.*, 2012 ; Shi *et al.*, 2013). Ce gène se caractérise par plusieurs régions conservatrices et variables ou domaines généraux, mais aussi par une évolution lente et rapide des positions de codon. Il a une importante utilité en ce qui concerne une grande diversité de questions systématiques, de

« profonde » phylogénie pour la population et les niveaux de divergence récents (Farias *et al.*, 2001). C'est un gène à transmission maternelle hautement polymorphe. Il permet, en comparant les séquences d'un gène chez différents individus de la même espèce ou d'espèce différente, de mettre en évidence des mutations ponctuelles. Il est aussi plus résolutif dans les analyses intra-spécifiques que le *COI* (Ndong *et al.*, 2015).

III.1.2.2 Extraction d'ADN

La méthode « EZ-10 Spin Column Genomic DNA Minipreps Kit, Animal » a été utilisée pour les extractions de l'ADN des insectes. Pour cela, chaque insecte a été broyé dans un tube de 1,5 ml dans lequel on ajoute 300 µl de solution ACL pour une dissociation des tissus et une individualisation des cellules puis 20 µl de protéinase K pour dégrader toutes les protéines après une incubation à 55°C pendant 3h en vortexant de temps en temps. Après refroidissement, le mélange est vortexé pendant 20 secondes et centrifugé à 12 000 rpm pendant 5 min. Par la suite, 300 µl de solution AB est ajoutée, l'ensemble est mélangé par inversion du tube et incubé pendant 2 minutes à température ambiante. Il s'ensuit un transfert du lysat sur la colonne EZ-10 contenant une membrane de silice et préalablement placée dans un tube collecteur de 2 ml et une centrifugation à 4000 rpm pendant 2 min. Après avoir vidé le tube collecteur, 500 µl de solution WASH est ajouté puis centrifugé à 10000 rpm pendant 2 min. En effet l'ADN chargé négativement est retenu par interactions ioniques sur la membrane de silice chargée positivement. Par contre les protéines et les lipides passent à travers la membrane et se retrouvent au niveau du tube collecteur. Après avoir vidé le tube collecteur, pour purifier l'ADN retenue dans la colonne, 500 µl de solution WASH est ajoutée puis centrifugée à 10000 rpm pendant 2 min. Le tube collecteur est vidé, puis 500 µl de solution WASH est ajouté à nouveau et centrifugé à 10000 rpm pendant 2 min. Après avoir vidé le tube collecteur, et afin d'éliminer la solution WASH résiduelle, une centrifugation à 10 000 rpm pendant 1 min est effectuée. La colonne est placée sur un tube de 1,5 ml, puis 50 µl de tampon d'élution chauffé au préalable à 55°C est directement ajouté sur la membrane pour récupérer l'ADN. Le tube est incubé pendant 2 à 3 min à température ambiante, puis centrifugé à 10 000 rpm pendant 1 min. L'ADN ainsi obtenu est conservé à - 20°C.

III.1.2.3 Migration électrophorétique

L'électrophorèse consiste à séparer des fragments d'ADN en fonction de leur taille par migration dans une matrice solide appelée gel d'agarose soumis à un champ électrique. La molécule d'ADN ayant une charge négative va migrer sous l'effet du champ électrostatique

vers l'anode. Cependant, les puits de dépôt permettent de déterminer la distance parcourue. Ceci dépend de la taille de chaque fragment. En effet, plus la taille du fragment est petite, plus grande sera la distance parcourue et *vice-versa*. La migration électrophorétique se fera en déposant 7 µl d'extraits d'ADN mélangé à 3 µl de bleu de bromophénol, sur un gel d'agarose de 1,5% pendant 30 à 35 minutes à 100 volts. La migration de l'ADN est révélée dans une chambre noire sous UV après passage dans un bain de Bromure d'Ethidium (BET). A l'aide d'un marqueur de taille Smart ladder 200 pb, la taille de l'ADN est approximativement évaluée.

III.1.2.4 PCR du *Cytochrome oxydase I* et *Cytochrome b*

Elle repose sur une amplification sélective *in vitro* d'une séquence particulière d'ADN matrice par extension de deux amorces par une ADN polymérase, en présence de désoxyribonucléotides (dNTP) et d'ions Mg²⁺. Pour le *COI*, l'amplification a été accomplie dans un volume réactionnel de 25 µl contenant 19,3 µl d'eau MilliQ, 0,5 µl de dNTP, 2,5 µl du tampon non coloré (10X), 1 µl de MgCl₂, 0,25 µl de chaque amorce (Ron et Nancy), 0,2 µl de Taq polymérase et 1 µl d'ADN matrice. L'amplification du *Cyt-b* a été réalisée dans un volume réactionnel de 25 µl contenant 18,3 µl d'eau MilliQ, 0,5 µl de dNTP, 2,5 µl du tampon non coloré (10X), 1 µl de MgCl₂, 0,25 µl de chaque amorce (CB1 et CB2), 0,2 µl de Taq polymérase et 1 µl d'ADN matrice.

Pour le *COI* et le *Cyt-b*, la PCR est réalisée grâce à un thermocycleur en trois étapes : dénaturation initiale à 94°C pendant trois minutes, suivie de 35 cycles de dénaturation des deux brins de l'ADN à 94°C pendant 1 minute ; d'hybridation des amorces à 47°C pendant 1 minute et une élongation du brin d'ADN complémentaire à 72°C pendant 1 minute ; et une élongation finale à 72°C pendant 10 minutes qui termine la PCR. L'ensemble de ces étapes constituant un cycle, permet d'assurer une multiplication par deux du segment d'ADN cible. La technique du PCR est basée sur la répétition de plusieurs cycles en utilisant des amorces. Ainsi les amorces utilisées pour l'amplification du *Cytochrome b* et du *Cytochrome oxydase I* sont présentées dans le tableau XIX.

Tableau XX : amorces du *COI* et du *Cyt-b*.

Gène	Nom des amorces	Séquences des amorces
<i>COI</i>	C1-N2191 (R alias Nancy)	(5'-CCA GGT AAA ATT AAA ATA TAA ACT TC-3')
	C1-J-1751 (F alias Ron II)	(5'- GGA TCA CCT GAT ATA GCA TTC CC- 3')
<i>Cyt-b</i>	CB-J- 10933	(5'-TAT GTA CTA CCA TGA GGA CAA ATA TC-3')
	CB-N-11367	(5'- ATT ACA CCT CCT AAT TTA TTA GGA AT-3')

III.1.2.5 Séquençage du *Cytochrome oxydase I* et du *Cytochrome b*

Le séquençage est une technique qui consiste à déterminer les nucléotides d'un fragment d'ADN. Il a été réalisé en Corée du Sud. Ainsi, il permet de mettre en évidence des mutations ponctuelles, en comparant les séquences d'un même gène chez différents individus. Ceci se fait grâce à une réaction de PCR particulière, en utilisant en plus des composés habituels (ADN-matrice, polymérase, amorces, dNTPs, Mg²⁺), des nucléotides modifiés, tels que les didesoxyribonucléotides (ddNTPs). Ces derniers ont la particularité d'être couplés à des fluorochromes : ddATP-vert, ddTTP-rouge, ddCTP-bleu et ddGTP-jaune. Il faut ajouter aussi le fait qu'il ne possède pas de groupement OH à l'extrémité 3' du désoxydoribose. L'importance de ces ddNTPs est leurs incorporations par la polymérase qui bloque l'élongation de la molécule d'ADN complémentaire en cours de copie. De ceci va en découler des fragments de petite taille. Ces derniers sont par la suite séparés par électrophorèse sur gel d'acrylamide (des plus petits aux plus grands). Et enfin grâce à un balayage automatique d'un laser, permettant de détecter les différents fluorochromes couplés aux quatre ddNTPs, la lecture du gel est réalisée.

III.1.3 Analyses statistiques et génétiques

III.1.3.1 Alignement et correction des séquences

L'alignement des séquences est d'une importance capitale pour déterminer la similarité ou non des sites (Swofford *et al.*, 1996). C'est donc une étape primordiale dans le processus de la reconstruction phylogénétique. Ainsi, les séquences brutes ont été alignées et corrigées avec le logiciel BioEdit version 7.0.5.3 (Hall, 2005). Ce dernier utilise l'algorithme Clustal-W de Thompson *et al.* (1997). Cet algorithme fait partie des méthodes dites d'alignement global. Le logiciel BioEdit est d'une efficacité remarquable, si le jeu de donnée ne présente pas une complexité particulière, des séquences très éloignées phylogénétiquement, des régions hypervariables, des portions non-homologues (Mahé, 2009).

III.1.3.2 Diversité génétique des populations

III.1.3.2.1 Polymorphisme génétique

Le polymorphisme génétique est constitué par les mutations qui échappent aux systèmes de réparation de l'ADN au fil des divisions cellulaires. Leur taux d'apparition est donc une variable biologique (Michel, 2018). L'étude du polymorphisme permet de déterminer les niveaux de variation biologique telle que le gène, la protéine allant même jusqu'au phénotype

de l'individu. Ainsi, certains paramètres de polymorphisme tel que le nombre de sites invariables, le nombre de sites polymorphes (S), qui englobe le nombre de sites variables singletons et le nombre de site informatifs en parcimonie ont été déterminés par le logiciel Dnasp version 5.10.01 de Rozas *et al.* (2010).

III.1.3.2 Indices de diversité génétique

Afin de mieux appréhender la diversité génétique des populations de *S. zeamais* en fonction des types de maïs, et de la localisation géographique, des indices de diversité génétique ont été calculés par le programme DnaSP version 5.10.01 (Rozas *et al.*, 2010). Ces indices sont le nombre d'haplotype (N), le nombre de site polymorphes (S), la diversité haplotypique (Hd), la diversité nucléotidique (π) et le nombre moyen de différences nucléotidiques entre paire de séquences (K). En effet, la diversité haplotypique correspond à la probabilité que deux haplotypes tirés au hasard dans une population soient semblables. Selon Nei (1987), plus la diversité haplotypique est élevée au sein d'une population, plus il y a de chances d'observer des haplotypes différents en sélectionnant deux individus au hasard. Elle a été calculée par la formule suivante :

$$Hd = \sum f_i^2 \text{ où } f_i \text{ est la fréquence de l'haplotype } i.$$

La diversité nucléotidique représente le nombre moyen de substitutions nucléotidiques par site entre deux séquences (Nei et Li, 1979). Elle a été calculée selon la formule suivante :

$$\Pi = \sum_{i < j}^m dij / C$$

Avec m le nombre total de séquences examinées, C le nombre total de comparaisons effectuées deux à deux et dij le nombre de substitutions nucléotidique par site entre la séquence i et j. Plus les séquences sont distantes en termes de nombres de sites polymorphes les différenciant, plus la diversité nucléotidique sera élevée (Nicola *et al.*, 2015).

III.1.3.2.3 Répartition des haplotypes

L'étude de la répartition des haplotypes permet de visualiser la distribution des haplotypes dans les différents pays échantillonnés, d'identifier les haplotypes partagés et ceux privés. L'haplotype désigne un ensemble d'individus qui ont une succession nucléotidique identique pour une séquence d'ADN donnée. Ainsi la détermination du nombre d'haplotype a été faite par le logiciel DnaSP.5.10.01 de Rozas *et al.* (2010).

III.1.3.2.4 Fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés

La comparaison de la fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés, ainsi que les pourcentages de transition et de transversion entre les populations, donnent un aperçu de la diversité de ces dernières. La fréquence des nucléotides et celles des acides aminés de chaque population sont déterminées par le logiciel MEGA version 7.0.9 de Tamura *et al.* (2018). Par la suite la fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés, de même que leurs significativités ont été obtenues par le logiciel R version 3.4.1 de Bloomfield (2014). En vérifiant tout d'abord si les fréquences moyennes suivent une loi normale ou non, en faisant le test de Shapiro-Wilk. Etant donné que la p-value du test est inférieure à 0,05, donc les fréquences moyennes ne suivent pas une loi normale. Tout compte fait, le test de Kruskal-Wallis (non paramétrique) est réalisé pour une comparaison multiple des fréquences moyennes en fixant le seuil de significativité α à 0,05. Le test de Wilcoxon avec l'ajustement de Bonferroni (non paramétrique) est réalisé pour tester la significativité des écarts de fréquences moyennes pris deux à deux. Quant aux pourcentages de transition et de transversion, ils ont été déterminés par la méthode de substitution de Kimura 2 paramètres avec le logiciel MEGA 7.0.9 de Tamura *et al.* (2018). Cette méthode stipule que les sites évoluent indépendamment et de la même façon (à taux constant au cours du temps).

III.1.3.3 Structure génétique

Selon Avis (1994), les modalités de reproduction et de dispersion sont très souvent difficiles à évaluer par des moyens directs. Mais elles peuvent être obtenues à partir des empreintes qu'elles laissent sur la distribution de la diversité génétique à différentes échelles spatiales.

III.1.3.3.1 Différenciation génétique

L'indice de différenciation génétique (F_{ST}) est déterminé entre les groupes d'individus issus des types de maïs, des pays et entre les populations. Le F_{ST} permet de mesurer indirectement, la différenciation entre les groupes d'individus de *S. zeamais* issus des types de maïs, des pays et les populations à partir du polymorphisme génétique. Il peut être interprété comme la part de la variance due aux différences entre type de maïs, entre pays et entre populations. Il a été généré par le logiciel Arlequin 3.5.1.3 d'Excoffier *et al.* (2009). Selon Hudson *et al.* (1992), le F_{ST} des séquences d'ADN se calcule à partir des distances génétiques entre haplotypes, en traitant chaque site comme un locus distinct. Il renseigne sur la différenciation et l'effet des subdivisions des populations. Il représente le ratio entre la diversité

haplotypique inter populations sur la diversité haplotypique totale (Weir et Cockerham, 1984) selon le modèle en île c'est-à-dire une population globale non soumise à la sélection et subdivisée en sous populations de taille identiques échangeant un nombre de gène identique (Wright, 1951 ; 1969) ; et à l'équilibre migration/dérive (Weir et Cockerham, 1984 ; Nei, 1987). Le F_{ST} a été calculé par la formule suivante :

$$F_{ST} = 1 / (4Nem + 1) \text{ d'où } Nem = (1 - F_{ST}) / 4 * F_{ST}$$

N_e est la taille efficace de chaque population et m le taux de migration, donc Nem correspond au nombre de migrant par génération. Plus la valeur de Nem est supérieure à 1, plus l'échange de gènes est important. Les valeurs du F_{ST} sont comprises entre 0 et 1. Le $F_{ST} = 0$, quand il n'y a pas de différence entre les fréquences haplotypiques des sous populations qui sont panmictiques, il y a donc absence de structuration des populations. Quand tous les échantillons sont totalement isolés les uns des autres, le F_{ST} est égal à 1.

III.1.3.3.2 Isolement génétique

L'étude de l'isolement génétique est effectuée en faisant une corrélation linéaire entre le F_{ST} et la distance géographique des pays. Avant tout d'abord, un test d'évaluation visuelle de la linéarité est effectué entre les deux variables. Les deux variables étant linéaires, la significativité du lien linéaire est par la suite évalué. Pour qu'un lien linéaire soit significatif, il faut que les variables soient indépendantes, suivent une loi normale et soient homogènes. Si l'ensemble des conditions est rempli, donc les résultats de la régression linéaire seront donc validés. Les tests d'évaluation de la linéarité et de la significativité du lien linéaire ont été effectués avec le logiciel R version 3.4.1 de Bloomfield (2014). L'étude de l'isolement génétique par la corrélation linéaire permet de voir s'il y a une structuration génétique en fonction des distances géographiques des pays.

III.1.3.3.3 Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

L'analyse de la variance moléculaire a été effectuée en fonction des types de maïs, des pays. C'est une analyse hiérarchique qui cherche à déterminer la source de la variance moléculaire. Cette procédure estime la proportion de variation génétique totale attribuable à différents niveaux hiérarchiques basés sur des regroupements à *priori* tels que les types de maïs, les pays qui peuvent représenter la population et sur la divergence génétique entre les regroupements en fonction d'un ou de plusieurs facteurs donnés. La significativité de l'analyse

de la variance moléculaire est effectuée pour 1023 permutations. L'analyse a été effectuée avec le logiciel Arlequin 3.5.1.3 d'Excoffier *et al.* (2009).

III.1.3.4 Evolution démographique

En plus des diversités haplotypique et nucléotidique (Grant et Bowen, 1998 ; Avise, 2000) dont l'avantage est que le résultat est indépendant de la longueur du fragment et de la taille de l'échantillon (Nei et Li 1979 ; Nei, 1987), certains paramètres permettent d'apprécier l'évolution démographique. Ces paramètres d'évolution démographiques sont les tests démogénétiques du F_S de Fu (Fu, 1997), du D de Tajima (Tajima, 1989a, b) et du R^2 (Ramos-Onsin et Rozas, 2002), l'analyse de mismatch distribution accompagnée des indices démographiques du mismatch distribution SSD et R_g (Harpending, 1994) et le coefficient d'expansion S/K (Peck et Congdon, 2004).

III.1.3.4.1 Tests démogénétiques

Les tests démogénétiques sont des tests de neutralité sélective et d'équilibre des populations. En effet, ils peuvent détecter un phénomène de sélection mais aussi un écart à l'équilibre démographique en testant l'hypothèse de l'équilibre mutation-dérive. Ces tests démogénétiques comme le D de Tajima correspond au nombre total de sites polymorphes (S) et la moyenne du nombre de différences observées entre paires de séquences (K). Le F_S de Fu compare le nombre moyen de différences observées entre paires de séquences (K) avec le nombre d'haplotypes (H) dans la population. Quant au R^2 de Ramos, il est une statistique complémentaire qui est basée sur les différences entre le nombre de mutations de type singletons (S_s) et le nombre moyen de différences observées entre paires de séquences (K). Les valeurs de D de Tajima et du F_S de Fu peuvent être interprétées de la manière suivante :

- si les valeurs sont proches de zéro, il y a une stabilité démographique et une absence de sélection ;
- des valeurs significativement négatives, suggèrent une expansion démographique (récente) avec un excès d'allèles rares peu divergents (une ou deux bases de divergences) et correspond à une sélection négative ou purificatrice (disparition des mutations délétères) ou un balayage sélectif (sélection positive : apparition et propagation d'un mutant avantageux dans la population) qui peut être récent s'il y a excès de singletons ;
- des valeurs significativement positives, évoquent une réduction drastique de l'effectif de la

population (goulot d'étranglement) avec un déficit de variants rares mais beaucoup d'hétérozygotie, elles concordent à une sélection balancée (maintien d'allèles avantageux ancestraux).

Les tests démogénétiques les plus puissants sont le F_s de F_u et le R^2 . Ils permettent de détecter la croissance des populations. Cependant le R^2 est le meilleur test pour les populations de tailles réduites et le F_s de F_u pour des populations de grandes tailles (Ramos-Onsins et Rosas, 2002). En effet, des valeurs de R^2 faible et significativement positives indiquent une expansion démographique. Par contre des valeurs de R^2 significativement négatives suggèrent une population constante. Ces tests démogénétiques ont été générés par le logiciel Arlequin 3.5.1.3 (Excoffier *et al.*, 2009), à l'exception du R^2 qui a été obtenu grâce au logiciel DnaSP.5.10.01 (Rozas *et al.*, 2010). Pour le R^2 , le niveau de significativité (5%) a été estimé après 1000 simulations coalescentes sous l'hypothèse nulle (neutralité) c'est-à-dire à l'équilibre mutation-dérive avec un taux de mutation constant et basé sur le nombre de sites polymorphes.

III.1.3.4.2 Mismatch distribution

L'analyse de mismatch distribution a été faite pour les types de maïs, les pays et les populations de *S. zeamais*. L'analyse de mismatch distribution (Hudson et Statkin, 1991 ; Rogers et Harpending, 1992) repose sur un principe assez simple : plus deux séquences ont divergé depuis longtemps, plus la différence de nombre de sites polymorphes entre les deux sera grande. Cette analyse a été réalisée avec le logiciel DnaSP version 5.10.01 (Rozas *et al.*, 2010), sous l'hypothèse d'une population constante. Ainsi, une distribution unimodale traduit une stabilité démographique. Alors qu'une distribution multimodale infère une population en expansion démographique (Rogger et Harpending, 1992 ; Harpending *et al.*, 1993).

III.1.3.4.3 Indices démographiques

Les indices démographiques tels que le **SSD** (Sum of Squared Deviation) et le **Rg** (Raggedness statistic) sont estimés entre les distributions observées et attendues afin de tester la validité de l'hypothèse d'expansion de l'analyse « mismatch distribution ». De ce fait leur significativité est testée. Si les *P-values* de SSD de Rg sont significatives, il y a écart entre les valeurs observées et celles simulées. La population est donc en stabilité démographique ou en début d'expansion démographique. Des *P-values* de SSD de Rg non significatives indiquent une absence d'écart entre les valeurs observées et celles simulées, donc une population en expansion démographique.

Le ratio S/K ou coefficient d'expansion (Von Haeseler *et al.*, 1996 ; Peck et Congdon, 2004) a également été utilisé (S : nombre de sites polymorphe et K : nombre moyen de différences nucléotidique entre paire de séquences). Par conséquent, des populations avec de forts ratios suggèrent l'expansion démographique récente au cours du temps alors que de faibles ratios indiquent une démographie constante à long terme (Peck et Congdon, 2004).

III.1.3.5 Réseau et relations phylogénétiques des haplotypes

III.1.3.5.1 Réseau d'haplotypes

Le réseau d'haplotypes permet de voir les liens qui existent entre les différents haplotypes. Il a été élaboré par le logiciel NETWORK 5.0.0.3 de 2018 en utilisant la méthode Median-Joining (Bandelt *et al.*, 1999).

III.1.3.5.2 Relations phylogénétiques des haplotypes

Les arbres phylogénétiques ont été générés en déterminant d'abord le modèle le plus adéquat pour chaque gène (*COI* et *Cyt-b*). En effet, les méthodes de reconstructions phylogénétiques reposent sur des hypothèses de processus de substitutions de l'ADN ou des acides aminés. Le niveau de confiance d'une analyse phylogénétique dépend de la qualité de l'ajustement en choisissant le modèle qui décrit le mieux les données (Schmidt *et al.*, 2002). Le choix du modèle a été fait en prenant celui qui a AICc le plus faible pour chaque gène. L'AICc (*Akaike Information Criterion* corrected) (Hurvich et Tsai, 1989) est la version corrigée de l'AIC (*Akaike information Criterion* ; Akaike, 1974) relativement à la taille de l'échantillon. Il est utilisé en accord avec les recommandations de Burnham et Anderson (2002). Ces recommandations stipulent que, pour utiliser AICc, il faut que n (la longueur de l'alignement) soit petit et/ou k (nombre de paramètres du modèle le plus complexe) soit grand. En d'autre terme, il faut que le ratio n/k soit petit et inférieur ou égal 40.

Pour le *COI*, le modèle le plus adéquat de reconstructions phylogénétiques est le modèle de Jukes et Cantor (1969). C'est un modèle markovien de substitution le plus simple où toutes les positions changent avec la même probabilité.

Pour le *Cyt-b*, le modèle de reconstructions phylogénétiques le plus adéquat est le T92+G de Tamura (1992).

Le modèle évolutif choisi peut suivre une distribution gamma qui décrit le taux de substitution qui change souvent d'un site à un autre à l'intérieur d'une séquence et la forme de cette distribution est déterminée par une valeur connue sous le nom de « gamma parameter » (r) ou « shape parameter » alors que d'autres sites peuvent rester invariables (+I). Des valeurs de

$\gamma < 1$ décrivent une forte hétérogénéité, alors que de grande valeurs décrivent une homogénéité (Gu *et al.*, 1995 ; Page et Holmes, 1998).

La distribution des probabilités postérieures des arbres avec l'approche bayésienne a été estimée par quatre chaînes MCMC (Monte Carlo Markovnicov Chain) (dont les trois ont été chauffées de façon graduelle et une froide). 1000000 de générations ont été réalisées pour chacune des chaînes en échantillonnant les différents paramètres toutes les 1 000 générations. Le degré de convergence des chaînes peut être vérifié en examinant l'évolution de la fonction de vraisemblance pendant le parcours de la chaîne « froide » afin de déterminer la période d'allumage. Les générations réalisées pendant la période d'allumage sont éliminées des analyses.

Les arbres de reconstructions phylogénétiques ont été enracinés avec une séquence de *Sitophilus oryzae*.

III.2 Résultats

III.2.1 Diversité génétique

III.2.1.1 Polymorphisme génétique

Pour le gène *COI*, il y a 126 séquences, avec 422 sites chacune. Parmi ces sites, 98,1% sont invariables et 1,9% de sites variables dont 0,48% de sites variables singleton et 1,42% de sites informatifs en parcimonie (tableau XX).

Pour le gène *Cyt-B* il y a 102 séquences, avec 442 sites chacune. Parmi ces sites, 88% sont invariables et 12% de sites variables. Ces derniers sont constitués de 4,76% de sites variables singleton et de 7,24% de sites informatifs en parcimonie (tableau XX).

Tableau XXI : site polymorphe de *S. zeamais* pour le *COI* et le *Cyt-b*.

		<i>COI</i>	<i>Cyt-b</i>	
Nombre de séquences		126	102	
Sites	Nombre de sites	422	442	
	sites invariables	98,1%	88%	
	sites variables	Sites variables singleton	0,48%	4,76%
		Sites informatifs en parcimonie	1,42%	7,24%

III.2.1.2 Indices de diversité génétique

➤ en fonction des types de maïs

L'analyse des indices de diversité génétique en fonction des types de maïs, montre que pour le *COI*, les individus issus du maïs orange ont un seul haplotype, des diversités haplotypique et nucléotidique nulles. Par contre pour ce même marqueur, les individus issus sur les autres types de maïs (jaune, blanc et rouge) ont des nombres moyens de différences nucléotidiques entre paires de séquences inférieurs à 1, des diversités haplotypique et nucléotidique faible (Tableau XXI).

Pour le *Cyt-b*, les individus issus du maïs orange présentent aussi un seul haplotype, ainsi que des diversités haplotypique et nucléotidique nulles. Cependant, les individus issus sur du maïs blanc et du rouge ont des diversités haplotypique et nucléotidique faibles. Quant aux individus issus du maïs jaune, ils ont des diversités haplotypique et nucléotidique élevées (Tableau XXI).

Tableau XXII : indices standards de diversité génétique en fonction des types de maïs.

Gènes	types de maïs	N	H	Ntr	Ntv	S	Hd	π	K
<i>COI</i>	Maïs jaune	49	2	1	0	1	0,40	0,0009	0,40
	Maïs blanc	50	4	3	5	8	0,46	0,002	0,86
	Maïs orange	6	1	0	0	0	0	0	0
	Maïs rouge	21	2	1	0	1	0,47	0,001	0,47
<i>Cyt-b</i>	Maïs jaune	35	12	11	11	22	0,83	0,015	6,55
	Maïs blanc	48	9	10	19	27	0,43	0,00499	2,20
	Maïs orange	4	1	0	0	0	0	0	0
	Maïs rouge	15	2	1	0	1	0,25	0,0006	0,25

N : nombre de séquences ; H : nombre d'haplotypes ; Ntr : nombre de transition ; Ntv : nombre de transversion ; S : nombre de sites polymorphes ; Hd : diversité haplotypique ; π : diversité nucléotidique ; K : nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences.

➤ en fonction des pays

L'analyse de la diversité génétique en fonction des pays indique que pour le *COI*, les individus provenant de la Guinée, du Mali et de la RCA n'ont qu'un seul haplotype, des diversités haplotypique et nucléotidique égales à zéro. Par contre, les individus issus du Cameroun, la Côte d'Ivoire, le Ghana et le Sénégal ont des diversités haplotypique et nucléotidique faibles, des nombres moyens de différences nucléotidiques entre paires de séquences inférieurs à 1 sauf pour le Cameroun (K= 1,51). Cependant, les individus provenant du Niger ont une diversité haplotypique élevée et nucléotidique faible (Tableau XXII).

Pour le *Cyt-b*, les individus du Cameroun, du Mali et de la RCA ont un seul haplotype, des diversités haplotypique et nucléotidique nulles. Quant aux individus des pays comme le Ghana, le Niger et le Sénégal, ils ont des diversités haplotypique et nucléotidique élevées, ainsi que des nombres moyens de différences nucléotidiques entre paires de séquences supérieurs à 3. Ceux de la Côte d'Ivoire ont des diversités haplotypique et nucléotidique faible, un nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences inférieur à 1. Ceux de la Guinée ont une diversité haplotypique élevée et nucléotidique faible, de même qu'un nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences égal à 1,69 (Tableau XXII).

Tableau XXIII : indices standards de diversité génétique en fonction des pays.

Gènes	pays	N	H	Ntr	Ntv	S	Hd	π	K
<i>COI</i>	Cameroun	12	2	1	4	5	0,30	0,003	1,51
	Côte d'Ivoire	21	2	1	0	1	0,47	0,001	0,47
	Ghana	18	2	1	0	1	0,21	0,0005	0,21
	Guinée	10	1	0	0	0	0	0	0
	Mali	16	1	0	0	0	0	0	0
	Niger	8	3	2	1	3	0,61	0,002	1,03

	RCA	20	1	0	0	0	0	0	0
	Sénégal	21	2	1	0	1	0,38	0,0009	0,38
<i>Cyt-b</i>	Cameroun	7	1	0	0	0	0	0	0
	Côte d'Ivoire	15	2	1	0	1	0,25	0,0006	0,25
	Ghana	10	5	6	5	11	0,75	0,012	5,13
	Guinée	10	4	2	2	6	0,71	0,004	1,69
	Mali	10	1	0	0	0	0	0	0
	Niger	10	6	7	17	22	0,84	0,016	7,09
	RCA	22	1	0	0	0	0	0	0
	Sénégal	20	8	6	11	17	0,79	0,011	4

N : nombre de séquences ; H : nombre d'haplotypes ; Ntr : nombre de transition ; Ntv : nombre de transversion ; S : nombre de sites polymorphes ; Hd : diversité haplotypique ; π : diversité nucléotidique ; K : nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences.

➤ en fonction des populations

L'analyse des indices de diversité génétique des populations de *S. zeamais* pour le *COI*, montre que les populations du Cameroun_orange, de la Guinée_jaune, du Mali_blan, du Mali_jaune, de la RCA_blan et du Sénégal_jaune ont un seul haplotype. Ce qui fait que ces dernières ont des nombres moyen de différences nucléotidiques nuls, des diversités haplotypiques nulles et nucléotidiques nulles. Par contre, la population du Cameroun_blan présente une diversité haplotypique (0,53) et nucléotidique (0,006) élevée, ainsi qu'un nombre moyen de différence nucléotidique entre paires de séquences de l'ordre de 2,67. Quant à la population du Niger_blan, elle a une diversité haplotypique (0,61) élevée, une diversité nucléotidique (0,002) faible et un nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences égales à 1,03. Les autres populations telles que la Côte d'Ivoire_rouge, Ghana_jaune et le Sénégal_jaune ont des nombres moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences inférieur à 1, des diversités haplotypique et nucléotidique faibles.

A partir du *Cyt-b*, les indices de diversité génétique des populations de *S. zeamais* révèlent que le Cameroun_blan, le Cameroun_orange, la Guinée_jaune et la RCA_blan n'ont qu'un seul haplotype. Chez ces dernières les nombres moyens de différences nucléotidiques entre paires de séquences, les diversités haplotypiques et nucléotidiques sont égaux à zéro. Par contre, le Ghana_jaune, le Niger_blan, le Sénégal_blan et le Sénégal_jaune ont des diversités haplotypiques et nucléotidiques élevées, de même des nombres moyens de différences nucléotidiques entre paires de séquences supérieurs à 2. Quant à la population de la Guinée_jaune, elle a une diversité haplotypique (0,71) élevée, une diversité nucléotidique (0,004) faible et un nombre moyen de différences nucléotidique égal à 1,69. Tandis que la Côte

d'Ivoire_rouge a des diversités haplotypique et nucléotidique faible, ainsi qu'un nombre moyen de différences nucléotidiques inférieur à 1 (Tableau XXIII).

Tableau XXIV : indices standards de diversité génétique des populations.

Gène	Pop	N	H	Ntr	Ntv	S	Hd	π	K
<i>COI</i>	P ₁	6	2	1	4	5	0,53	0,006	2,67
	P ₂	6	1	0	0	0	0	0	0
	P ₃	21	2	0	1	1	0,47	0,001	0,47
	P ₄	24	2	0	1	1	0,34	0,0008	0,34
	P ₅	10	1	0	0	0	0	0	0
	P ₆	10	1	0	0	0	0	0	0
	P ₇	6	1	0	0	0	0	0	0
	P ₈	8	3	2	1	3	0,61	0,002	1,03
	P ₉	20	1	0	0	0	0	0	0
	P ₁₀	6	1	0	0	0	0	0	0
	P ₁₁	15	2	1	0	1	0,48	0,001	0,48
<i>Cyt-b</i>	P ₁	3	1	0	0	0	0	0	0
	P ₂	4	1	0	0	0	0	0	0
	P ₃	15	2	1	0	1	0,25	0,0006	0,25
	P ₄	10	5	6	5	11	0,75	0,012	5,13
	P ₅	10	4	4	2	6	0,71	0,004	1,69
	P ₆	10	1	0	0	0	0	0	0
	P ₈	10	6	7	17	22	0,84	0,016	7,09
	P ₉	20	1	0	0	0	0	0	0
	P ₁₀	5	4	3	3	6	0,90	0,006	2,6
	P ₁₁	15	6	6	11	17	0,71	0,013	5,71

N : nombre de séquences ; H : nombre d'haplotypes ; Ntr : nombre de transition ; Ntv : nombre de transversion ; S : nombre de sites polymorphes ; Hd : diversité haplotypique ; π : diversité nucléotidique ; K : nombre moyen de différences nucléotidiques entre paires de séquences ; Pop : populations ; P₁ : Cameroun_blanc ; P₂ : Cameroun_orange ; P₃ : Côte d'Ivoire rouge ; P₄ : Ghana_jaune ; P₅ : Guinée_jaune ; P₆ : Mali_blanc ; P₇ : Mali_jaune ; P₈ : Niger_blanc ; P₉ : RCA_blanc ; P₁₀ : Sénégal_blanc ; P₁₁ : Sénégal_jaune.

III.2.1.3 Répartition des haplotypes

Les populations de *S. zeamais* échantillonnées présentent quatre haplotypes avec le gène *COI*. L'haplotype majoritaire est constitué par l'haplotype 1 (H1) qui comporte 91 individus. Cet haplotype est présent dans tous les pays échantillonnés sauf le Mali. Dans la population du Niger où tous les individus proviennent sur du Maïs blanc, un haplotype individuel est répertorié (haplotype 4). Pour les populations du Cameroun où les individus proviennent sur du maïs orange et blanc, un haplotype privé est rencontré c'est-à-dire un haplotype présent

uniquement au Cameroun (haplotype 2). Cet haplotype privé provient des individus échantillonnés sur du maïs blanc (Figure 53).

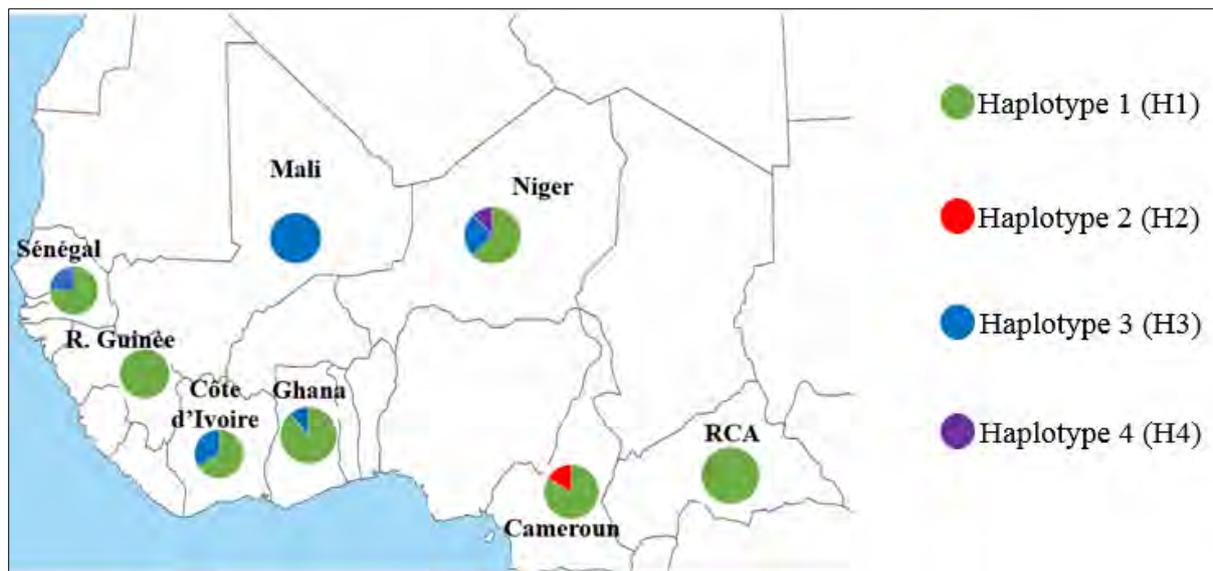


Figure 53 : Carte de répartition des haplotypes des populations de *S. zeamais* du gène *COI*.

Les couleurs des haplotypes dans chaque pays matérialisent leur présence.

Pour le gène du *Cyt-b*, les populations de *S. zeamais* ont présenté 20 haplotypes. L'haplotype majoritaire est constitué par l'haplotype 4 qui compte 66 individus. Cet haplotype est présent dans toutes les populations des pays échantillonnés. Pour ce gène, 12 haplotypes individuels et privés sont identifiés. Ils sont localisés au Niger (H1, H3, H5 et H6), au Ghana où tous les individus sont issus sur du maïs jaune (H8, H9 et H10), au Sénégal pour les individus provenant sur du maïs jaune (H12 et H18), sur du maïs blanc (H20) et en Guinée Conakry (H14 et H15). Il y a aussi pour ce gène des haplotypes uniquement privé. C'est le cas de l'haplotype 2 (H2) présent au Niger, de l'haplotype 11 (H11) rencontré au Ghana, de l'haplotype 13 et 16 (H13 et H16) du Sénégal (Figure 54).

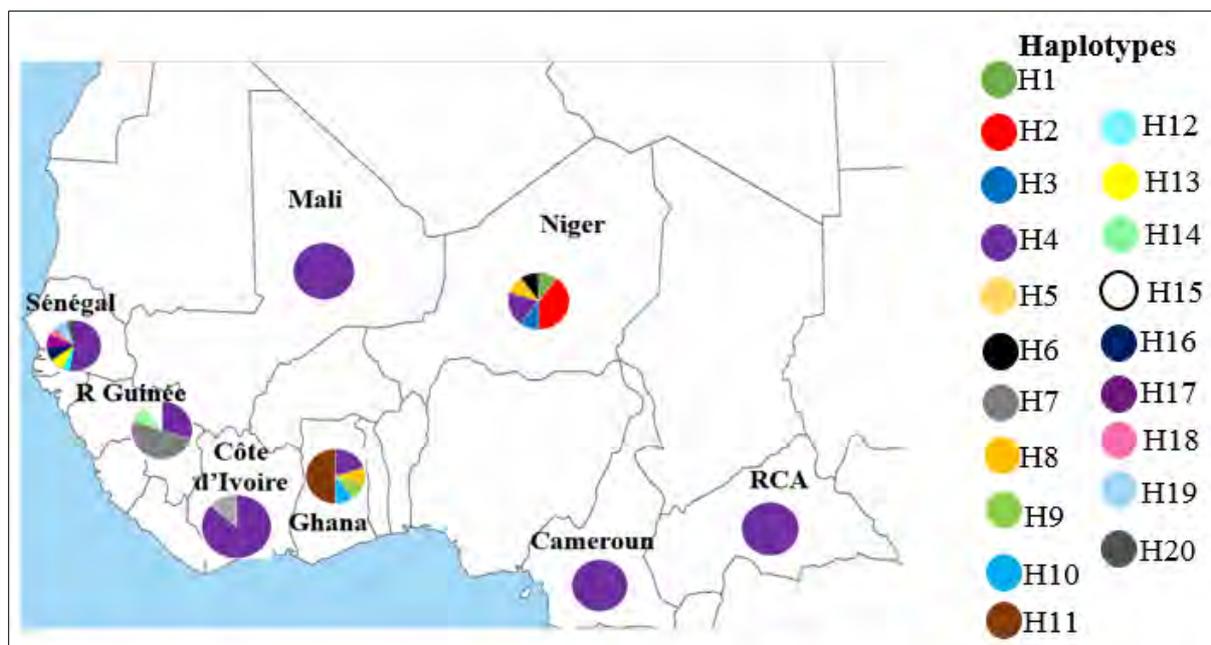


Figure 54 : carte de répartition des haplotypes des populations de *S. zeamais* du gène *Cyt-b*.
Les couleurs des haplotypes dans chaque pays matérialisent leur présence.

III.2.1.4 Fréquence moyenne des nucléotides et des acides aminés

L'analyse de la fréquence moyenne des nucléotides de la population globale montre que pour le gène *COI*, la somme de la fréquence moyenne en A-T (66,1%) est supérieure à celle de C-G (34%). Toutefois, les mutations de type transitions (78,85%) sont plus nombreuses que celles des transversions (21,15%). Cependant, en déterminant la fréquence moyenne des nucléotides population par population, des différences significatives sont observées, pour l'adénine et la guanine. C'est le cas entre la population du Mali_blanche et les populations du Cameroun_blanche, du Cameroun_orange, de la CI_rouge, du Ghana_jaune, de la Guinée_jaune, de RCA_blanche et du Sénégal_blanche pour ces deux nucléotides. En étudiant, le pourcentage de transition et de transversion pour chaque population, un constat est fait, toutes les populations ont des pourcentages en transitions inférieurs à ceux des transversions, à l'exception de la population du Niger_blanche. Cette dernière a un pourcentage en transversion de 99,56% contre 0,44% de transition.

Pour le *Cyt-B*, la somme de la fréquence moyenne en A-T (70,7%) est aussi supérieure à celle en C-G (29,2%) de la population globale. De même le taux de mutations de type transitions (56,23%) est plus nombreux que celui des transversions (43,76%). L'analyse de fréquence moyenne des nucléotides de ce gène, population par population, montre des différences significatives entre population pour l'ensemble des nucléotides. C'est le cas entre la population de la RCA_blanche et la population du Ghana_jaune pour l'adénine ; pour la thymine entre la

population de la RCA_blanç et les populations du Niger_blanç, du Ghana_jaune et du Sénégal_jaune ; pour la guanine entre la population du Ghana_jaune et les populations de la CI_rouge, de la RCA_blanç et du Sénégal_jaune, de même entre le Sénégal_jaune et la RCA_blanç. C'est aussi le cas entre la population du Ghana_jaune et les populations de la CI_rouge, du Mali_blanç, du Niger_blanç, de la RCA_blanç, du Sénégal_blanç et du Sénégal_jaune pour la cytosine de même entre la population du Sénégal_blanç et les populations du Sénégal_jaune, de la RCA_blanç, du Niger_blanç, du Mali_blanç, du Ghana_jaune et de la CI_rouge. L'étude du taux de mutations de type transition et transversion indique que certaines populations comme le Cameroun_blanç, le Cameroun_orange, la CI_rouge, Mali_blanç, Niger_blanç et RCA_blanç ont des taux de transitions inférieurs au taux de transversion. Par contre, les autres populations telles que le Ghana_jaune, la Guinée_jaune, Sénégal_blanç et le Sénégal_jaune ont des taux de transitions supérieurs au taux de transversions (Tableau XXIV).

Tableau XXV : fréquences moyenne des nucléotides des populations de *S. zeamais*.

Gènes	Populations	Fréquences moyenne				%Tr	%Tv
		Adénine	Thymine	Guanine	Cytosine		
<i>COI</i>	Cameroun_blanç	27,2±0,00 ^{bc}	38,9±0,12 ^a	14,6±0,24 ^c	19,7±0,12 ^a	31,58%	68,42%
	Cameroun_orange	27,2±0,00 ^{bc}	38,9±0,00 ^a	14,2±0,00 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	CI_rouge	27,2±0,11 ^c	38,9±0,00 ^a	14,3±0,11 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Ghana_jaune	27,2±0,08 ^c	38,9±0,00 ^a	14,2±0,08 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Guinée_jaune	27,2±0,00 ^{bc}	38,9±0,00 ^a	14,2±0,00 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Mali_blanç	27,0±0,00 ^a	38,9±0,00 ^a	14,4±0,00 ^b	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Mali_jaune	27,0±0,00 ^{ac}	38,9±0,00 ^a	14,4±0,00 ^b	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Niger_blanç	27,2±0,11 ^{abc}	38,9±0,00 ^a	14,3±0,12 ^{abc}	19,7±0,00 ^a	99,56%	0,44%
	RCA_blanç	27,2±0,00 ^{bc}	38,9±0,00 ^a	14,2±0,00 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Sénégal_blanç	27,2±0,00 ^{bc}	38,9±0,00 ^a	14,2±0,00 ^{ac}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Sénégal_jaune	27,2±0,11 ^{abc}	38,9±0,00 ^a	14,3±0,11 ^{abc}	19,7±0,00 ^a	33,33%	66,66%
	Population globale	27,2±0,09	38,9±0,01	14,3±0,09	19,7±0,01	78,85%	21,15
<i>Cyt-b</i>	Cameroun_blanç	29,6±0,00 ^{ab}	41,2±0,00 ^{ab}	10,4±0,00 ^{abc}	18,8±0,00 ^{abc}	33,33%	66,66%
	Cameroun_Orange	29,6±0,00 ^{ab}	41,2±0,00 ^{ab}	10,4±0,00 ^{abc}	18,8±0,00 ^{abc}	33,33%	66,66%
	CI_Rouge	29,6±0,00 ^{ab}	41,1±0,08 ^{ab}	10,4±0,00 ^{bc}	18,8±0,08 ^b	33,33%	66,66%
	Ghana_jaune	29,7±0,16 ^b	41,0±0,11 ^a	10,1±0,21 ^a	19,1±0,19 ^c	99,78%	0,2%
	Guinée_jaune	29,6±0,13 ^{ab}	41,1±0,16 ^{ab}	10,4±0,14 ^{abc}	18,9±0,16 ^{abc}	64,57%	35,42%
	Mali_blanç	29,6±0,31 ^{ab}	41,2±0,00 ^{ab}	10,4±0,00 ^{abc}	18,8±0,00 ^b	33,33%	66,66%
	Niger_blanç	29,8±0,31 ^{ab}	41,2±0,30 ^a	10,3±0,42 ^{abc}	18,7±0,19 ^b	44,57%	55,44%
	RCA_Blanç	29,6±0,00 ^a	41,2±0,00 ^b	10,4±0,00 ^b	18,8±0,00 ^b	33,33%	66,66%
	Sénégal_Blanç	29,5±0,18 ^{ab}	41,4±0,23 ^{ac}	10,5±0,30 ^{abc}	18,5±0,19 ^a	60,54%	39,46%
	Sénégal_Jaune	29,4±0,36 ^{ab}	41,1±0,36 ^a	10,8±0,47 ^c	18,6±0,24 ^b	66,89	33,12
		Population globale	29,6±0,09	41,1±0,10	10,4±0,15	18,8±0,10	56,23%

CI : Côte d'Ivoire ; Tr : transition ; Tv : transversion. Les fréquences moyennes des nucléotides surmontées par des lettres différentes sont significativement différentes et celles surmontées par les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes.

L'analyse de la fréquence moyenne des acides aminés des populations de *S. zeamais* montre la présence de 19 acides aminés dans toutes les populations, pour le *COI*. Cependant, il n'y a pas de différences significatives entre les fréquences observées.

Pour le *Cyt-b*, toutes les populations montrent la présence de 19 acides aminés à l'exception de la population du Cameroun_blanche qui a 20 acides aminés avec la présence de la cystéine. Ainsi le Niger_blanche a une fréquence en alanine significativement différente par rapport à celle des autres populations. Quant à la population du Ghana_jaune, sa composition en glutamine est significativement différente des autres populations. Pour la composition en phényl-alanine, la population du Ghana_jaune présente une différence significative par rapport à celles de la CI_rouge, du Mali_blanche, de la RCA_blanche, et du Sénégal_jaune. Une différence significative est aussi observée pour la composition en phényl-alanine entre la population du Sénégal_jaune et celles de la RCA_blanche et du Mali_blanche. La population du Ghana_jaune présente aussi une différence significative en glycine par rapport aux populations de la CI_rouge, Guinée_jaune, Mali_blanche, Niger_blanche, RCA_blanche et le Sénégal_jaune. La composition en leucine du Ghana_jaune est significativement différente des populations comme la CI_rouge, la RCA_blanche et Sénégal_jaune. La population du Ghana_jaune montre également une fréquence moyenne de Sérine significativement différente de celle des populations de la CI_rouge, de la RCA_blanche et du Sénégal_blanche (Tableau XXV).

Tableau XXVI : fréquence moyenne des acides aminés des populations de *S. zeamais*.

Gènes	P	Ala	Asp	Glu	Phe	Gly	His	Ile	Lys	Leu	Met	Asn	Pro	Gln	Arg	Ser	Thr	Val	Trp	Tyr
COI	1	7,86 ±0 ^a	3,33 ±0,37 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,80 ±0,36 ^a	5,71 ±0 ^c	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,5 ±0,37 ^a	6,67 ±0,37 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	2	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0 ^c	5,71 ±0 ^c	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	3	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^c	5,71 ±0 ^c	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	4	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^c	5,71 ±0 ^c	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	5	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^c	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	6	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	7	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	8	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,23 ±0,25 ^a	2,86 ±0 ^a
	9	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	10	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
	11	7,86 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	7,14 ±0 ^a	8,57 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	14,3 ±0 ^a	4,28 ±0 ^a	3,57 ±0,0 ^a	5,71 ±0 ^a	0,71 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	10,7 ±0 ^a	6,43 ±0 ^a	3,57 ±0 ^a	2,14 ±0 ^a	2,86 ±0 ^a
Cyt-b	1	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,2 ±0 ^{bc}	4,08 ±0 ^{ab}	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^{ab}	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,08 ±0 ^{abc}	4,76 ±0 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	2	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,2 ±0 ^{bc}	4,08 ±0 ^{ab}	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^{ab}	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,08 ±0 ^{abc}	4,76 ±0 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	3	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,2 ±0 ^b	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,08 ±0 ^{ab}	4,76 ±0 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	4	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,52 ±0,33 ^b	11,8 ±0,35 ^a	3,19 ±0,64 ^a	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	16 ±0,35 ^b	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,49 ±0,35 ^c	4,76 ±0 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	5	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,3 ±0,21 ^{abc}	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^{ab}	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,91 ±0,2 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,01 ±0,2 ^{abc}	4,69 ±0,2 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	6	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,2 ±0 ^b	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^{ab}	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,08 ±0 ^{abc}	4,76 ±0 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	8	3,60 ±0,32 ^a	3,08 ±0,5 ^a	2,31 ±0,57 ^a	12,1 ±0,29 ^{abc}	4,14 ±0,21 ^b	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0,21 ^a	2,86 ±0,29 ^a	15,5 ±0,54 ^{ab}	2,65 ±0,21 ^a	8,29 ±0,3 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0,2 ^a	1,36 ±0 ^a	4,42 ±0,36 ^{ac}	4,76 ±0 ^a	3,26 ±0,4 ^a	0,74 ±0,2 ^a	4,82 ±0,2
	9	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,2 ±0 ^b	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,84 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	4,08 ±0 ^b	4,62 ±0,3 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	10	4,08 ±0 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,8 ±0,30 ^c	4,08 ±0 ^{ab}	4,08 ±0 ^a	10,9 ±0 ^a	2,72 ±0 ^a	15,6 ±0 ^{ab}	2,72 ±0 ^a	8,16 ±0 ^a	8,97 ±0,30 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	3,54 ±0,30 ^a	4,62 ±0,3 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,76 ±0 ^a
	11	4,12 ±0,12 ^b	4,08 ±0 ^a	2,04 ±0 ^a	12,6 ±0,57 ^{abc}	4,17 ±0,35 ^b	4,08 ±0,28 ^a	10,7 ±0,28 ^a	2,81 ±0,35 ^a	15,6 ±0,17 ^a	2,77 ±0,17 ^a	8,12 ±0,2 ^a	9,07 ±0,4 ^a	1,36 ±0 ^a	1,36 ±0 ^a	3,85 ±0,33 ^{ab}	4,62 ±0,3 ^a	3,40 ±0 ^a	0,68 ±0 ^a	4,67 ±0,23 ^a

P : populations ; 1 : Cameroun_blanc ; 2 : Cameroun_orange ; 3 : Côte d'Ivoire rouge ; 4 : Ghana_jaune ; 5 : Guinée_jaune ; 6 : Mali_blanc ; 7 : Mali_jaune ; 8 : Niger_blanc ; 9 : RCA_blanc ; 10 : Sénégal_blanc ; 11 : Sénégal_jaune.

Les fréquences moyennes des acides aminés surmontées par des lettres différentes sont significativement différentes et celles surmontées par les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes.

III.2.2 Structure génétique

III.2.2.1 Différenciation génétique

➤ En fonction des types de Maïs

L'analyse de la différenciation génétique en fonction des types de maïs indique, pour le *COI*, une différenciation non significative entre les individus issus du maïs orange et les autres types de maïs. Par contre entre les individus du maïs blanc, du maïs orange et le maïs jaune il y a une absence de différenciation ($F_{ST} = 0$).

Pour le *Cyt-b*, les individus du maïs jaune présentent une différenciation significative par rapport aux individus du maïs blanc et ceux du rouge. Entre ces derniers il y a une différenciation mais qui n'est pas significative. Quant aux autres types de maïs il y a absence de différenciation ($F_{ST} = 0$) (Tableau XXVI).

Tableau XXVII : différenciation génétique en fonction des types de maïs.

Gènes	Type de maïs 1	Type de maïs 2	F_{ST}
<i>COI</i>	Maïs orange	Maïs blanc	0,004 ^{NS}
	Maïs orange	Maïs rouge	0,16 ^{NS}
	Maïs orange	Maïs jaune	0,092 ^{NS}
	Maïs blanc	Maïs rouge	0
	Maïs blanc	Maïs jaune	0
	Maïs rouge	Maïs jaune	0
<i>Cyt-b</i>	Maïs blanc	Maïs jaune	0,12 ^{***}
	Maïs blanc	Maïs orange	0
	Maïs blanc	Maïs rouge	0,034 ^{NS}
	Maïs jaune	Maïs orange	0
	Maïs jaune	Maïs rouge	0,09 [*]
	Maïs orange	Maïs rouge	0

NS : non significatif (p value >0,05) ; (*) : p value <0,05 ; (***) : 0,01 < p value < 0,001.

➤ **En fonction des pays**

La différenciation génétique en fonction des pays révèle que, pour le *COI*, les individus du Mali ont une différenciation significative par rapport aux autres pays. Des différenciations significatives sont aussi observées entre les individus de la Côte d'Ivoire et ceux du Cameroun, de la RCA ; entre les individus du Sénégal et ceux du Niger, de la RCA ; entre ceux du Niger et de la RCA. Cependant, certains pays présentent des différenciations non significatives. C'est le cas entre la Guinée et les autres pays à l'exception du Mali et de la RCA. Le même constat est fait entre le Ghana et les autres pays sauf le Mali. Entre le Sénégal et le Niger ; entre le Cameroun et le Niger, la RCA des différenciations non significatives sont aussi notées. Par contre il n'existe pas de différenciation ($F_{ST}= 0$) entre la Guinée et la RCA ; entre la Côte d'Ivoire et le Sénégal, le Niger.

Pour le *Cyt-b*, une différenciation significative est notée entre les individus du Niger et les autres pays, de même entre le Sénégal et les autres pays. Une différenciation significative est aussi observée entre Cameroun & Guinée ; Guinée & Mali ; Ghana & (Cameroun, Côte d'Ivoire, Guinée, Mali, RCA). Néanmoins, certains pays ont des différenciations non significatives entre eux. Ces pays sont la Côte d'Ivoire & (Mali, RCA) ; le Sénégal & le Cameroun. Quant aux autres pays comme, le Cameroun & (Mali, la RCA), et entre ces derniers, il n'y a pas de différenciation génétique ($F_{ST}= 0$) (Tableau XXVII).

Tableau XXVIII : différenciation génétique en fonction des pays.

Gène	Pays 1	Pays 2	F_{ST}	Gène	Pays 1	Pays 2	F_{ST}
<i>COI</i>	Mali	Guinée	1*	<i>Cyt-b</i>	Niger	Sénégal	0,23*
	Mali	Ghana	0,87*		Niger	Cameroun	0,14*
	Mali	CI	0,62*		Niger	CI	0,25*
	Mali	Sénégal	0,72*		Niger	Guinée	0,21*
	Mali	Niger	0,54*		Niger	Mali	0,19*
	Mali	RCA	1*		Niger	RCA	0,33*
	Mali	Cameroun	0,63*		Niger	Ghana	0,44*
	Guinée	Ghana	0,012 ^{NS}		Sénégal	Cameroun	0,14 ^{NS}
	Guinée	CI	0,213 ^{NS}		Sénégal	CI	0,22*
	Guinée	Sénégal	0,124 ^{NS}		Sénégal	Guinée	0,15*
	Guinée	Niger	0,211 ^{NS}		Sénégal	Mali	0,18*
	Guinée	RCA	0		Sénégal	RCA	0,27*
	Guinée	Cameroun	0,070 ^{NS}		Sénégal	Ghana	0,49*
	Ghana	CI	0,083 ^{NS}		Cameroun	CI	0
	Ghana	Sénégal	0,0018 ^{NS}		Cameroun	Guinée	0,24*
	Ghana	Niger	0,118 ^{NS}		Cameroun	Mali	0
	Ghana	RCA	0,067 ^{NS}		Cameroun	RCA	0
	Ghana	Cameroun	0,123 ^{NS}		Cameroun	Ghana	0,56*
	CI	Sénégal	0		CI	Guinée	0,22*
	CI	Niger	0		CI	Mali	0,03 ^{NS}
	CI	RCA	0,293*		CI	RCA	0,11 ^{NS}
	CI	Cameroun	0,189*		CI	Ghana	0,66*
	Sénégal	Niger	0,004 ^{NS}		Guinée	Mali	0,30*
	Sénégal	RCA	0,194*		Guinée	RCA	0,44*
	Sénégal	Cameroun	0,155*		Guinée	Ghana	0,57*
	Niger	RCA	0,346*		Mali	RCA	0
	Niger	Cameroun	0,115 ^{NS}		Mali	Ghana	0,62*
	RCA	Cameroun	0,155 ^{NS}		RCA	Ghana	0,73*

NS : non significatif (p value >0,05) ; (*) : significatif (p value <0,05).

➤ En fonction des populations

Pour, le *COI*, les populations de *S. zeamais* présentent des différenciations génétiques significatives. C'est le cas entre le Cameroun_blanç et les populations de la RCA_blanç, du Mali_blanç, du Mali jaune, de la Côte d'Ivoire_rouge ; entre la RCA_blanç et celles du Niger_blanç, du Sénégal_jaune, du Mali_jaune, de la Côte d'Ivoire_rouge ; entre le Niger_blanç et celles du Mali_blanç, du Sénégal_jaune, du Mali_jaune ; entre le Sénégal_blanç et les populations du Mali_blanç, du Mali_jaune ; entre le Mali_blanç et celles de la Guinée_jaune, du Sénégal_jaune, du Ghana_jaune, de la Côte d'Ivoire rouge ; entre le Sénégal_jaune et celles du Ghana_jaune, du Mali_jaune, de la Côte d'Ivoire rouge ; entre le Mali_jaune et celles du Ghana_jaune, de la Guinée_jaune, du Cameroun_orange, de la Côte d'Ivoire_rouge. Cependant, parmi certaines paires de populations, il n'existe pas de différenciation ($F_{ST}=0$) (Tableau XXVIII). D'autres par contre, comme le Cameroun_blanç et

les populations du Cameroun_orange, du Niger_blanç, du Sénégal_blanç, du Ghana_jaune et de la Guinée_jaune ont une différenciation génétique mais cette différenciation n'est pas significative. C'est aussi le cas du Niger_blanç et les populations du Sénégal_blanç, du Ghana_jaune, de la Guinée_jaune, du Cameroun_orange ; entre le Sénégal_blanç et celles du Sénégal_jaune, de la Côte d'Ivoire_rouge ; entre le Sénégal_jaune et la Guinée_jaune, le Cameroun_orange ; entre Ghana_jaune et la Guinée_jaune ; entre la Côte d'Ivoire_rouge et le Ghana_jaune, la Guinée_jaune, le Cameroun_orange.

Pour le **Cyt-b**, la population du Niger_blanç montre une différenciation génétique significative par rapport à celles du Sénégal_blanç, du Sénégal_jaune, de la Côte d'Ivoire_rouge, de la Guinée_jaune, du Mali_blanç, de la RCA_blanç et du Ghana_jaune. Une différenciation génétique significative est observée entre le Sénégal_blanç et la Côte d'Ivoire_rouge, la Guinée_jaune, Mali_blanç, la RCA_blanç, de même le Ghana_jaune. Entre la population du Sénégal_jaune et celles de la Côte d'Ivoire_rouge, de la Guinée_jaune, de la RCA_blanç et du Ghana_jaune une différenciation génétique significative est notée. Des différenciations génétiques significatives sont observées entre le Cameroun_orange et la Guinée_jaune ; entre la Côte d'Ivoire_rouge et la Guinée_jaune, le Ghana_jaune ; entre la Guinée_jaune et le Mali_blanç, la RCA_blanç, le Ghana_jaune ; entre le Ghana_jaune et le Mali_blanç, la RCA_blanç. Cependant, des différenciations génétiques non significatives sont observées entre le Cameroun_blanç et le Sénégal_blanç, le Sénégal_jaune, la Guinée_jaune, le Ghana_jaune ; entre le Cameroun_orange et le Sénégal_blanç, le Sénégal_jaune, le Ghana_jaune ; entre le Mali_blanç et le Sénégal_jaune, la Côte d'Ivoire_rouge ; entre la Côte d'Ivoire_rouge et la RCA_blanç. Par contre, certaines populations ne présentent pas de différenciations génétiques ($F_{st}=0$). C'est le cas entre le Sénégal_blanç et le Sénégal_jaune ; entre le Cameroun_blanç et le Cameroun_orange, le Niger_blanç, la Côte d'Ivoire_rouge, le Mali_blanç, la RCA_blanç ; entre le Cameroun_orange et la Côte d'Ivoire_rouge, le Mali_blanç, la RCA_blanç ; entre le Mali_blanç et la RCA_blanç (Tableau XXVIII).

Tableau XXIX : différenciation génétique des populations de *S. zeamais*.

Gène	Pop1	Pop 2	F _{ST}	Gène	Pop1	Pop 2	F _{ST}
<i>COI</i>	P ₁	P ₉	0,47*	<i>Cyt-b</i>	P ₈	P ₁₀	0,20*
	P ₁	P ₈	0,22 ^{NS}		P ₈	P ₁₁	0,20*
	P ₁	P ₁₀	0,20 ^{NS}		P ₈	P ₂	0,05 ^{NS}
	P ₁	P ₆	0,60*		P ₈	P ₁	0
	P ₁	P ₁₁	0		P ₈	P ₃	0,25*
	P ₁	P ₄	0,39 ^{NS}		P ₈	P ₅	0,21*
	P ₁	P ₅	0,31 ^{NS}		P ₈	P ₆	0,19*
	P ₁	P ₇	0,50*		P ₈	P ₉	0,33*
	P ₁	P ₂	0,20 ^{NS}		P ₈	P ₄	0,44*
	P ₁	P ₃	0,38*		P ₁₀	P ₁₁	0
	P ₉	P ₈	0,34*		P ₁₀	P ₂	0,36 ^{NS}
	P ₉	P ₁₀	0		P ₁₀	P ₁	0,29 ^{NS}
	P ₉	P ₆	1*		P ₁₀	P ₃	0,58*
	P ₉	P ₁₁	0,33*		P ₁₀	P ₅	0,28*
	P ₉	P ₄	0,067 ^{NS}		P ₁₀	P ₆	0,56*
	P ₉	P ₅	0		P ₁₀	P ₉	0,73*
	P ₉	P ₇	1*		P ₁₀	P ₄	0,53*
	P ₉	P ₂	0		P ₁₁	P ₂	0,05 ^{NS}
	P ₉	P ₃	0,29*		P ₁₁	P ₁	0,004 ^{NS}
	P ₈	P ₁₀	0,12 ^{NS}		P ₁₁	P ₃	0,22*
	P ₈	P ₆	0,45*		P ₁₁	P ₅	0,14*
	P ₈	P ₁₁	0,22*		P ₁₁	P ₆	0,17 ^{NS}
	P ₈	P ₄	0,12 ^{NS}		P ₁₁	P ₉	0,28*
	P ₈	P ₅	0,21 ^{NS}		P ₁₁	P ₄	0,46*
	P ₈	P ₇	0,35*		P ₂	P ₁	0
	P ₈	P ₂	0,12 ^{NS}		P ₂	P ₃	0
	P ₈	P ₃	0		P ₂	P ₅	0,15*
	P ₁₀	P ₆	1*		P ₂	P ₆	0
	P ₁₀	P ₁₁	0,17 ^{NS}		P ₂	P ₉	0
	P ₁₀	P ₄	0		P ₂	P ₄	0,49 ^{NS}
	P ₁₀	P ₅	0		P ₁	P ₃	0
	P ₁₀	P ₇	1*		P ₁	P ₅	0,09 ^{NS}
	P ₁₀	P ₂	0		P ₁	P ₆	0
	P ₁₀	P ₃	0,16 ^{NS}		P ₁	P ₉	0
	P ₆	P ₁₁	0,50*		P ₁	P ₄	0,45 ^{NS}
	P ₆	P ₄	0,85*		P ₃	P ₅	0,22*
	P ₆	P ₅	1*		P ₃	P ₆	0,03 ^{NS}
	P ₆	P ₇	0		P ₃	P ₉	0,11 ^{NS}
	P ₆	P ₂	1*		P ₃	P ₄	0,66*
	P ₆	P ₃	0,57*		P ₅	P ₆	0,30*
	P ₁₁	P ₄	0,29*		P ₅	P ₉	0,44*
	P ₁₁	P ₅	0,23 ^{NS}		P ₅	P ₄	0,57*
P ₁₁	P ₇	0,43*	P ₆	P ₉	0		
P ₁₁	P ₂	0,17 ^{NS}	P ₆	P ₄	0,62*		
P ₁₁	P ₃	0,32*	P ₉	P ₄	0,73*		
P ₄	P ₅	0,012 ^{NS}					
P ₄	P ₇	0,83*					
P ₄	P ₂	0					
P ₄	P ₃	0,083 ^{NS}					
P ₅	P ₇	1*					
P ₅	P ₂	0					
P ₅	P ₃	0,213 ^{NS}					
P ₇	P ₂	1*					
P ₇	P ₃	0,52*					
P ₂	P ₃	0,16 ^{NS}					

Les F_{st} surmontés par une étoile (*) sont significatifs et ceux surmontés par NS sont non significatifs ; Pop1 : population 1 ; Pop2 : population 2 ; P₁ : Cameroun_blanc ; P₂ : Cameroun_orange ; P₃ : Côte d'Ivoire rouge ; P₄ : Ghana_jaune ; P₅ : Guinée_jaune ; P₆ : Mali_blanc ; P₇ : Mali_jaune ; P₈ : Niger_blanc ; P₉ : RCA_blanc ; P₁₀ : Sénégal_blanc ; P₁₁ : Sénégal_jaune.

III.2.2.2 Isolement génétique

L'étude de l'isolement génétique en utilisant le *COI* et le *Cyt-b* montre que l'évaluation visuelle de la linéarité entre les distances géographiques et les différenciations génétiques des pays est acceptable (Figure 55). En fait, les droites de régression linéaire (trait plein) sont comprises dans l'intervalle de confiance de la courbe de LOWESS (les deux lignes en pointillées extérieures).

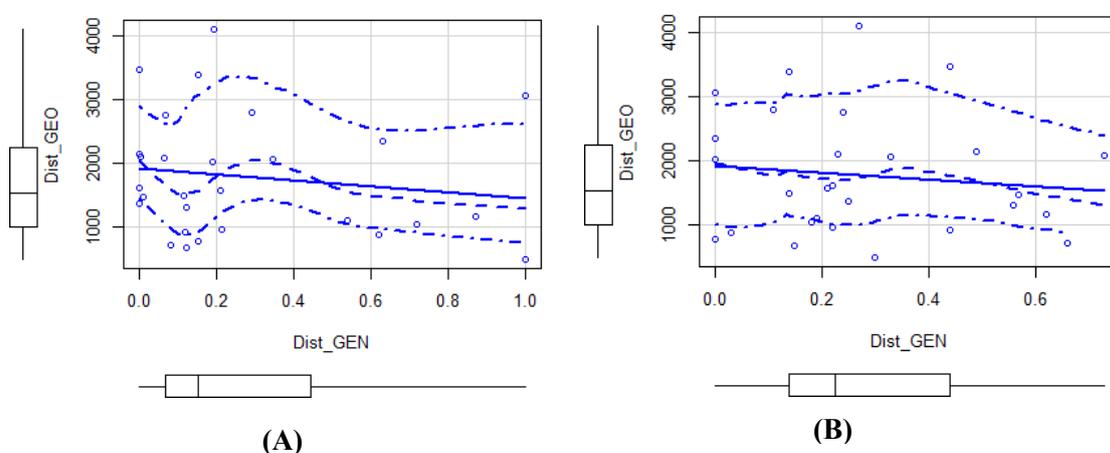


Figure 55 : évaluation visuelle de la linéarité du *COI* (A) et du *Cyt-b* (B).

Par la suite, la validité de la significativité du lien linéaire est effectuée. Etant donné que les distances géographiques et les différenciations génétiques sont des variables indépendantes donc la première condition est remplie. L'évaluation graphique de la normalité des résidus pour les marqueurs (*COI* et *Cyt-b*) indique que les résidus sont bien distribués le long de la droite figurant sur le plot. La deuxième condition est donc acceptée (Figure 56).

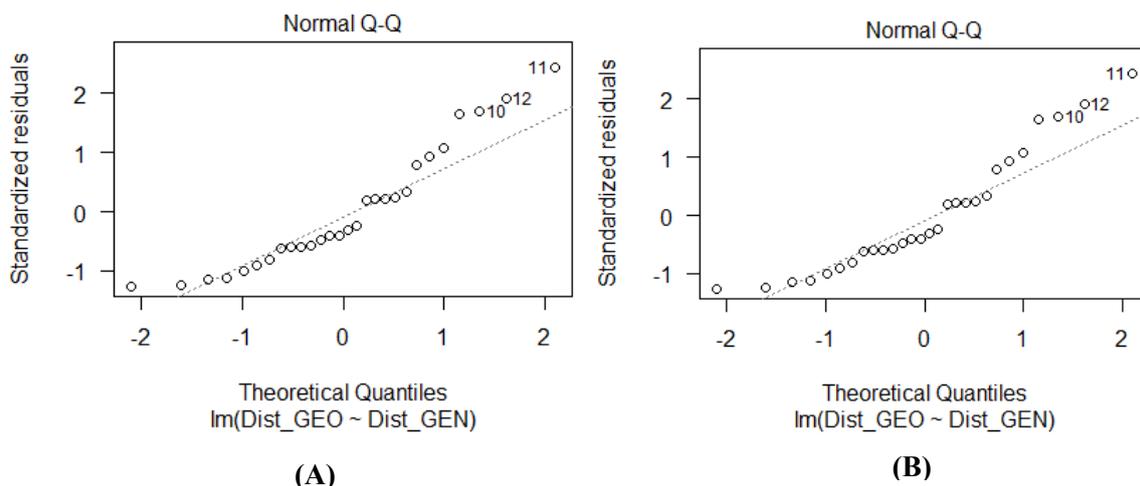


Figure 56 : Evaluation de la normalité des résidus du *COI* (A) et du *Cyt-b* (B).

L'évaluation de l'homogénéité des résidus montre que ces derniers restent globalement uniformément distribués de part et d'autre de 0. Ainsi la troisième condition est validée (Figure 57).

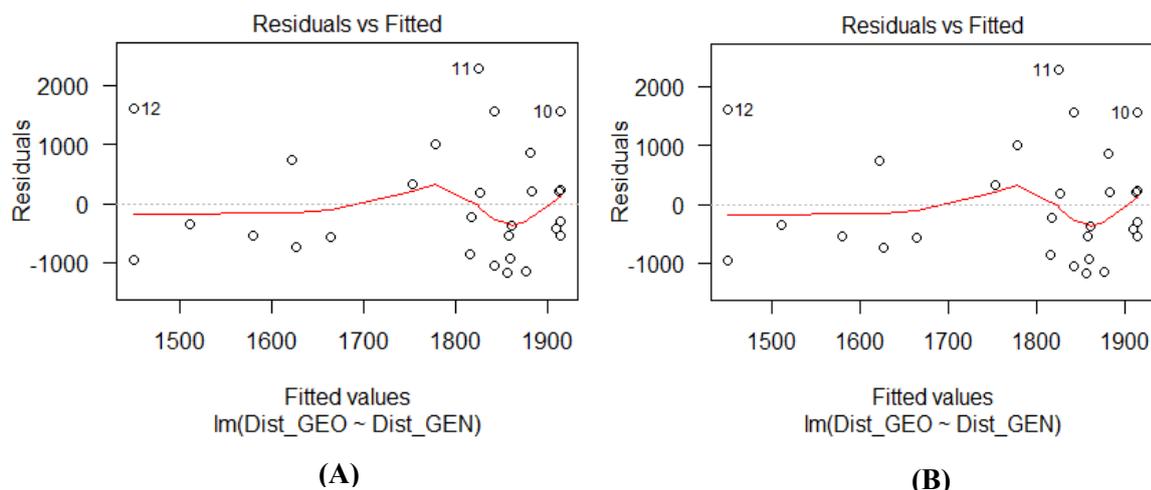


Figure 57 : Evaluation de l'homogénéité des résidus du *COI* (A) et du *Cyt-b* (B).

L'ensemble des hypothèses de linéarité, d'indépendance, de normalité et d'homogénéité est satisfaites, donc les résultats de la régression sont validés. Ces résultats nous montrent que pour le *COI*, la régression linéaire est négative car $r = -0,152$ avec une *p-value* non significative (0,44). Il en est de même pour le *Cyt-b* ($r = -0,119$; *p-value*= 0,54). Ainsi, il en découle une absence de corrélation entre les distances géographiques et les différenciations génétiques (Figure 58).

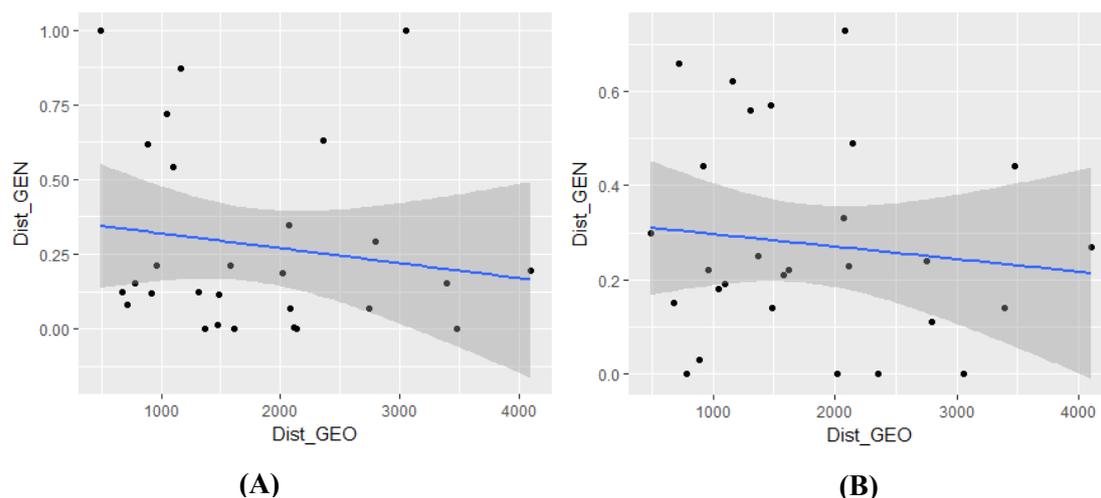


Figure 58 : test de corrélation entre les distances géographiques et les différenciations génétiques du *COI* et du *Cyt-b*.

III.2.2.3 Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

➤ En fonction des types de maïs

L'analyse de la variance moléculaire des populations en fonction des types de maïs indique que, pour le *COI*, 69,6% de la variance se trouve entre population d'un même type de maïs et 62,2 % à l'intérieur de la population. Quant au *Cyt-b*, 68,6% de la variance se situe entre population d'un même type de maïs et 53,5% à l'intérieur de la population (Tableau XXIX).

Tableau XXX : variance moléculaire des populations de *S. zeamais* en fonction des types de maïs.

Gènes	Source de la variance	Degrés de liberté	Somme des carrés de déviation	Composant de la variance	Pourcentage de la variance	Indice de fixation
<i>COI</i>	Entre type de maïs	3	0,785	-0,089 va	-31,8	$F_{CT} = -0,32^{NS}$
	Entre population d'un même type de maïs	7	15,328	0,195 vb	69,6	$F_{SC} = 0,53^{***}$
	A l'intérieur de la population	115	20,069	0,174 vc	62,2	$F_{ST} = 0,38^{***}$
<i>Cyt-b</i>	Entre type de maïs	3	18,7	-0,46 va	-22,1	$F_{CT} = -0,22^{NS}$
	Entre population d'un même type de maïs	6	89,8	1,44 vb	68,6	$F_{SC} = 0,56^{***}$
	A l'intérieur de la population	92	103,5	1,25 vc	53,5	$F_{ST} = 0,46^{***}$

NS : non significative ; (*) : niveau de significativité après 1023 permutations.

➤ **En fonction des pays**

L'analyse de la variance moléculaire des populations de *S. zeamais* montre que, pour le *COI*, 57,3% de la variance moléculaire est expliquée par une variabilité à l'intérieur de la population, 24,09% entre population d'un même pays et 18,6% entre pays. Par contre, pour le *Cyt-b*, 62,8% de la variance moléculaire est expliquée par une variabilité à l'intérieur de la population et 40,3% entre pays (Tableau XXXI).

Tableau XXXI : variance moléculaire des populations de *S. zeamais* en fonction des pays.

Gènes	Source de la variance	Degrés de liberté	Somme des carrés de déviation	Composant de la variance	Pourcentage de la variance	Indice de fixation
<i>COI</i>	Entre pays	7	14	0,06 va	18,6 %	$F_{CT}= 0,19^{NS}$
	Entre population d'un même pays	3	2,14	0,07 vb	24,09	$F_{SC}= 0,29^{NS}$
	A l'intérieur de la population	115	33,4	0,17 vc	57,3	$F_{ST}= 0,43^{***}$
<i>Cyt-b</i>	Entre pays	7	66,3	0,71 va	40,3	$F_{CT}= 0,4^*$
	Entre population d'un même pays	2	1,6	-0,05 vb	-3,15	$F_{SC}= -0,53^{NS}$
	A l'intérieur de la population	94	103,5	1,10 vc	62,8	$F_{ST}=0,37^{***}$

NS : non significative ; (*) : niveau de significativité après 1023 permutations.

III.2.3 Evolution démographique

III.2.3.1 Tests démogénétiques et indices démographiques

➤ **En fonction des types de maïs**

Les valeurs des tests démogénétiques du *COI* indiquent que les individus issus du maïs blanc ont un D de Tajima négatif, non significatif, un F_S de Fu et un R^2 positifs et non significatifs. Les indices démographiques (SSD et Rg) de ces individus ne sont pas significatifs. Ils ont cependant, un coefficient d'expansion de l'ordre de 9,30. Quant aux individus provenant des maïs jaune et rouge, ils ont des valeurs de tests démogénétiques positives non significatives, ainsi que des indices démographiques non significatifs.

Pour le *Cyt-b*, les individus du maïs blanc ont un D de Tajima négatif, non significatif, un F_S de Fu et un R^2 positifs et non significatifs. La SSD de ces individus est très significative. Par contre l'indice de Raggedness est non significatif et le coefficient d'expansion est égal à 12,3. Les individus du maïs jaune ont quant à eux un R^2 positif et significatif. Les individus du maïs rouge ont des valeurs de tests démogénétiques non significatives, ainsi que des indices démographiques non significatives. Un constat est cependant fait, pour les deux marqueurs, les individus du maïs orange montrent des valeurs de tests démogénétiques et des indices démographiques de l'ordre de 0 (Tableau XXXI).

Tableau XXXII : tests démogénétiques et indices démographiques des types de maïs.

Gènes	Types de maïs	D de Tajima	F _s de Fu	R ²	SSD	Rg	S/K
<i>COI</i>	Maïs blanc	-1,42 ^{NS}	0,49 ^{NS}	0,110 ^{NS}	0,011 ^{NS}	0,16 ^{NS}	9,30
	Maïs jaune	1,04 ^{NS}	1,46 ^{NS}	0,139 ^{NS}	0,007 ^{NS}	0,20 ^{NS}	2,5
	Maïs rouge	1,20 ^{NS}	1,29 ^{NS}	0,185 ^{NS}	0,015 ^{NS}	0,22 ^{NS}	2,13
	Maïs orange	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
<i>Cyt-b</i>	Maïs blanc	-1,24 ^{NS}	1,23 ^{NS}	0,105 ^{NS}	0,315***	0,14 ^{NS}	12,3
	Maïs jaune	0,43 ^{NS}	0,27 ^{NS}	0,113*	0,041 ^{NS}	0,06 ^{NS}	3,36
	Maïs orange	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Maïs rouge	-0,40 ^{NS}	0,13 ND	0,215 ^{NS}	0,316 ^{NS}	0,32 ^{NS}	4

D de Tajima (Tajima, 1989a, b) ; R² (Ramos-Onsins et rosas, 2002) ; F_s de Fu (Fu, 1997) ; SSD (Sum of Squared Deviation) ; Rg (Indice du Raggedness de Harpending, 1994) ; S/K : Coefficient d'expansion ; NS : non significative ; ND : Non désignée ; (*) : niveau de significativité.

➤ En fonction des pays

Les valeurs des tests démogénétiques des pays pour le *COI*, montrent que les individus du Cameroun, du Ghana et du Niger ont des D de Tajima négatifs et non significatifs. Des F_s de Fu et des R² positifs et non significatifs sont observés pour les pays comme le Cameroun, la Côte d'Ivoire, le Niger et le Sénégal. Par contre, un R² positif et très significatif est noté au Ghana. Pour ce même marqueur, les indices démographiques de ces pays sont non significatifs à l'exception du Cameroun qui a une SSD significative. Cependant, certains pays tels que la Guinée, le Mali et la RCA ont des valeurs de tests démogénétiques et des indices démographiques égales à 0.

Pour le *Cyt-b*, les individus de la Côte d'Ivoire, de la Guinée, du Niger et du Sénégal ont des D de Tajima négatifs et non significatifs. Les indices démographiques de l'ensemble des pays sont non significatifs (Tableau XXXII).

Tableau XXXIII : tests démogénétiques et indices démographiques des pays.

Gènes	Pays	D de Tajima	F _S de Fu	R ²	SSD	Rg	S/K
COI	Cameroun	-0,31 ^{NS}	3,47 ^{NS}	0,166 ^{NS}	0,13*	0,67 ^{NS}	3,31
	Côte d'Ivoire	1,20 ^{NS}	1,29 ^{NS}	0,185 ^{NS}	0,015 ^{NS}	0,22 ^{NS}	2,13
	Ghana	-0,53 ^{NS}	-0,01 ^{NS}	0,195***	0,32 ^{NS}	0,38 ^{NS}	4,76
	Guinée	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Mali	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Niger	-43 ^{NS}	0,28 ^{NS}	0,215 ^{NS}	0,021 ^{NS}	0,13 ^{NS}	2,91
	RCA	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Sénégal	0,65 ^{NS}	0,94 ^{NS}	0,188 ^{NS}	0,006 ^{NS}	0,20 ^{NS}	2,63
Cyt-b	Cameroun	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Côte d'Ivoire	-0,40 ^{NS}	0,13 ^{NS}	0,214 ^{NS}	0,28 ^{NS}	0,32 ^{NS}	4
	Ghana	1,43 ^{NS}	1,64 ^{NS}	0,167 ^{NS}	0,08 ^{NS}	0,12 ^{NS}	2,14
	Guinée	-0,84 ^{NS}	0,22 ^{NS}	0,177 ^{NS}	0,28 ^{NS}	0,13 ^{NS}	3,55
	Mali	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Niger	-0,42 ^{NS}	1,23 ^{NS}	0,161 ^{NS}	0,05 ^{NS}	0,08 ^{NS}	3,10
	RCA	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	Sénégal	-0,39 ^{NS}	0,27 ^{NS}	0,133 ^{NS}	0,06 ^{NS}	0,09 ^{NS}	4,25

D de Tajima (Tajima, 1989a, b) ; R² (Ramos-Onsins et rosas, 2002) ; F_S de Fu (Fu, 1997) ; SSD (Sum of Squared Deviation) ; Rg (Indice du Raggedness de Harpending, 1994) ; S/K : Coefficient d'expansion ; NS : non significative ; ND : Non désignée ; (*) : niveau de significativité.

➤ En fonction des populations de *S. zeamais*

Les valeurs des tests démogénétiques du *COI* sont positives et non significatives pour les populations du Cameroun_blan, de la Côte d'Ivoire_rouge et du Sénégal_jaune. Les indices démographiques de ces populations sont non significatifs, à l'exception du Cameroun_blan qui a une SSD significative. Pour ce marqueur, la population du Ghana_jaune présente un D de Tajima et un F_S de Fu négatifs et non significatifs. Tandis que le R² est positif et très significatif. Cependant, les populations du Cameroun_orange, de la Guinée_jaune, du Mali_blan, du Mali_jaune, de la RCA_blan et du Sénégal_blan ont des valeurs de tests démogénétiques et des indices démographiques égales à 0.

Pour le *Cyt-b*, des D de Tajima négatifs et non significatifs sont observés pour la Côte d'Ivoire_rouge, la Guinée_jaune, le Niger_blan, le Sénégal_blan et le Sénégal_jaune. Les autres valeurs démogénétiques de ces populations sont positives et non significatives, sauf pour le Sénégal_blan qui a un F_S de Fu négatif, non significatif. Les indices démographiques des populations sont non significatifs à l'exception du Sénégal_jaune qui a des indices significatifs (Tableau XXXIII).

Tableau XXXIV : tests démogénétiques et indices démographiques des populations.

Gènes	Pop	D de Tajima	F _S de Fu	R ²	SSD	R _g	S/K
<i>COI</i>	P ₁	1,22 ^{NS}	3,70 ^{NS}	0,225 ^{NS}	0,34*	0,79 ^{NS}	1,87
	P ₂	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	P ₃	1,20 ^{NS}	1,29 ^{NS}	0,182 ^{NS}	0,015 ^{NS}	0,22 ^{NS}	2,13
	P ₄	-0,53 ^{NS}	-0,01 ^{NS}	0,2***	0,32 ^{NS}	0,38 ^{NS}	2,94
	P ₅	0 ^{NS}	0 ND	---	0 ^{NS}	0 ^{NS}	0
	P ₆	0 ^{NS}	0 ND	---	0 ^{NS}	0 ^{NS}	0
	P ₇	0 ^{NS}	0 ND	---	0 ^{NS}	0 ^{NS}	0
	P ₈	-0,43 ^{NS}	0,27 ^{NS}	0,215 ^{NS}	0,02 ^{NS}	0,13 ^{NS}	2,91
	P ₉	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0 ^{NS}	0
	P ₁₀	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	P ₁₁	1,22 ^{NS}	1,12 ^{NS}	0,213 ^{NS}	0,02 ^{NS}	0,22 ^{NS}	2,08
	P globale	0,23 ^{NS}	0,57 ND	0,09 ^{NS}	0,06 ^{NS}	0,16 ^{NS}	13,8
<i>Cyt-b</i>	P ₁	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	P ₂	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	P ₃	-0,40 ^{NS}	0,13 ^{NS}	0,214 ^{NS}	0,28 ^{NS}	0,32 ^{NS}	4
	P ₄	1,43 ^{NS}	1,64 ^{NS}	0,166 ^{NS}	0,08 ^{NS}	0,12 ^{NS}	2,14
	P ₅	-0,84 ^{NS}	0,22 ^{NS}	0,176 ^{NS}	0,037 ^{NS}	0,13 ^{NS}	3,55
	P ₆	0 ^{NS}	0 ND	---	0 ^{NS}	0 ^{NS}	0
	P ₈	-0,42 ^{NS}	1,23 ^{NS}	0,162 ^{NS}	0,08 ^{NS}	0,08 ^{NS}	2,78
	P ₉	0 ^{NS}	0 ND	---	0	0	0
	P ₁₀	-0,67 ^{NS}	-0,57 ^{NS}	0,242 ^{NS}	0,19 ^{NS}	0,15 ^{NS}	2,30
	P ₁₁	-0,30 ^{NS}	1,66 ^{NS}	0,142	0,17***	0,27*	2,98
	P globale	-0,12 ^{NS}	0,43 ND	0,09*	0,08 ^{NS}	0,11 ^{NS}	15

Pop : population ; P globale : population globale P₁ : Cameroun_blanc ; P₂ : Cameroun_orange ; P₃ : Côte d'Ivoire rouge ; P₄ : Ghana_jaune ; P₅ : Guinée_jaune ; P₆ : Mali_blanc ; P₇ : Mali_jaune ; P₈ : Niger_blanc ; P₉ : RCA_blanc ; P₁₀ : Sénégal_blanc ; P₁₁ : Sénégal_jaune ; D de Tajima (Tajima, 1989a, b) ; R₂ (Ramos-Onsins et rosas, 2002) ; F_S de Fu (Fu, 1997) ; SSD (Sum of Squared Deviation) ; R_g (Indice du Raggedness de Harpending, 1994) ; S/K : Coefficient d'expansion ; NS : non significative ; ND : Non désignée ; (*) : niveau de significativité.

III.2.3.2 Mismatch distributions

➤ Types de maïs

Les courbes de mismatch distributions sont tracées sous hypothèse d'une population constante. L'analyse de ces dernières, des individus du maïs jaune montre une courbe unimodale pour le *COI* et multimodale pour le *Cyt-b* (Figure 59).

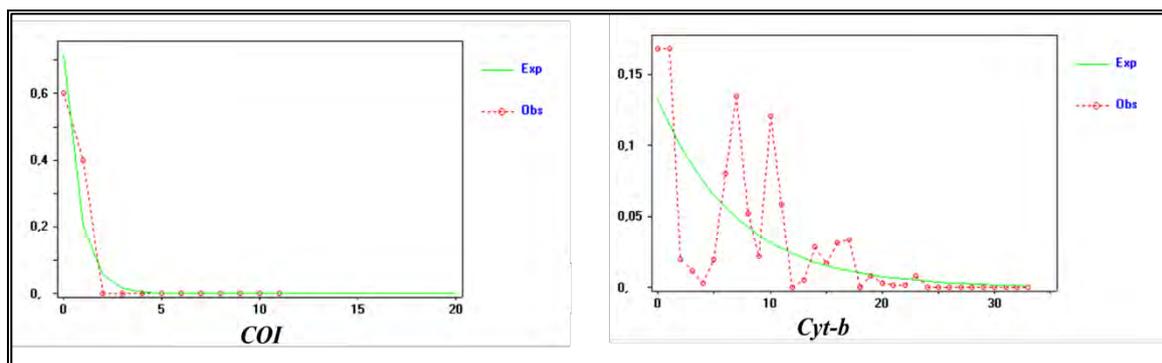


Figure 59 : mismatch distributions par paire d'individus du maïs jaune.

Pour les individus du maïs rouge des courbes unimodales sont observées pour les deux marqueurs (Figure 60).

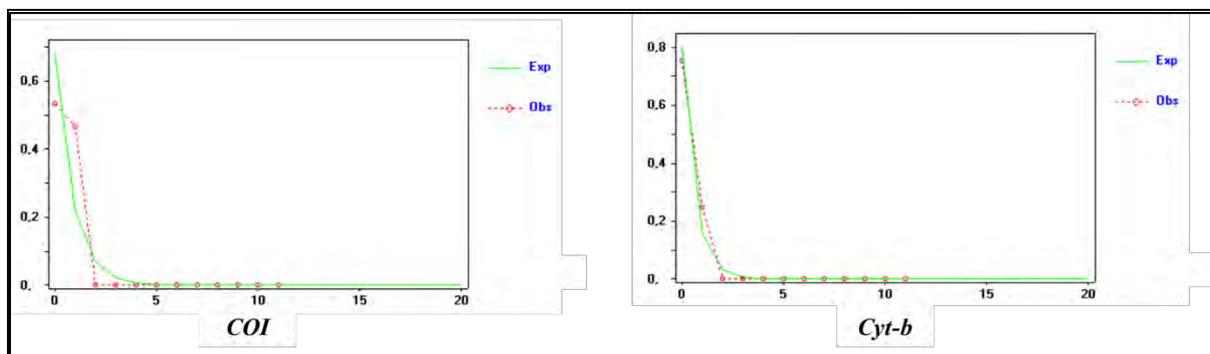


Figure 60 : mismatch distributions par paire d'individus du maïs rouge.

Les individus du maïs blanc ont des courbes multimodales pour les deux marqueurs (Figure 61). Cependant, celles des individus du maïs orange ne sont pas générées car n'étant pas polymorphe.

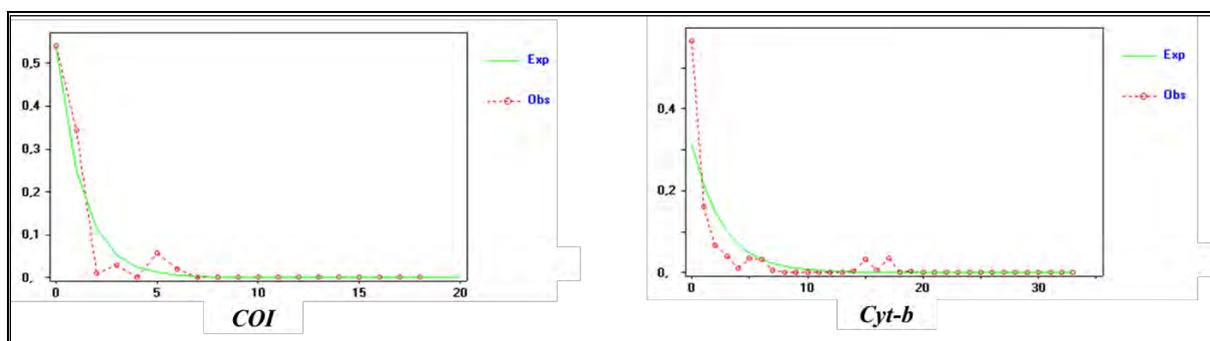


Figure 61 : mismatch distributions par paire d'individus des maïs blanc.

➤ **Pays**

Les courbes de mismatch distributions des pays sont aussi tracées sous l'hypothèse d'une population constante. Ainsi celle du Cameroun à partir du *COI* indique une distribution multimodale (Figure 62). Par contre au niveau du *Cyt-b* les individus ne sont pas polymorphes.

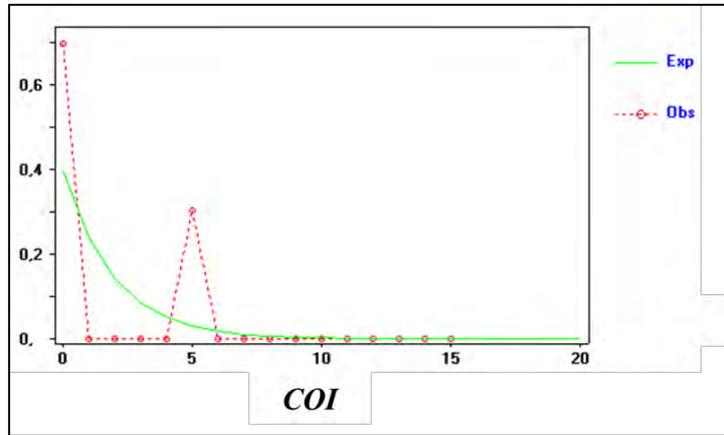


Figure 62 : mismatch distributions par paire d'individus du Cameroun.

En Côte d'Ivoire, les distributions sont unimodales pour les deux marqueurs (Figure 63).

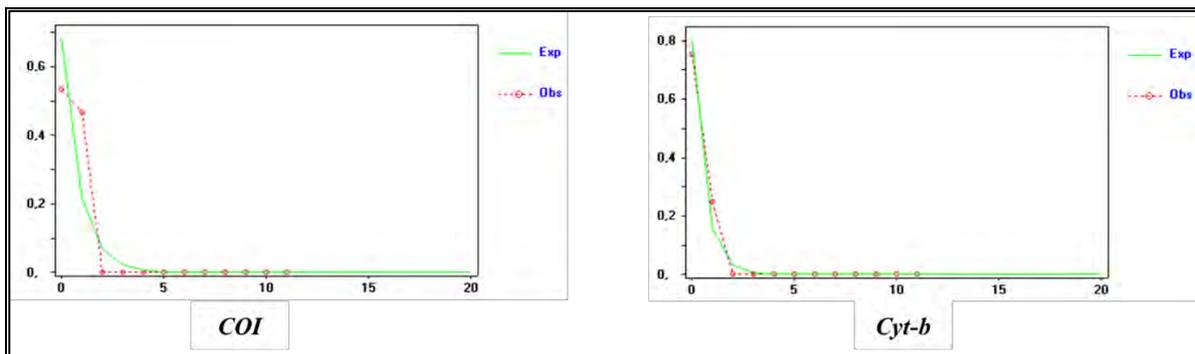


Figure 63 : mismatch distributions par paire d'individus de la Côte d'Ivoire.

Quant aux individus du Ghana, la distribution est unimodale pour le *COI* et multimodale pour le *Cyt-b* (Figure 64).

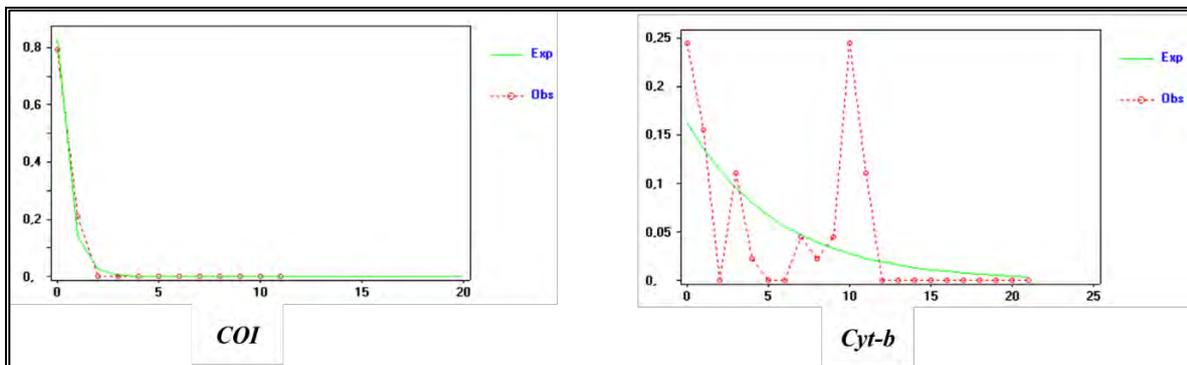


Figure 64 : mismatch distributions par paire d'individus du Ghana.

Pour le Niger, les distributions sont unimodales pour les deux marqueurs (Figure 65).

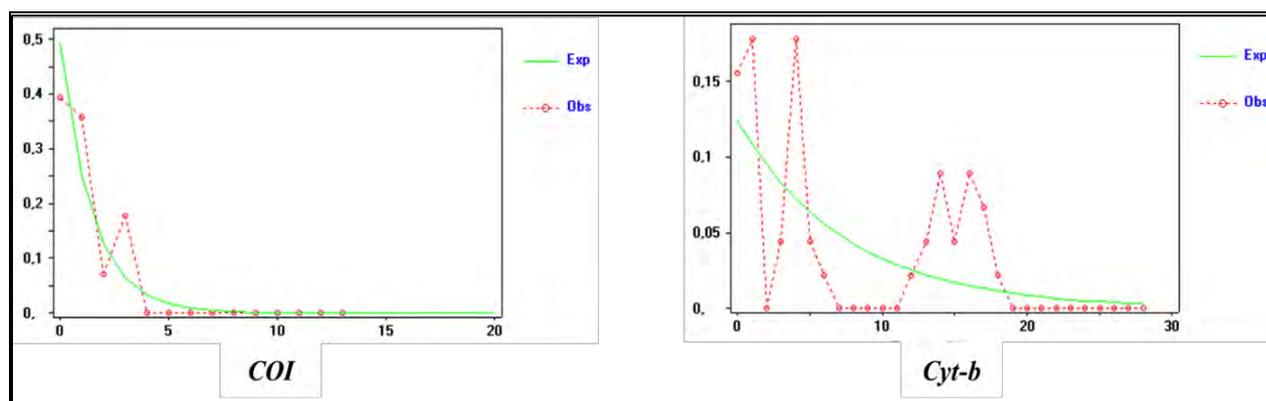


Figure 65 : mismatch distributions par paire d'individus du Niger.

Au Sénégal, la distribution est unimodale pour le *COI*, et multimodale pour le *Cyt-b* (Figure 66).

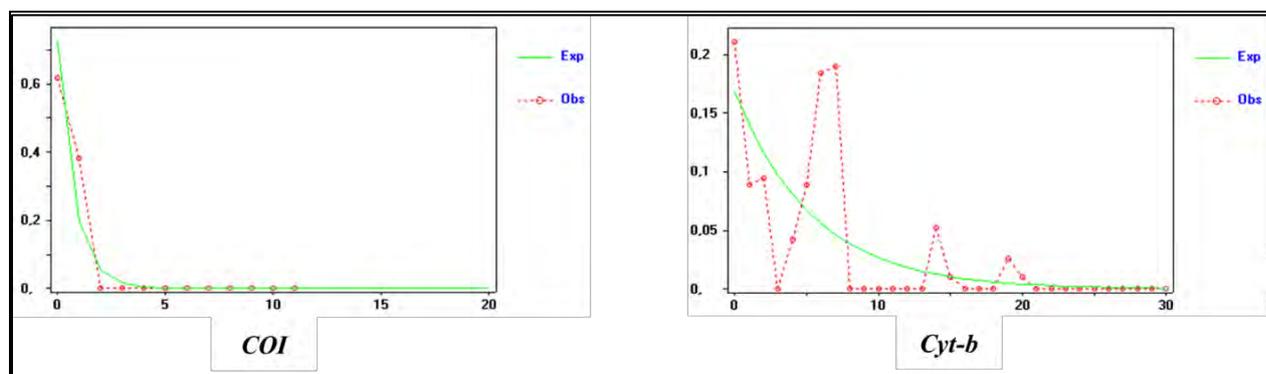


Figure 66 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal.

En Guinée la distribution est multimodale pour le *Cyt-b* (Figure 67). Quant au *COI*, les individus ne sont pas polymorphes.

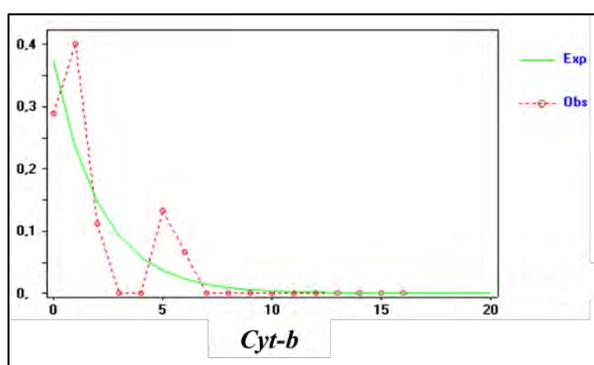


Figure 67 : mismatch distributions par paire d'individus de la Guinée.

➤ **Populations de *S. zeamais***

Les courbes de mismatch distributions des populations montrent que le Cameroun_blanç présente une distribution unimodale pour le *COI* (Figure 68). Quant au *Cyt-b*, la population est non polymorphe. C'est le même cas pour la population du Cameroun_orange au niveau des deux marqueurs.

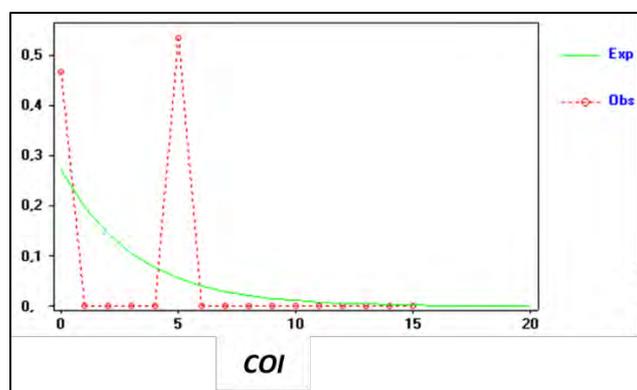


Figure 68 : mismatch distributions par paire d'individus du Cameroun_blanç.

Pour la Côte d'Ivoire_rouge, les distributions sont unimodales au niveau des deux marqueurs (Figure 69).

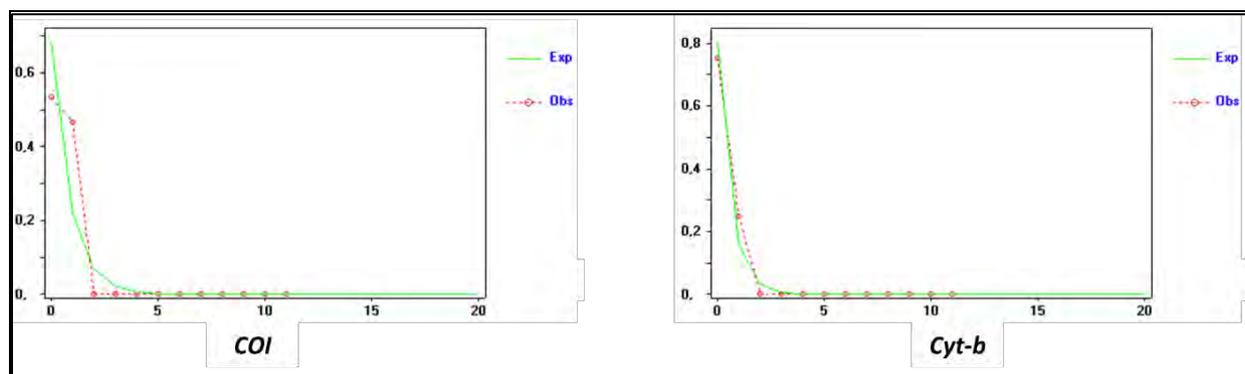


Figure 69 : mismatch distributions par paire d'individus de la Côte d'Ivoire_rouge.

La population du Ghana_jaune montre une distribution unimodale pour le *COI* et multimodale pour le *Cyt-b* (Figure 70).

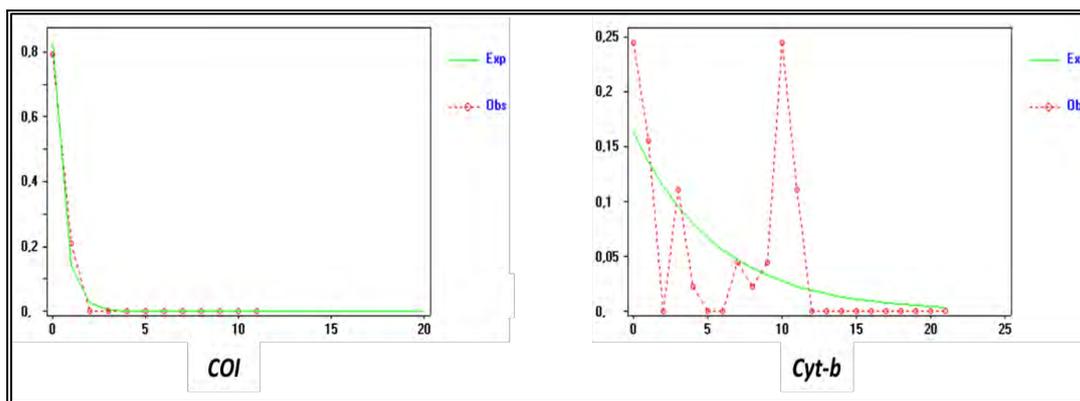


Figure 70 : mismatch distributions par paire d'individus du Ghana_jaune.

Quant à la population de la Guinée_jaune, elle est non polymorphe pour le *COI*. Mais elle présente une distribution multimodale au niveau du *Cyt-b* (Figure 71).

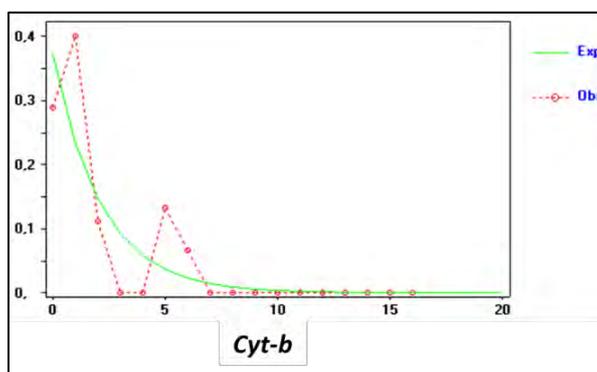


Figure 71 : mismatch distributions par paire d'individus de la Guinée_jaune.

Pour le Niger_blanc les distributions sont multimodales pour les deux marqueurs (Figure 72).

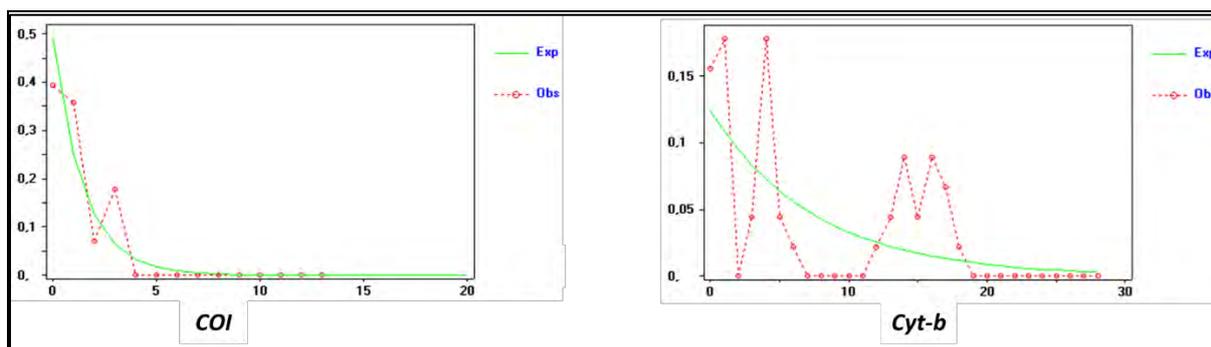


Figure 72 : mismatch distributions par paire d'individus du Niger_blanc.

Une distribution unimodale est observée au niveau du *COI* et multimodal pour le *Cyt-b* du Sénégal_jaune (Figure 73).

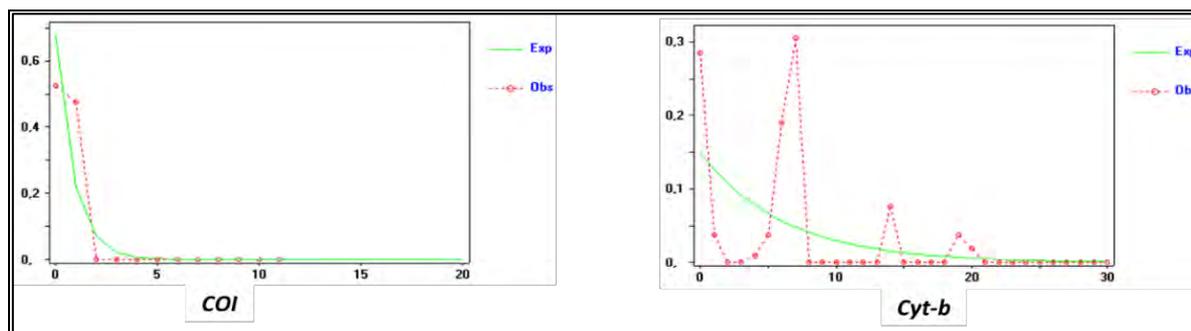


Figure 73 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal_jaune.

Quant au Sénégal_blan, elle présente uniquement au niveau du *Cyt-b* une distribution multimodale (Figure 74).

Les populations dont leurs distributions ne sont représentées ne sont pas polymorphes.

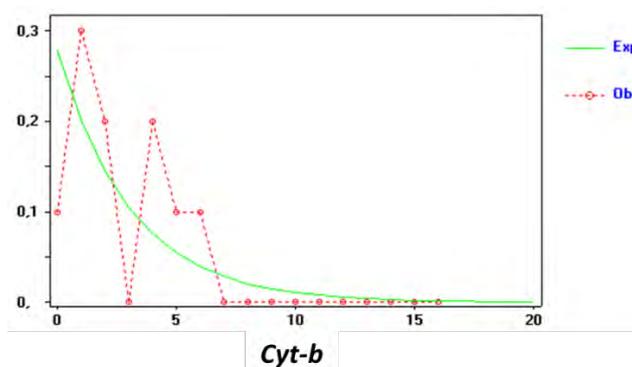


Figure 74 : mismatch distributions par paire d'individus du Sénégal_blan.

III.2.4 Réseau et relations phylogénétiques des haplotypes

III.2.4.1 Réseau d'haplotypes

Les réseaux d'haplotypes permettent de voir les liens qui existent entre les haplotypes. Ainsi, pour le gène *COI*, l'haplotype majoritaire est l'haplotype 1 (H1). Ce dernier est présent dans tous les pays sauf le Mali. L'haplotype H1 a subi cinq pas mutationnels pour donner l'haplotype 2 (H2) et un pas mutationnel pour donner l'haplotype 3 (H3). L'haplotype 4 est issu de l'haplotype 3 après deux pas mutationnels. Les couleurs de chaque haplotype représentent les pays où l'haplotype est rencontré (Figure 75).

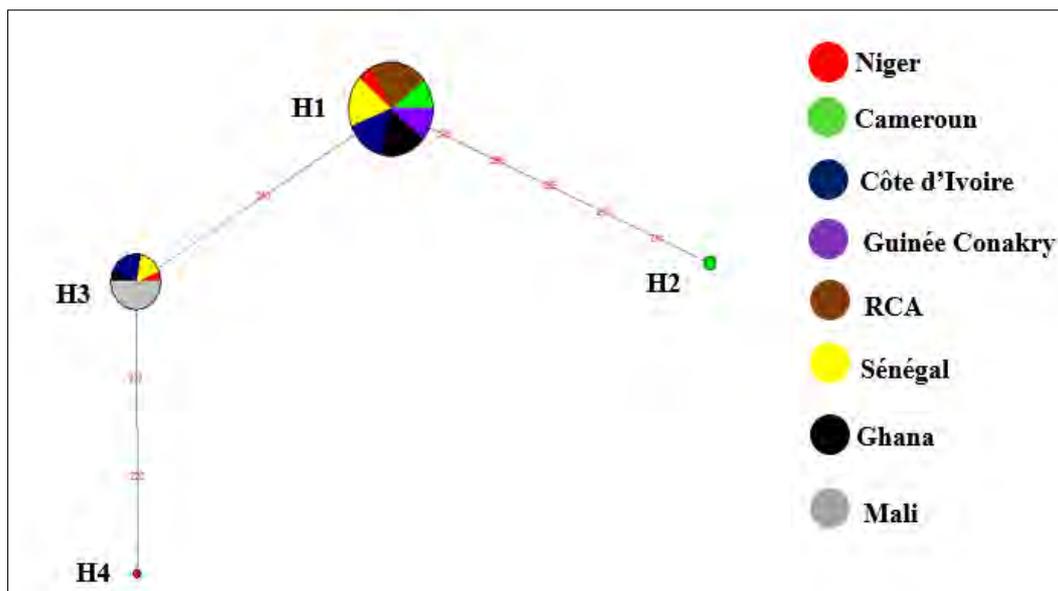


Figure 75 : réseau d'haplotypes des populations de *S. zeamais* du gène COI.
Les couleurs de chaque haplotype représentent les pays où l'haplotype est rencontré

Pour le *Cyt-B*, l'haplotype majoritaire est l'haplotype 4 (H4). Cet haplotype a subi trois pas mutationnels pour donner l'haplotype 1 (H1), sept pas mutationnels pour donner l'haplotype 8 (H8) et un pas mutationnel pour donner les haplotypes 2, 7, 14 et 20. L'haplotype 6 (H6) est issu de l'haplotype 2 après quatre pas mutationnels. L'haplotype 11 (H11) est issu de l'haplotype 8 après 3 pas mutationnels et a subi un pas mutationnel pour donner l'haplotype 10 (H10). Entre l'haplotype 1 et l'haplotype 3 (H3), il existe deux vecteurs médians (mv5 et mv6). L'haplotype 1 est séparé du vecteur médian 5 (mv5) par 8 pas mutationnels. Ce dernier est séparé du vecteur médian 6 (mv6) par un pas mutationnel. Le vecteur médian 6 est séparé de l'haplotype 3 par trois pas mutationnels. L'haplotype 1 est relié à l'haplotype 5 (H5), en plus du vecteur médian 5, du vecteur médian 7 (mv7). Ce dernier diffère par un pas mutationnel au vecteur médian 5 et de neuf pas mutationnels à l'haplotype 5. L'haplotype 14 a subi un pas mutationnel pour donner l'haplotype 19 (H19). Cet haplotype est relié à l'haplotype 18 (H18) par deux vecteurs médians (mv2 et mv3). Du coup entre l'haplotype 18 et l'haplotype 19, il y a quatre pas mutationnels. L'haplotype 18 a subi un pas mutationnel pour donner l'haplotype 16. Les haplotypes 15 (H15) et 17 (H17) sont liés à l'haplotype 19 par deux vecteurs médians (mv2 et mv1). L'haplotype 19 est séparé des haplotypes 15 et 17 par quatre pas mutationnels. L'haplotype 17 a subi un pas mutationnel pour donner l'haplotype 13 (H13) (Figure 76).

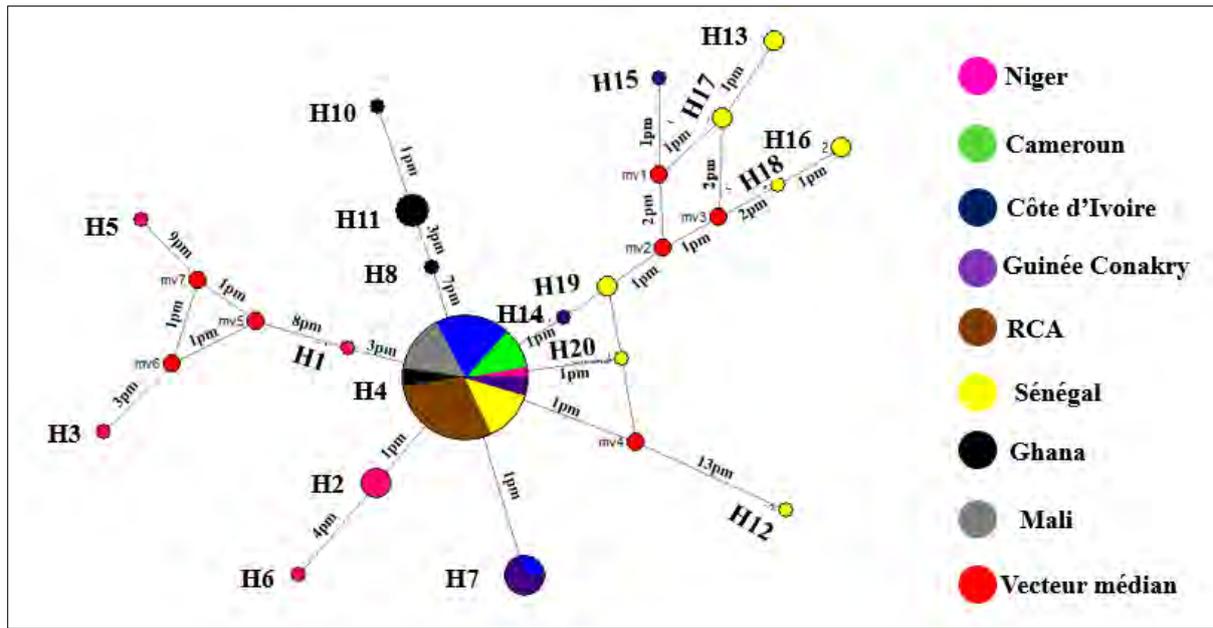


Figure 76 : réseau d'haplotypes des populations de *S. zeamais* du Cyt- b.
Les couleurs de chaque haplotype représentent les pays où l'haplotype est rencontré ; pm : pas mutationnel.

III.2.4.2 Relation phylogénétique

Les arbres phylogénétiques sont construits en utilisant les différentes approches. Ces approches sont celles des distances (Neighbor-joining), celles cladistique avec maximum de parcimonie et celles probabilistes avec maximum de vraisemblance et l'inférence bayésienne. Avec ces différentes approches, pour le *COI*, la typologie des arbres est pratiquement la même. Cette typologie nous montre un haplogroupe constitué d'individus provenant des différents pays échantillonnés et un haplotype privé non résolusif provenant du Cameroun sur du maïs blanc (Figure 77, 78, 79 et 80).

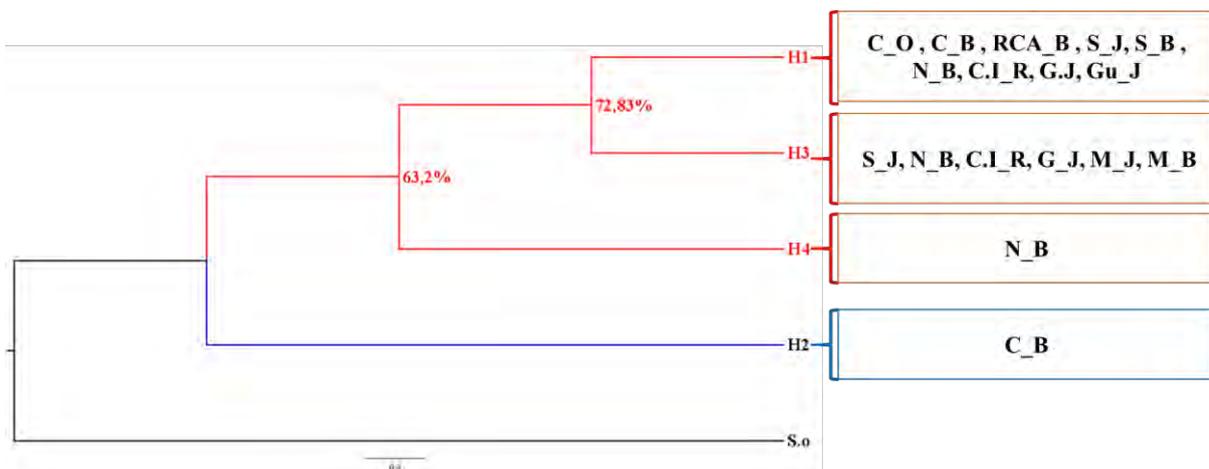


Figure 77 : méthode du Neighbor-joining du *COI*.

C_O : Cameroun orange ; C_B : Cameroun blanc ; RCA_B : RCA blanc ; S_J : Sénégal jaune ; S_B : Sénégal blanc ; N_B : Niger blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire rouge ; G.J : Ghana jaune ; Gu_J : Guinée jaune ; M_J : Mali jaune ; M_B : Mali blanc.

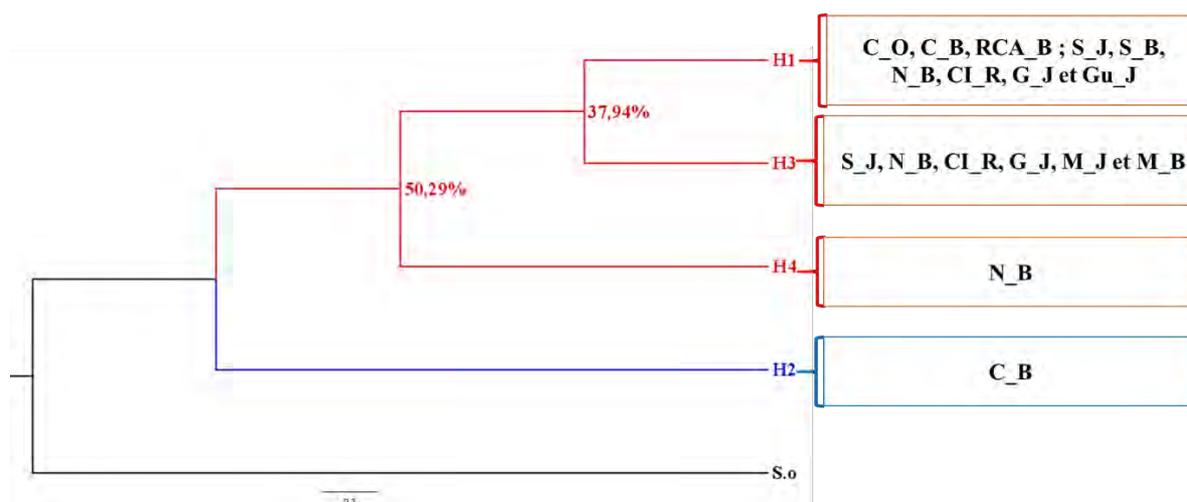


Figure 78 : méthode du maximum de parcimonie du COI.

C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G.J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_J : Mali_jaune ; M_B : Mali_blanc.

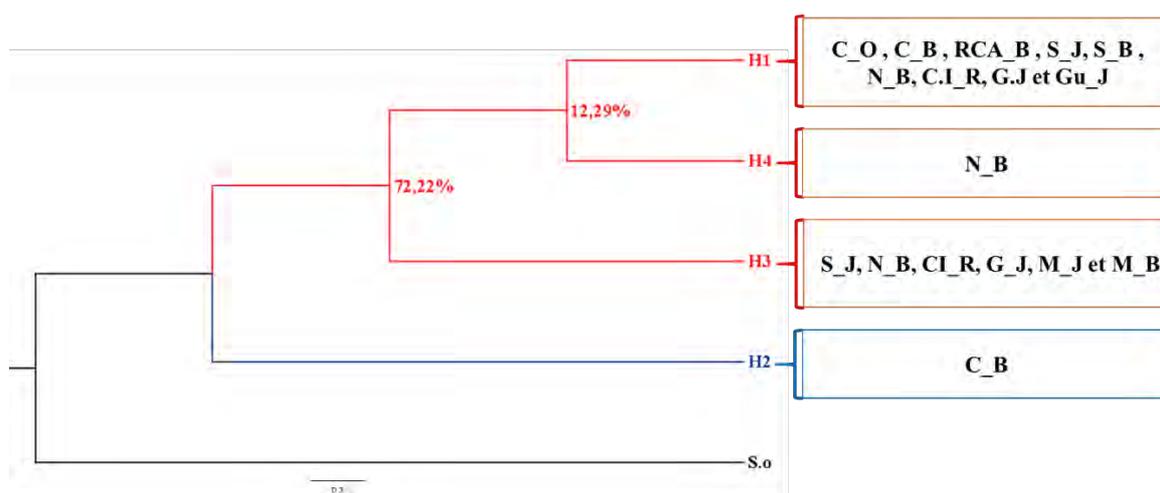


Figure 79 : méthode du maximum de vraisemblance du COI.

C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G.J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_J : Mali_jaune ; M_B : Mali_blanc.

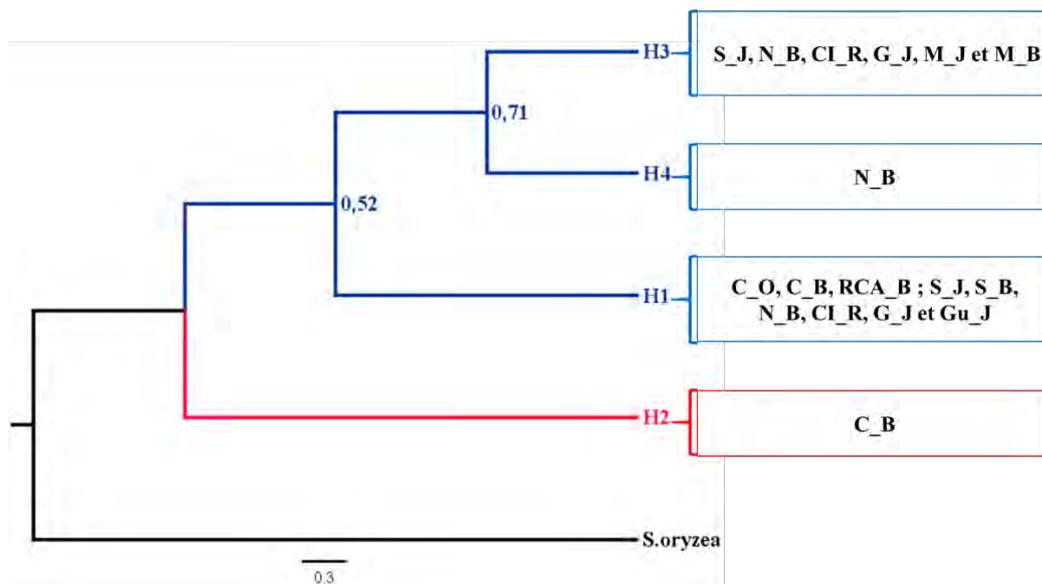


Figure 80 : méthode de l'inférence bayésienne du *COI*.

C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G.J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_J : Mali_jaune ; M_B : Mali_blanc.

Pour le *Cyt-b*, la typologie des arbres révèle deux haplogroupes et des haplotypes reliés par de faibles valeurs de bootstrap, avec la méthode du Neighbor-joining et celle du maximum de parcimonie. Le premier haplogroupe est constitué d'individus du Niger sur du maïs blanc. Le deuxième haplogroupe est formé de deux sous haplogroupes 1et 2. Le premier sous haplogroupe est composé d'individus du Ghana sur du maïs jaune et le deuxième sous haplogroupe est formé d'individus de la Guinée sur du maïs jaune et d'individus du Sénégal sur du maïs jaune et blanc (Figure 81 et 82).

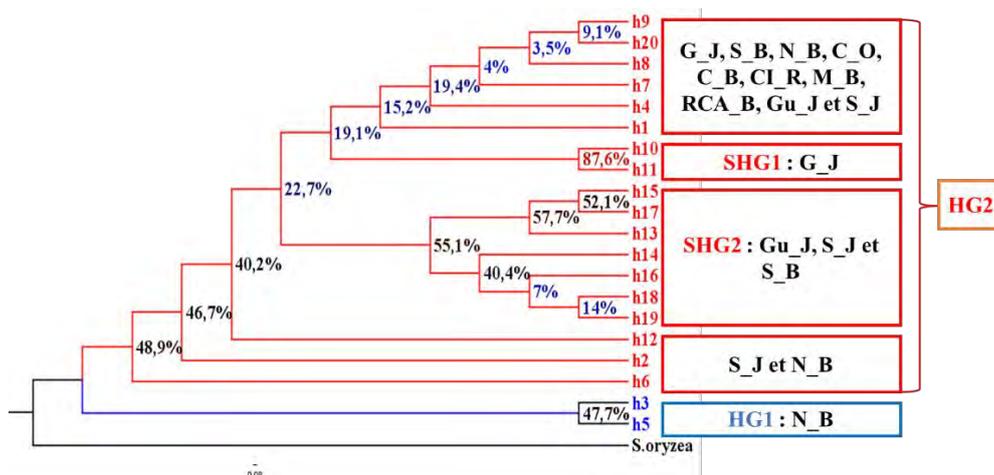


Figure 81 : méthode du Neighbor-joining du *Cyt-b*.

HG1 : haplogroupe 1 ; HG2 : haplogroupe 2 ; SHG1 : sous haplogroupe1 ; SHG2 : sous haplogroupe 2 ; C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G.J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_B : Mali_blanc.

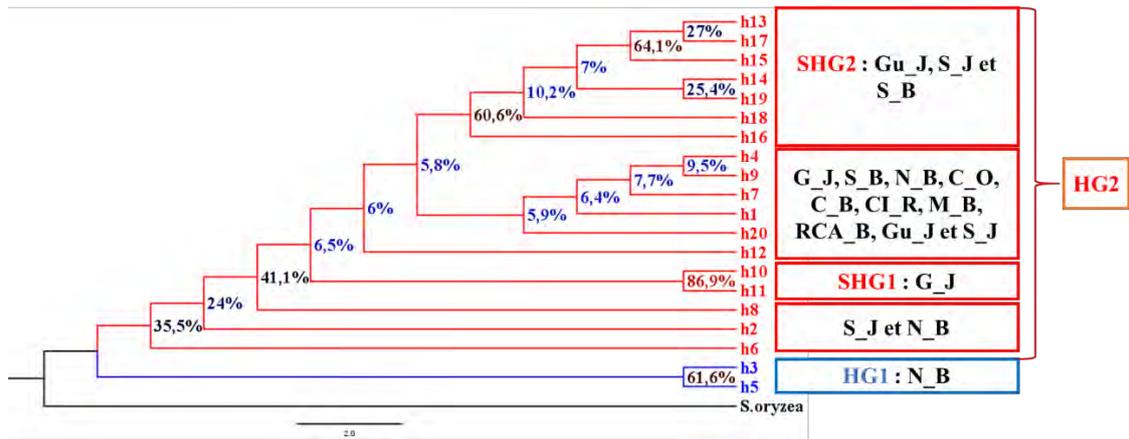


Figure 82 : méthode du maximum de parcimonie du Cyt-b.

HG1 : haplogroupe 1 ; HG2 : haplogroupe 2 ; SHG1 : sous haplogroupe1 ; SHG2 : sous haplogroupe 2 ; C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G.J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_B : Mali_blanc.

Quant à la méthode probabiliste du maximum de vraisemblance deux haplogroupes et des haplotypes reliés par de faibles valeurs de bootstrap sont observés. Le premier haplogroupe correspond au sous haplogroupe 1 de l'haplogroupe 2 des deux précédentes méthodes. Le deuxième haplogroupe est composé d'un sous haplogroupe correspondant au sous haplogroupe 2 de haplogroupe 2 des précédentes méthodes (Figure 83).

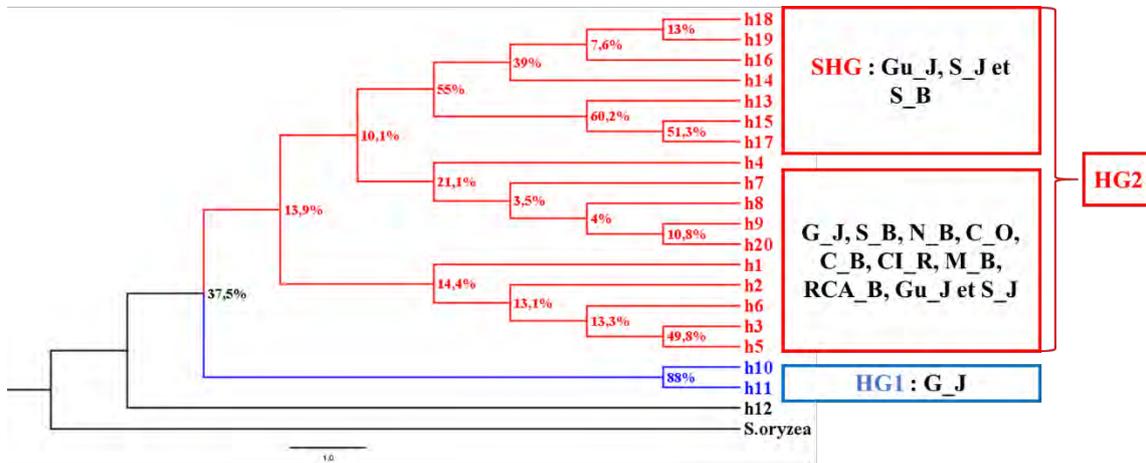


Figure 83 : méthode du maximum de vraisemblance du Cyt-b.

HG1 : haplogroupe 1 ; HG2 : haplogroupe 2 ; SHG : sous haplogroupe ; C_O : Cameroun_orange ; C_B : Cameroun_blanc ; RCA_B : RCA_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; S_B : Sénégal_blanc ; N_B : Niger_blanc ; CI_R : Côte d'Ivoire_rouge ; G_J : Ghana_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; M_J : Mali_jaune ; M_B : Mali_blanc.

L'inférence bayésienne produit les arbres les plus résolutifs avec des valeurs de probabilités postérieures fortes. Ainsi, avec cette méthode, quatre haplogroupes sont répertoriés et des haplotypes non résolutifs. Le premier haplogroupe est constitué uniquement d'individus du Niger sur du maïs blanc. Le deuxième est composé d'individus de la Guinée sur du maïs

jaune et du Sénégal sur maïs jaune et blanc. L'haplogroupe 3 et 4 sont formés respectivement par des individus du Ghana sur du maïs jaune et du Niger sur du maïs blanc. Les haplotypes non résolutifs sont l'haplotype 4 (majoritaire) présent dans tous les pays ; l'haplotype 7 rencontré en Côte d'Ivoire et en Guinée ; l'haplotype 9 présent au Ghana ; l'haplotype 12 trouvé au Sénégal ; l'haplotype 14 présent en Guinée ; l'haplotype 20 rencontré au Sénégal (Figure 84).

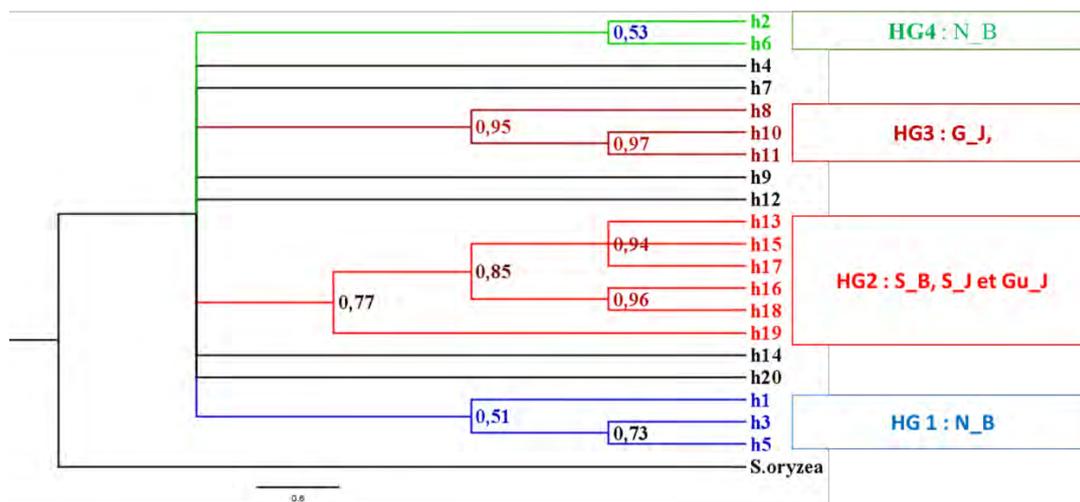


Figure 84 : méthode de l'inférence bayésienne du *Cyt-b*.

HG1 : haplogroupe 1 ; HG2 : haplogroupe 2 ; HG3 : haplogroupe 3 ; HG4 : haplogroupe 4 ; N_B : Niger_blanc ; S_B : Sénégal_blanc ; S_J : Sénégal_jaune ; Gu_J : Guinée_jaune ; G_J : Ghana_jaune ;

III.3 Discussion

L'objectif de ce chapitre est de caractériser génétiquement des populations de *S. zeamais* en fonction des types de maïs et des pays échantillonnés. Ceci par PCR-séquençage à travers deux marqueurs mitochondriaux qui sont le *COI* et le *Cyt-b*.

III.3.1 Diversité génétique des populations

Les résultats de l'analyse des paramètres basiques de diversité génétique telle que la fréquence moyenne des nucléotides au niveau des deux gènes (*COI* et le *Cyt-b*) ont montré que, pour la population globale, la fréquence moyenne en A+T est supérieure à celles en C+G). En effet, plusieurs auteurs ont souligné que chez les insectes, il y a un niveau de saturation élevé en A+T dans l'ADN mitochondrial (Perna et Kocher, 1995 ; Pedersen, 2002). Cependant, pour le *COI*, des différences de fréquences moyennes significatives en A et en G sont observées entre la population du Mali_blan et celles du Cameroun_blan, du Cameroun_orange, de la Côte d'Ivoire_rouge, du Ghana_jaune, de la Guinée_jaune, de la RCA_blan et du Sénégal_blan. En effet, la population du Mali_blan a une fréquence moyenne en A faible et en G élevée par rapport aux autres populations. Quant au *Cyt-b*, des différences de fréquences moyennes significatives sont aussi notées pour tous les nucléotides entre certaines populations. Entre la population de la RCA_blan et celle du Ghana_jaune, la différence de fréquence moyenne significative observée est due par une composition en A plus importante dans la population du Ghana_jaune. Le taux élevé de T de la population de la RCA_blan est à l'origine de la différence de fréquence moyenne significative entre cette dernière et les populations du Niger_blan, du Ghana_jaune et du Sénégal_jaune. La différence de fréquence moyenne significative entre la population du Ghana_jaune et celles de la Côte d'Ivoire_rouge, de la RCA_blan et du Sénégal_jaune est due par un faible taux de G de la population du Ghana_jaune. De même, le fort taux de G de la population du Sénégal_jaune est à l'origine de la significativité de la différence de fréquence moyenne entre cette dernière et celle de la RCA_blan. La composition élevée de C de la population du Ghana_jaune explique la différence de fréquence moyenne significative entre cette dernière et celles de la Côte d'Ivoire_rouge, du Mali_blan, du Niger_blan, de la RCA_blan, du Sénégal_jaune et du Sénégal_blan. Quant à la différence de fréquence moyenne significative de la population du Sénégal_blan par rapport à celles du Sénégal_jaune, de la RCA_blan, du Niger_blan, du Mali_blan, du Ghana_jaune et de la Côte d'Ivoire_rouge, elle est due par la faible composition de C de la population du Sénégal_blan.

Toutefois, pour la population globale au niveau des deux gènes, les mutations de types transitions sont plus nombreuses que celles des transversions. C'est le cas aussi de la population du Niger_blanç pour le *COI* et des populations du Ghana_jaune, de la Guinée_jaune, du Sénégal_blanç et du Sénégal_jaune pour le *Cyt-b*. D'après Gibson et Muse (2002), les transitions sont moins susceptibles de changer la nature des acides aminés que les transversions. Selon ces auteurs, les transitions ont plus de chances d'être conservées au niveau des régions codantes.

L'étude de la répartition des haplotypes dans chaque pays échantillonné de même que les indices standard de diversité génétique ont montré qu'au niveau du *COI*, certaines populations ne présentent pas de diversité. Ces populations sont le Cameroun_orange, la Guinée_jaune, le Mali_blanç, le Mali_jaune, la RCA_blanç et le Sénégal_blanç. Ces dernières n'ont qu'un seul haplotype. Ce manque de diversité pourrait être expliqué par le fait que le *COI*, est un gène peu variable (Folmer *et al.*, 1994). Malgré cela, certaines populations comme le Cameroun_blanç et le Niger_blanç indiquent des diversités haplotypiques élevées pour ce gène. Ceci s'expliquerait par le fait que le Cameroun avant 2010 importé beaucoup de tonnes de maïs (PAM, 2011(a)). Quant au Niger, il appartient à deux sous espaces marchands répertoriés en Afrique de l'Ouest, les sous espaces Est et Centre. Ces espaces constituent les plus importantes zones de transaction des céréales en particulier du maïs (Blein et Soulé, 2014).

Pour le *Cyt-b*, l'étude de la répartition des haplotypes et des indices standard de diversité génétique ont indiqué que seules les populations du Cameroun, la population du Mali_blanç et la population de la RCA_blanç ne présentent pas de diversité. Quant aux autres populations, elles ont un nombre d'haplotypes beaucoup plus élevé et une diversité haplotypique élevée. En regroupant les individus en fonction des types de maïs, seuls ceux en provenance du maïs jaune révèlent une diversité haplotypique élevée avec le *Cyt-b*. Sachant que les conditions agro-écologiques affectent la vigueur biologique de l'insecte (Danho et Haubruge, 2003), la diversité génétique de ces individus s'expliquerait par le fait que le maïs jaune est cultivé dans plusieurs pays où règnent différentes conditions agro-écologiques.

III.3.2 Structuration génétique

L'étude de la différenciation génétique en fonction des types de maïs a montré une différenciation significative seulement avec le *Cyt-b*, entre les individus du maïs jaune et respectivement ceux du maïs blanc, du maïs rouge. En fait, les types de maïs ont une composition en éléments nutritifs variables (FAO, 1998). Cette différence de composition pourrait entraîner une différenciation génétique comme démontré par (Sembène, 2000) chez

Caryedon serratus. Ensuite avec le *COI*, nous avons noté une différenciation significative entre les individus du Mali et ceux des autres pays pour le *COI*. Cela est peut être due qu'au Mali, 70% du maïs cultivé est stocké et utilisé pour la consommation propre aux ménages. Seuls 30% de la production totale est disponible sur les marchés locaux et urbains (Kaminski *et al.*, 2013). A part le Sénégal où il exporte du maïs, il y a peu ou pas d'échange de maïs avec les autres pays (Blein et Soulé, 2014). Quant à la différenciation génétique significative entre les individus de la Côte d'Ivoire et ceux du Cameroun, de la RCA, elle s'expliquerait par le fait que ces pays ont des conditions agro-climatiques, agro-écologiques et des pratiques agronomiques différentes. Ces dernières pourraient aussi expliquer la différenciation génétique significative entre les individus de certains pays pour le *Cyt-b*. selon Danho et Haubruge (2003), les conditions agro-écologiques, de même les pratiques agronomiques influencent la vigueur biologique de l'insecte.

L'étude de l'isolement génétique montre que même s'il y a une différenciation génétique entre certains pays pour les deux gènes, cette différenciation ne serait pas due à la distance géographique entre les pays. En effet, il n'y a pas de corrélation entre la différenciation génétique et les distances géographiques entre les pays comme l'a indiqué l'étude de l'évolution phylogéographique et de la structure génétique des populations de *S. zeamais*, ravageur du maïs stocké en Afrique de l'Ouest (Ndiaye et Sembène, 2018).

Les résultats de l'AMOVA à l'aide des deux gènes en fonction des types de maïs ont montré que la majeure partie de la variance moléculaire se situe entre population d'un même type de maïs et à l'intérieur de la population. Ainsi, il en découle qu'il n'aurait pas de structuration génétique en fonction des types de maïs. Quant aux résultats de l'AMOVA en fonction des pays, il en résulte que la grande partie de la variance moléculaire réside à l'intérieur de la population et entre pays. Donc la structuration des populations de *S. zeamais* serait plus en faveur des pays en tenant compte de quelques différenciations génétiques qui existent entre ces derniers.

III.3.3 Evolution démographique

Les valeurs des indices de diversité, des tests démogénétiques et des indices démographiques, couplées aux résultats de « mismatch distribution » des individus définis en fonction des types de maïs grâce aux deux gènes, suggéreraient un goulot d'étranglement suivi d'une expansion démographique modérée sauf pour ceux du maïs orange et du maïs rouge. Ces derniers seraient soumis uniquement à un goulot d'étranglement. L'expansion démographique observée pourrait être due à une colonisation de nouveaux territoires comme démontré par de nombreuses études (Maley, 1991 ; Hewitt, 2000 ; Ndiaye et Sembène, 2018). Quant aux

individus définis en fonction des pays, ces valeurs, en plus des résultats de « mismatch distribution » indiqueraient un goulot d'étranglement suivi d'une expansion démographique modérée pour le Cameroun et le Ghana. En ce qui concerne les individus du Niger, ils seraient soumis à une croissance démographique rapide à partir d'une population ancestrale à faible taille efficace depuis un temps suffisant pour un rétablissement de la diversité haplotypique par mutation, mais trop court pour l'accumulation de fortes différences de séquences. La forte réduction d'effectifs d'une population a un effet sur la diversité génétique et accentue la dérive génétique d'où une disparition de nombreux variants qui seront régénérés lentement par mutation à la fin de ce phénomène (Lefèvre *et al.*, 2016). Pour ce qui est des individus de la Côte d'Ivoire, de la Guinée Conakry, du Mali, de la RCA et du Sénégal, ils seraient soumis à un goulot d'étranglement. Au niveau du *Cyt-b*, les individus du Cameroun, de la Côte d'Ivoire, du Mali et de la RCA pourraient être soumis à un goulot d'étranglement. Ces goulots d'étranglements observés pourraient être le résultat d'un effet fondateur (une récente colonisation) par un petit nombre de lignées comme ça était signalé par Sézonlin *et al.* (2006) dans les pays du Sud et du centre de l'Afrique pour le cas des foreurs des tiges, par Corrêa *et al.* (2016) pour le charançon du maïs. Pour ce qui est des individus du Ghana, du Niger et du Sénégal, ils indiqueraient le signal de populations stables à fortes tailles efficaces, suivies d'expansion démographique modérée. Quant aux individus de la Guinée Conakry, ils seraient affectés d'une croissance démographique rapide à partir d'une population ancestrale à faible taille efficace depuis un temps suffisant pour un rétablissement de la diversité haplotypique par mutation, mais trop court pour l'accumulation de fortes différences de séquences. D'après Ndiaye et Sembène (2018), l'expansion démographique d'une population laisse généralement des traces dans la distribution des haplotypes et pourrait être due à un excès d'haplotypes ou un excès de mutations de types singleton.

Cependant, les résultats de l'analyse de l'évolution démographique des populations de *S. zeamais*, à partir du *COI* indiqueraient pour le Cameroun_orange, la Côte d'Ivoire_rouge, la Guinée_jaune, le Mali_jaune, le Mali_blanc, le Sénégal_jaune et le Sénégal_blanc un goulot d'étranglement. Quant à la population du Ghana_jaune, elle serait affectée d'un goulot d'étranglement suivi d'une expansion démographique. L'évolution de la population du Cameroun_blanc pourrait être celle d'une population stable à forte taille efficace suivie d'une expansion démographique. En effet, le Cameroun est devenu autosuffisant en maïs depuis 2011 (PAM, 2011(a)). Ce qui rend le maïs (à l'occurrence le maïs blanc qui est le plus utilisé pour la consommation humaine (Semassa *et al.*, 2016)) permanemment disponible dans les magasins de commerce céréalier. *S. zeamais* aurait en permanence dans ces conditions le maïs comme

support de développement, entrainerait ainsi son expansion démographique dans ce pays. Celle de la population du Niger_blanc serait le signal de croissance démographique rapide à partir d'une population ancestrale à faible taille efficace, depuis un temps suffisant pour un rétablissement de la diversité haplotypique par mutation, mais trop court pour l'accumulation de fortes différences de séquences. Au niveau du *Cyt-b*, les populations du Cameroun_blanc, du Cameroun_orange, de la Côte d'Ivoire_rouge, le Mali_blanc et de la RCA_blanc seraient soumises à des goulots d'étranglements. Celles du Ghana_jaune, du Niger_blanc, du Sénégal_blanc et _jaune indiquent des populations stables à fortes tailles efficaces suivies d'une expansion démographique. Cette expansion découlerait du fait que le Niger et le Ghana se trouvent dans des espaces marchands céréaliers où transite en permanence le maïs destiné à l'alimentation humaine et animale notamment la volaille (Blein et Soulé, 2014). Pour le Sénégal, l'expansion résulterait de la présence du maïs en permanence dans les lieux de stockages surtout en milieu rural où le maïs fait partie des céréales de base (USAID, 2017). Quant à la population de la Guinée_jaune, elle serait affectée d'une croissance démographique rapide à partir d'une population ancestrale à faible taille efficace, depuis un temps suffisant pour un rétablissement de la diversité haplotypique par mutation, mais trop court pour l'accumulation de fortes différences de séquences.

Les expansions démographiques observées des groupes d'individus des types de maïs, au sein des pays et de même pour les populations de *S. zeamais* peuvent entrainer deux craintes, celle d'une destruction massive des stocks de céréales et l'émergence de souche résistantes aux méthodes de lutte, en particulier celle chimique.

III.3.4 Réseau d'haplotypes et relations phylogénétiques

Les relations entre les haplotypes des individus de l'échantillonnage, présentées sous la forme d'un réseau d'haplotypes, nous permettent d'émettre des hypothèses sur l'histoire évolutive des populations étudiées. Chez *S. zeamais* au niveau du *COI*, l'haplotype majoritaire est présent dans tous les pays à l'exception du Mali. De cet haplotype majoritaire dérive les autres haplotype de un à cinq pas mutationnel. Cet haplotype majoritaire pourrait indiquer l'existence de flux génétique entre ces pays par comparaison à une étude de Horne *et al.* (2008) sur trois congénères de poissons de récif à travers l'indo pacifique. En effet, il existe des flux commerciaux de céréales, en particulier du maïs entre certains de ces pays. C'est le cas entre le Sénégal et la Guinée Conakry, entre la Côte d'Ivoire et le Sénégal, entre le Ghana et le Niger (CILSS, 2013). Le Mali renferme uniquement l'haplotype H3 qui est aussi présent en Côte d'Ivoire, au Sénégal, au Ghana et au Niger. La présence de cet haplotype dans ces pays peut

être expliquée par l'existence de flux commerciaux de maïs partant de la Côte d'Ivoire vers le Sénégal en passant par le Mali et aussi de la Côte d'Ivoire vers le Niger en passant par le Burkina Faso (CILSS, 2013).

Au niveau *Cyt-b*, le réseau d'haplotype obtenu est sous forme d'étoile, avec un haplotype majoritaire présent dans tous pays. De cet haplotype dérive plusieurs haplotypes par un à plusieurs pas mutationnel. La présence de l'haplotype majoritaire dans tous les pays témoigne d'avantage de l'existence de flux génétique entre ces pays.

Les résultats des relations phylogénétiques des populations de *S. zeamais* des différentes approches de reconstructions pour le *COI*, ont révélé l'existence d'un haplogroupe et un haplotype privé non résolutif provenant du Cameroun sur du maïs blanc. La présence de cet haplotype privé au Cameroun pourrait être due à un isolement des individus de cette population par rapport aux autres populations de l'échantillonnage.

Cependant, au niveau du *Cyt-b*, les arbres de reconstructions phylogénétiques les plus résolutifs sont obtenus avec la méthode de l'inférence bayésienne. Cette méthode révèle l'existence de quatre haplogroupes et des haplotypes non résolutifs. Parmi ces haplogroupes deux appartiennent à la population du Niger_blanc, un à la population du Ghana_jaune et un haplogroupe regroupant des individus des populations du Sénégal et de la Guinée Conakry. La présence de deux haplogroupes au sein de la population du Niger_blanc peut être expliquée par le fait que cette dernière renferme beaucoup d'haplotypes privés mais aussi par un faible flux de gène par rapport aux autres populations. L'haplogroupe regroupant des individus des populations du Sénégal et de la Guinée Conakry montre l'important flux de gènes qui existe entre ces populations.

Conclusion partielle

Cette étude a consisté grâce à deux marqueurs mitochondriaux le *COI* et le *Cyt-b*, à caractériser génétiquement des populations de *S. zeamais* en fonction des types de maïs et de la situation géographique.

L'étude de la diversité génétique des populations montre pour les deux marqueurs (*COI* et le *Cyt-b*) une importante richesse en A + T qui diffère d'une population à une autre traduisant ainsi le niveau de saturation élevé dans l'ADN mitochondriale des insectes. Pour le *COI*, à part le Niger_blan, et le Cameroun_blan, les autres populations ne montrent pas de diversité génétique. Alors que pour le *Cyt-b*, seules les populations du Cameroun, celle du Mali_blan et de la RCA_blan qui ne présentent pas de diversité génétique. Le regroupement des individus en fonction des types de maïs indique que seuls les individus issus du maïs jaune présentent une diversité génétique.

En fonction des types de maïs une différenciation génétique est notée entre les individus du maïs jaune et ceux respectivement du maïs blanc et rouge au niveau du *Cyt-b*. En fonction des pays il existe une différenciation génétique pour les deux marqueurs même si cette différenciation est beaucoup plus marquée pour le *Cyt-b*. Cependant la différenciation génétique existante n'est pas corrélée à la distance géographique entre les pays. En tenant compte des résultats de l'AMOVA en fonction des types de maïs et des pays, la structuration génétique des populations de *S. zeamais* serait plutôt en faveur des pays.

L'évolution démographique en fonction des types de maïs montre que les individus issus sur les maïs les plus utilisés (maïs jaune et blanc) sont en expansion démographique alors que ceux provenant du maïs orange et rouge, moins utilisés, sont soumis à un goulot d'étranglement. L'étude de l'évolution démographique des groupes d'individus des différents pays indique que ceux du Niger et du Ghana sont en expansion pour les deux marqueurs. Alors que ceux du Sénégal et de la Guinée Conakry sont en expansion qu'au niveau du *Cyt-b* et le Cameroun au niveau du *COI*. L'expansion des individus du Cameroun du *COI* est due par l'expansion de la population du Cameroun_blan.

L'étude des réseaux d'haplotypes et des relations phylogénétiques révèle l'existence de flux génétique entre certains pays.

Conclusion générale

Les insectes ravageurs comme *S. zeamais* causent de nombreux problèmes pour répondre aux besoins de la sécurité alimentaire et nutritionnelle, lesquels constituent les principaux défis des pays en voie de développement. Ainsi de nombreux pays se sont fixés comme défis la disponibilité de la culture vivrière, à travers une bonne gestion des cultures et des denrées stockées. Par ailleurs, de nombreuses études ont montré que la diversité et la structure génétique des populations peuvent être affectées par des facteurs, qui agissent souvent en combinaison. Dans ce contexte, il est nécessaire d'évaluer les éléments liés à la morphologie, à la diversité et à la structure génétique des populations. En effet, ces éléments sont le plus souvent impactés par les facteurs tels que les changements climatiques, les paramètres environnementaux et écologiques, les barrières naturelles, les activités anthropiques à travers les échanges commerciaux. De ce fait, l'objectif de ces études antérieures a été de mettre en œuvre des stratégies de gestion afin de maintenir ces organismes nuisibles en dessous d'un seuil économiquement acceptable. Toutefois, la réussite de ces stratégies dépend de la connaissance morpho-génétique et de la démographie de ces ravageurs. Cette étude s'était fixée comme objectif général de caractériser aux plans morphométrique et génétique les populations de *S. zeamais* en fonction du type de maïs et de la localisation géographique.

Il découle de l'étude de la caractérisation morphométrique des populations de *S. zeamais* l'existence de groupes morphométriques. Ces derniers, ne seraient pas liés aux conditions agro-écologiques, climatiques et à la distance géographique des pays, mais ils seraient plutôt en faveur de la composition organoleptique des types de maïs. Cependant, même si l'existence de groupe morphométrique serait due à la composition organoleptique des maïs, elle ne serait pas le seul facteurs car au sein des individus provenant d'un même type de maïs il existe des groupes morphométriques. Donc il y aurait d'autres facteurs qui interviendraient dans la caractérisation morphométrique de *S. zeamais*.

Ensuite, l'étude de la caractérisation génétique des populations de *S. zeamais* avec l'utilisation de deux marqueurs (*COI* et *Cyt-b*) a montré une diversité génétique pour certaines populations. Elle a également révélé une différenciation génétique entre les individus du maïs jaune et ceux du maïs blanc et rouge et également entre certaines populations des pays au niveau du *Cyt-b*. Mais la différenciation entre pays n'est pas corrélée à la distance géographique entre pays. Toutefois, les résultats de l'AMOVA indiqueraient une structuration génétique plus en faveur des pays que des types de maïs. En outre, l'évolution démographique a montré une expansion démographique pour les individus issus des types de maïs les plus consommées (maïs jaune et maïs blanc), de même pour les populations du Niger et du Ghana à partir des deux marqueurs

et également pour les populations du Sénégal et de la Guinée Conakry au niveau du *Cyt-b*. Il ressort également de cette étude un important flux génétique entre certains pays qui pourrait être du aux échanges commerciaux entre ces derniers.

Recommandations

Au terme de cette étude, nous recommandons aux différents pays ouest africains et du Centre où il existe des échanges commerciaux de maïs, d'élaborer des politiques d'échanges respectant les normes d'hygiène afin de limiter les flux génétiques entre les populations d'insectes ravageurs. La limitation des flux génétiques entre pays réduit la diversité génétique dont dépend la survie des populations. En diminuant la diversité génétique, il y aura un processus érosif de la variabilité génétique qui a tendance à augmenter la consanguinité, à favoriser une rupture de connections entre les populations et du coup à freiner la prolifération des insectes. En Afrique la majeure partie de la culture du maïs se fait pendant la saison des pluies qui dure quelque mois. Ainsi les producteurs sont obligés de stocker le maïs dans des magasins pour assurer sa disponibilité durant la longue saison sèche. Il est donc recommandé aux producteurs d'éviter le stockage en vrac car cela favorise la prolifération des insectes.

Perspectives :

De nos jours, il est opportun d'appréhender le maillon faible des processus évolutifs de *Sitophilus zeamais*, pour une meilleure protection et une gestion des cultures. Pour cela, il faut :

- Comparer les caractères biodémographiques de souches génétiquement éloignées ;
- Elargir l'étude de la caractérisation morphométrique et génétique à d'autres populations de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et du Centre ;
- Etudier l'écophysiologie des populations de *S. zeamais* en Afrique de l'Ouest et du Centre
- Déterminer les effets des extraits de plantes naturelles dans la protection des cultures contre *S. zeamais*...

Références bibliographiques

1. **Aboubakry S., 2010.** Sensibilité de quelques variétés de blé cultivé dans la vallée du fleuve Sénégal au ravageur *Sitophilus zeamais* Motschulsky. Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master II de Biologie Animale à l'Université Cheikh Anta Diop de Dakar, 30p.
2. **AGPM, 2015.** La plante la plus cultivée au monde aux multiples applications. 12 p.
3. **Akaike H., 1974.** A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control, AC-19*, 716–723.
4. **Anonyme, 2009a.** Rice weevil *Sitophilus oryzae* (L.) Canadian Grain Commission.
5. **Anonyme, 2009b.** Maize weevil *Sitophilus zeamais* (Motsch.) Canadian Grain Commission.
6. **Anonyme, 2012.** Rice weevil *Sitophilus oryzae* (L.) Canadian Grain Commission.
7. **Anonyme, 2013.** Maize weevil *Sitophilus zeamais* (Motsch.) Canadian Grain Commission.
8. **Anzala F. J., 2006.** Contrôle de la vitesse de germination chez le maïs (*Zea mays*) : étude de la voie de biosynthèse des acides aminés issus de l'aspartate et recherche de QTLs. Thèse de Doctorat, Université d'Angers, INH, INRA, 148p.
9. **APG III, 2009.** Mise à jour de la classification du groupe de phylogénie des angiospermes pour les ordres et les familles de plantes à fleurs. *Journal botanique de la société linnéenne*, volume 161, numéro 2, 105-121.
10. **Asawalam E. F., Emosairue S. O. et Hassanali A., 2008.** Essential oil of *Ocimum grattissimum* (Labiatae) as *Sitophilus zeamais* (Coleoptera: Curculionidae) protectant. *African Journal of Biotechnology*, 7 (20) : 3771-3776.
11. **AQUASTAT, 2005 (a).** L'irrigation en Afrique en chiffres : Guinée. 78 p.
12. **AQUASTAT, 2005 (b).** L'irrigation en Afrique en chiffres : Côte d'Ivoire. 10 p.
13. **Avise J. C., Arnold J., Ball R. M., Bermingham E., Lamb T., Neigel J. E., Reeb C. A. and Saunders N. C., 1987.** Intraspecific phylogeography : the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics.
14. **Avise JC (2004).** Molecular markers, natural history, and evolution, 2nd edn. Sinauer, Sunderland, MA.
15. **Avise J. C., 2000.** Phylogeography : the history and formation of species. Harvard University Press, Cambridge, MA.
16. **Bandelt H. J., Forster P. and Röhl A., 1999.** Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, (16): 37–48.

17. **Baoua G.**, 2013. Le contexte de l'hydraulique et de l'assainissement du Niger. Atelier de mise en réseau et appui à la coopération décentralisée et non gouvernementale eau/assainissement du Niger, Paris. 19 p.
18. **Bassaler N.**, 2000. Le maïs et ses avenir. *Cahier du LIPS n°13*. 47 p.
19. **Bassène C., Mbaye M. S., Kane A., Diangar S. et Noba K.**, 2012. Flore adventice du maïs (*Zea mays* L.) dans le Sud du bassin arachidier (Sénégal) : structure et nuisibilité des espèces. *Journal of Applied Biosciences* 59 : 4307-4320.
20. **Benhalima H., Chaudhry M.Q., Mills K.A. et Price N.R.**, 2004. Phosphine resistance in stored-product insects collected from various grain storage facilities in Morocco. *J. Stored Prod. Res.*, **40**, 241-249.
21. **Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. et Bonhomme F.**, 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous window TM pour la génétique des populations. Laboratoire génome, Populations, interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
22. **Birky, C. W.**, 2001. The inheritance of genes in mitochondria and chloroplasts : laws, mechanisms, and models. *Annual Review of Genetics*, (35) : 125-148.
23. **Blein R., Soulé G. B., Dupaigne B. F. et Yérima B.**, 2008. Les potentialités agricoles de l'Afrique de l'Ouest (CEDEAO). 116 p.
24. **Blein R. et Soulé B. G.**, 2014. Marchés céréaliers Ouest Africains : vers une dépendance croissante aux importations ou une souveraineté alimentaire régionale. *Le DEMETER*. 181-204.
25. **Bloomfield V. A.**, 2014. Using R for numerical analysis in Science and Engineering. Chapman & Hall/CRC the R Series, 359 p (ISBN 987-14398844).
26. **Bocoum K.**, 2017. Programme accéléré de sécurité alimentaire et nutritionnelle et de développement agricole durable de la Guinée, 2016-2020. 119 p.
27. **Boichard D., Le Roy P., Leveziel H. et Elsen M.**, 1998. Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. INRA Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex.
28. **Boone P. S., Charles J. D. et Wanzie L. R.**, 2008. Évaluation sous régionale de la chaîne de valeur du maïs, rapport technique, ATP n°1. Bethesda, MD projet ATP, Abt Associates Inc.
29. **Boureima M.**, 2015. Les politiques agricoles au Niger, 1960-2015 : 55 ans à la recherche de la sécurité alimentaire et de la réduction de la pauvreté. Les éditions *Belle Afrique*. 35 p.

30. **Boye A., 2001.** Situation des ressources génétiques forestières du Sénégal. Atelier sous régional FAO/IPGRI/CIRAF sur la conservation, la gestion, l'utilisation durable et la mise en valeur des ressources génétiques forestières de la zone sahélienne (Ouagadougou, 22-24 sept ; 1998).
31. **Bricas N. et Thirion M. C., 2009.** Bassins de production et de consommation des cultures vivrières en Afrique de l'Ouest et du Centre. 51 p.
32. **Brown W. M., 1985.** The mitochondrial genome of animals. In : *Molecular Evolutionary Genetics*, R.J. MacIntyre (ed.). New York: Plenum Press, 95 - 130.
33. **Buckler E. S., Gaut B. S. et McMullen M. D., 2006.** Molecular and functional diversity of maize. *Curr. Opin. Plant Biol.* 9: 172–176.
34. **Burnham K. P. and Anderson D. R., 2002.** Model selection and multimodel inference: a practical information theoretic approach, 2nd ed. , Springer, New York.
35. **Camara S., 1994.** Production et utilisation du maïs en Guinée. Institut de recherche agronomique de Guinée, Kindia, république de Guinée. 9 p.
36. **CEDEAO, 2015.** L'agriculture et l'alimentation en Afrique de l'Ouest : mutation, performances et politiques agricoles. 138 p.
37. **CEIM, 2009.** Convention sur la diversité biologique. 42 p.
38. **CILSS, 2013.** Flux commerciaux transfrontaliers de produits agricoles en Afrique de l'Ouest. 8 p.
39. **CILSS, 2017.** Flux transfrontaliers de produits agricoles et d'élevage au Sahel et en Afrique de l'Ouest. 9 p.
40. **CILSS/FAO/FEWS NET/PAM/GOUVERNEMENT, 2018.** Rapport d'évaluation préliminaire des récoltes de la campagne 2017/2018 et de la sécurité alimentaire et de la nutrition. 32 p.
41. **Charcosset A. et Gallais A., 2009.** Emergence et développement du concept de variétés hybrides chez le maïs « Le sélectionneurs Français » UMR Génétique végétale. INRA- Université de Paris Sud-CNRS-AgroParisTechFerm du moulin 91190GIF/YVETTE, 60 : 21-30.
42. **CNSM, 2018.** Impact de l'adoption des variétés améliorées de maïs sur le bien-être des maïsiculteurs au Bénin, au Burkina-Faso, en Côte d'Ivoire et au Mali. Rapport régional. 59 p.
43. **CORAF/WECARD, 2018.** Impact de l'adoption des variétés améliorées de maïs sur le bien-être des maïsiculteurs au Bénin, au Burkina-Faso, en Côte d'Ivoire et au Mali. 59 p.

44. **Corrêa, A.S., Vinson, C.C., Braga, L.S., Guedes, R.N.C. and de Oliveira, L.O., 2016.** 'Ancient origin and recent range expansion of the maize weevil *Sitophilus zeamais*, and its genealogical relationship to the rice weevil *S. oryzae* ', *Bulletin of Entomological Research*, 107(1), pp. 9-20.
45. **CPDN, 2015.** Contribution prévue déterminée au niveau national de la République Centrafricaine. 15 p.
46. **Cruz J. F., Troude F., Griffon D. and Hubert J. P., 1988.** Conservation des grains en régions chaudes. - 2e édition «Techniques rurales en Afrique» - CEEMAT/CIRAD, Paris, 545 p.
47. **Dabire F, 2000.** Sélection inter et intra variétale pour la résistance à la sécheresse en cours de culture chez le maïs (*Zea mays* L). Mémoire de fin d'étude. 77 p.
48. **Danho M. et Haubruge E., 2003.** Comportement de ponte et stratégie reproductive de *Sitophilus zeamais* [Coleoptera : Curculionidae [Coleoptera : Curculionidae]. Conférence internationale francophone d'entomologie. *Phytoprotection*, vol. 84 N°2, 59-67.
49. **Darroch, Jn. et Mosimann, I., 1985.** Canonical and principal components of shape. *Biometrika*. 72 (2) : 241-252.
50. **Delobel A. et Tran M., 1993.** Les Coléoptères des denrées alimentaires entreposées dans les régions chaudes. ORSTOM Editions. 442 p.
51. **Decaëns T., Porco D. and Rougerie R., 2013.** Le barcoding ADN : un outil pour étudier la biodiversité des invertébrés terrestre.
52. **Dia A. K. M., Sarr A. G. R. J., Kafom A., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. et Sembène M., 2017.** Identification morphométrique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) inféodées à trois céréales à Widou Thiengoli. *Journal of Applied Biosciences* 119 : 11929-11942, ISSN 1997-5902.
53. **Dia A. K. M., Sarr A. G. R. J., Kafom A., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. et Sembène M., 2018.** Morphological identification of trophic *Tribolium castaneum* populations Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) in West Africa., *Int. J. Adv. Res.* 6(1), 203-216, ISSN : 2320-5407.
54. **Diallo M. A., 2009.** Les états - nation face à l'intégration régionale en Afrique de l'Ouest le cas de la Guinée. Livre Edition Karthala, 176p.
55. **Diarra D. Z., 2009.** Généralités sur le Mali. 25 p.
56. **Doré C. et Varoquaux F., 2006.** Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées. Institut nationale de la recherche agronomique. 812 p.

57. **Ducroquet, H., Tillie P., Louhichi, K. et Gomez-Y-Paloma, S., 2017.** L'agriculture de la Côte d'Ivoire à la loupe : état des lieux des filières de production végétales et animales et revue des politiques agricoles. 244 p.
58. **ESASU, 2008.** Sénégal - enquête de sécurité alimentaire en situation d'urgence en milieu rural. Programme Alimentaire Mondial. 14p.
59. **Escalante M., Hoopen T. et Maïga A., 2012.** Production et transformation du maïs. Collection PRO-AGRO. 32 p.
60. **Excoffier L., Laval G. and Schneider S., 2009.** Arlequin ver. 3.5.1.3 : An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47–50.
61. **Fall C.A., 2008** Etat des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde. Second Rapport National du Sénégal (Juin, 2008), 45p.
62. **Fall A. A. et Lo M., 2009.** Etude de référence sur les céréales : mil, sorgho, maïs et fonio au Sénégal. Conseil Ouest et Centre africain pour la recherche et le développement agricoles CORAF/WECARD. 138 p.
63. **Farias P. I., Orti G., Sampaio I., Schneider H. and Meyer A., 2001.** The Cytochrome *b* Gene as a Phylogenetic Marker : The Limits of Resolution for Analyzing Relationships Among Cichlid Fishes. *Journal of Molecular Evolution*, 53: 89 -103 DOI : 10.1007/s002390010197.
64. **FAO, 1998.** Le maïs dans la nutrition humaine.
65. **FAO, 2008.** Catalogue Ouest africain des espèces et variétés végétales. ISBN 978-92-5-205%5-3. 113 p.
66. **FAO, 2011.** Missing Food: the Case of Postharvest Grain Losses in Sub-saharan Africa.
67. **FAO, 2012.** Catalogue des espèces et variétés de cultures vivrières d'intérêt communautaire dans l'espace CEMAC. ISBN 978-92-5-207193-8. 68 p.
68. **FAO/PAM, 2014.** Mission FAO/PAM d'évaluation de la sécurité alimentaire en République Centrafricaine. Rapport spécial. 37 p.
69. **FAO/PAM, 2019.** Mission FAO/PAM d'évaluation des récoltes et de la sécurité alimentaire en République Centrafricaine. Rapport spécial. 36 p.
70. **FAO, 2016.** Produire plus avec moins en pratique le maïs-le riz-le blé. Guide pour une production céréalière durable. ISBN 978-92-5-208519-5.
71. **FEWS/CILSS/PAM, 2017.** Perspectives régionales de l'offre et du marché 27 décembre, 2017 Afrique de l'Ouest. 24 p.
72. **FNUP, 2002.** Caractéristiques générales du pays. République du Niger. 3 p.
73. **Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R., 1994.** DNA primers for

- amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5): 294 - 299.
74. **Fondation Rockefeller, 2015.** Perspectives pour réduire les pertes post-récoltes des produits agricoles en Afrique. 15 p.
 75. **Fu Y-X., 1997.** Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147: 915-925.
 76. **Fukunaga K., Hill J., Vigouroux Y., Matsuoka Y., Sanchez G. J., Liu K., Buckler E. S. et Doebley J., 2005.** Genetic diversity and population structure of teosinte. *Genetics*. 169 : 2241-2254.
 77. **Fu H., Zheng Z. et Dooner H. K., 2002.** Recombination rates between adjacent genic and retrotransposon regions differ by two orders of magnitude. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99 1082–1087.
 78. **Gallais A. et Ricroch A., 2006.** Plantes transgéniques : faits et enjeux. Editions Quae, 284 p.
 79. **Garambois N., 2016.** Dynamiques des systèmes agraires et devenir de l'agriculture familiale en Guinée. Notes techniques. 133 p.
 80. **Gibson G. and Muse S. V., 2002.** A primer of genome science. Sinauer Associates, Inc. Publishers.
 81. **Grant W. S. and Bowen B. W., 1998.** Shallow Population Histories in Deep Evolutionary Lineages of Marine Fishes: Insights from Sardines and Anchovies and Lessons for Conservation. *The American Genetic Association*, (89): 415-426.
 82. **Groot I., 2004.** Protection des céréales et des légumineuses stockées. Livre édition Fondation Agromisa Wageningen, 74p.
 83. **Gu X., Fu Y. X. and Li W. H., 1995.** Maximum likelihood estimation of the heterogeneity of substitution rate among nucleotide sites. *Mol. Biol. Evol.*, 12: 546–557.
 84. **Gueye M. T., Seck D., Watheley J. P., Lognay G., 2011.** Lutte contre les ravageurs des stocks de céréales et de légumineuses au Sénégal et en Afrique occidentale : synthèse bibliographique. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, 15(1) : 183-194.
 85. **Gueye M. T., Seck D., Watheley J. P. et Lognay G., 2012.** Typologie des systèmes de stockage et de conservation du maïs dans l'est et le sud du Sénégal. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, 16(1) : 49-58.
 86. **Haff RPSD 2004.** Real-time X-ray inspection of wheat for infestation by the granary weevil. *Sitophilus granarius* (L.). *Transactions of the ASAE*, 47 : 531-537.

87. **Hall T., 2005.** BioEdit version 7.0.5.3. Department of Microbiology, North Carolina State.
88. **Hardman J. M., 1978.** A logistic model simulating environmental changes associated with the growth of population of rice weevils *Sitophilus oryzae*, reared in small cells of wheat. *J Appl. Ecol.*, 15 : 65 – 87.
89. **Harpending H. C., Sherry S. T., Rogers A. R. and Stoneking M., 1993.** Genetic structure of ancient human populations. *Curr. Anthropol.*, (34) : 483-496.
90. **Harpending, R. C., 1994.** Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Hum. Biol.* 66: 591-600.
91. **Harry, M., Solignac, M. et Lachaise, D. 1998.** Molecular evidence for parallel evolution of adaptive syndrome in fig-breeding *Lissocephala* (Drosophilidae). *Molecular phylogenetics and evolution*, 9, 542- 551.
92. **Hartl D. L. and Clark A. G., 2007.** Principles of Population Genetics, 4th ed. Sinauer Associates Inc., Sunderland, 542 pp.
93. **Hebert P. D. N, Stoeckle M. Y., Zemlak T. S. and Francis C. M., (2004).** - Identification of birds through DNA barcodes. *Plos Biology* 2, 1657-1663.
94. **Hewitt G. H., 2000.** The genetic legacy of Quaternary ice ages. *Nature* 405: 907–913.
95. **Hoda A. et Marson P.A. 2012.** Genetic Characterization of Albanian Sheep Breeds by Microsatellites Markers. Analysis of genetic Variation in Animals, Prof. Mahmut Caliskan (ED.), ISBN: 978-953-51-0093-5, In Tech.
96. **Horne J. B., Van H. L., Choat J. H. and Robertson D. R., 2008.** High population connectivity across the Indo-Pacific : congruent lack of phylogeographic structure in three fish congeners. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 49 : 629-638.
97. **Hubert C., 1997.** Aspects moléculaires de la bactérie symbiotique principale du charançon des céréales *Sitophilus oryzae* (Coléoptère, Curculionidae) et étude de ses interactions avec l'hôte. DEA d'Analyse et Modélisation des Systèmes Biologiques. N° d'ordre 97 ISAL0041.133p.
98. **Hudson R. R. and Slatkin M., 1991.** Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics* 129: 555-562.
99. **Hudson R. R., Slatkin M. and Maddison W. P., 1992.** Estimation of Levels of Gene Flow From DNA Sequence Data. *Genetics* (132): 583-589.
100. **Hurvich C. M. and Tsai C-L., 1989.** Regression and time series model selection in small samples. *Biometrika.* (76): 297–307.
101. **INSC, 2017.** Evolution des importations des produits alimentaires de grande consommation et impact sur l'économie nationale. 12 p.

102. **Josserand H. P., 2013.** Estimation des volumes et de la valeur du commerce régional des denrées de base. 44 p.
103. **Jules T. H. and Cantor R. C., 1969.** Evolution of protein molecule. Edited by H. N. Munro, 3 : 22-126.
104. **Kaminski, J., A. Elbehri, et M. Samake 2013.** Une évaluation des filières du sorgho et du mil au Mali et les implications pour une politique cohérente de développement. Dans : *Reconstruire le potentiel alimentaire de l'Afrique de l'Ouest*, A. Elbehri (ed.), FAO/FIDA. 523-547.
105. **Kossou D., Bosque-Perez N. et Marek J., 1992.** Effets of shelling maize cobs on the oviposition and development of *Sitophilus zeamais* (Motsch.) *J. Stored Prod. Res.* 28(3): 187-192.
106. **Larsen J., 2012.** La récolte record de céréales en 2011 ne permet pas de reconstituer les stocks mondiaux. Publication du *Earth Policy Institute*: Indicateur Eco-Economie : Céréales, USA.
107. **Leipzig, 1996.** Cameroun : rapport de pays pour la conférence technique internationale de la FAO sur les ressources phylogénétiques. 84 p.
108. **Lefèvre Th., Raymond M. and Thomas F., 2016.** Biologie évolutive. 2ème édition. 1000 p.
109. **Lepesme P., 1944.** Les Coléoptères des denrées alimentaires et des produits industriels. *Encycl. Entomol.*, 22 – 249.
110. **Lionnet T., Croquette V., 2005.** Introduction à la biologie moléculaire. 19p.
111. **Lunt D. H., Zhang D. X., Szimura J. M. and Hewitt G. M., 1996.** The insect cytochrome oxydase unit I gene : evolutionary pattern and conserved primers for phylogenetics studies. *Insect Molecular Biology.* 5 (0), 153-165.
112. **MAAF, 2015.** Ghana : contexte agricole et relations internationales. 8 p.
113. **MAEN, 2018.** Résultats définitifs de l'enquête sur les productions horticoles 2017/2018. 58 p.
114. **MAER, 2012.** Catalogue officiel des espèces et des variétés cultivées au Sénégal. 1^{ère} Edition. 212 p.
115. **Magnussen A. and Parsi M. A., 2013.** Aflatoxins, hepatocellular carcinoma and public health. *World Journal of Gastroenterology*:19 (10):1508-1512.
116. **Mahé F., 2009 :** Phylogénie, éléments transposables et evolution de la taille des génomes chez les lupins. *Biomolécules*. Université Rennes, 253 p.

117. **Maley J., 1991.** The African rain forest vegetation and palaeoenvironments during late Quaternary. *Climate Change* 19: 79-98.
118. **Mason J. L., Donough M., 2012.** Biology, Behavior, and ecology of stored grain and legume insects. Copyright © 2012 Kansas State University S156 ISBN 978-0-9855003-0-6, 7-20.
119. **Michel V., 2018.** Polymorphisme génétique et sélection. *Encyclopédie de l'environnement*. Université Grenoble Alpes. 6 p.
120. **Morgante M., Brunner S., Pea G., Fengler K., 2005.** Zuccolo A. et Rafalski. *Nature Genetics*, 37, 997-1002.
121. **Moumouni D. A., Doumma A., Toufique B. M. et Sembène M., 2014.** Influence des trois variétés du niébé sur la biologie et la morphologie de *Bruchidius atrolineatus*, ravageurs du Niébé au Niger. Dixième conférence internationale sur les ravageurs en agriculture Montpellier. 10 p.
122. **MSP et OMS, 2005.** Profil de santé des pays. 89 p.
123. **Nago C. M., 1997.** La transformation alimentaire traditionnelle du maïs au Bénin: détermination des caractéristiques physico-chimiques des variétés en usage; relations avec l'obtention et la qualité des principaux produits dérivés. Thèse de doctorat d'Etat ES-Sciences, Université Paris7-Denis Diderot-UFR de Biochimie, 199p.
124. **Nardon P., 1963.** Les possibilités d'emploi des radiations dans la lutte contre les insectes. *Phytoma*, 144 : 7-12.
125. **Ndiaye M., Niang M., 2010.** De l'étude sur la transmission des fluctuations et le calcul de prix de parité à l'importation/exportation dans la sous-région : cas pratique du Sénégal. 47p.
126. **Ndiaye M. R. and Sembène M., 2018.** Genetic structure and phylogeographic evolution of the West African populations of *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae). *Journal of Stored Products Research* 77 : 135-143.
127. **Ndong A., Thiaw C., Diallo B., Sarr M., Diome T., Kane M. and Sembène M., 2015.** Barcoding: comparison of variation degree of COI and Cytochrome b mitochondrial markers in two species primary maize pests (*Sitophilus zeamais* and *Sitophilus oryzae*). *International Journal of Sciences : Basic and Applied Research (IJSBAR)* 20 (1): 373-393.
128. **Nei M. and Li W.H., 1979.** Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 76: 5269-5273.
129. **Nei M., 1987.** Molecular evolutionary genetics, *Columbia University Press*, New York. NY, USA.

130. **Nicolas V., Jacquet F., Stoetzel E., Lalis A., Delapre A., Brint H. E., Mataame A., Rihane A., Liefried S., Ouarour A. et Denys C., 2015.** Identification moléculaire et histoire phylogéographique et démographique des musaraignes du Maroc septentrional. *Travaux de l'Institut Scientifique, Série Générale*, N° 8, 141-150.
131. **Ngamo L. T. S., Boura A. F., Ngassoum M. B., Mapongmestsem P. M. et Hance H., 2007.** Evaluation des dégâts de 25 souches locales de *Sitophilus zeamais* Motsch. (Coleoptera : Curculionidae) sur le maïs blanc CMS 85 01. *Cameroun Journal of Experimental Biology* vol. 03 N° 01, 11-19.
132. **Ngandeu E. T. et Ngatchou A., 2006.** Première évaluation du secteur avicole au Cameroun : structure et importance du secteur avicole commercial et familial pour une meilleure compréhension de l'enjeu de l'influenza aviaire. Rapport des consultants nationaux. 48 p.
133. **Ngnikam E. et Totale E., 2009.** Systèmes énergétiques : vulnérabilité – adaptation – résilience (VAR). Helio International/Cameroun. 45 p.
134. **Nuss T. S. et Tanumihardjo S. A., 2011.** Quality Protein for maize Africa : closing the protein inadequacy gap in vulnerable populations. *Adv. Nutr.*, 2 : 217-224.
135. **Ouikon H., 2007.** Problématique de développement agricole en République centrafricaine et perspectives de recherche. HAL Id : hal-00143370. 7 p.
136. **Page R., D. M. and Holmes E. C., 1998.** *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach.* Abingdon, UK: Blackwell Science.
137. **PAM, 2011(a).** Situation de la sécurité alimentaire et des marchés au Cameroun. 59 p.
138. **PAM, 2011 (b).** Analyse du fonctionnement des marchés en relation avec la sécurité alimentaire : République Centrafricaine. 80 p.
139. **PANA, 2006.** Plan d'action nationale pour l'adaptation aux changements climatiques. Ministère de l'environnement et de la protection de la nature – République du Sénégal. 84 p.
140. **PANA, 2007.** Programme d'action national d'adaptation aux changements climatiques. Ministère de l'équipement et des transports – République du Mali. 100 p.
141. **Peck D. R. and Congdon D.C., 2004.** Reconciling historical processes and population structure in the sooty tern *Sterna fuscata*. *J. Avian Biol.* (35): 327–335.
142. **Pedersen B. V., 2002.** European bumblebees (Hymenoptera: Bombini): Phylogenetic relationships inferred from DNA sequences. *Insect Syst. Evol.*, vol. 33 : 361-386.
143. **Perna N.T. and Kocher T.D., 1995.** Patterns of nucleotide composition at fourfold degenerate sites of animal mitochondrial genomes. *J. Mol. Evol.* 41: 353-35.

144. **Ramos-Onsins S. E. and Rozas J., 2002.** Statistical properties of new neutrality tests against population growth, *Mol. Biol. Evol.* 19, 2092–2100.
145. **R Core Team, 2014.** A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. R Foundation for Statistical Computing, Vienna.
146. **RECA, 2004.** Le zonage agro-écologique du Niger. 12 p.
147. **Regnault-Roger C., 2002.** De nouveaux phyto-insecticides pour le troisième millénaire ? In : Philogène B.J.R, Regnault-Roger C. & Vincent C., coord. *Biopesticides d'origine végétale*. Paris : Lavoisier Éditions Tec & Doc, 19-39.
148. **Rogers A. R. and Harpending H., 1992.** Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic difference. *Molecular Biology and Evolution*, 9: 552-569.
149. **Rozas J., Librado P. and Sanches-Delbarrio J. C., 2010.** DNA sequence polymorphism. Version 5.10.01.
150. **Sangare A., Koffi E., Akamou F. et Fall C. A., 2009.** Etat des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture : second rapport national. 65 p.
151. **Santos F., 2015.** Analyse en composantes principales (ACP) : travaux pratiques avec le logiciel R.
152. **Sarr A. G. R. J., Dia C. A. K. M., Ndiaye M. R., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. and Sembène M., 2017.** Morphometric characterization of *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) infesting different maize varieties in west and central Africa. *International Journal of Advanced Research (IJAR)*, 5 (8) : 1821-1835.
153. **Schmidt H. A., Strimmer K., Vingron M. and von Haeseler A., 2002.** TREE-PUZZLE: maximum likelihood phylogenetic analysis using quartets and parallel computing. *Bioinformatics* (18): 502-504.
154. **Semassa A. J., Padonou S. W., Anihouvi V. B., Akissoé N. H., Aly D., Adjonohoum A. et Baba-Moussa L., 2016.** Diversité variétale, qualité et utilisation du maïs (*Zea mays*) en Afrique de l'Ouest : revue critique. *European Scientific Journal* vol. 12, No. 18 ISSN : 1857-7881. 21 p.
155. **Sembène M. et Delobel A., 1996.** Identification morpho-métrique de populations soudano-sahéliennes de bruche de l'arachide, *Caryedon serratus* (Olivier) (Coleoptera Bruchidae) *Journal of African Zoology*, 110 : 357-366.
156. **Sembène M. et Delobel A., 1998.** Genetic differentiation of groundnut seed- beetle populations in Sénégal. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 87: 171-180.

157. **Sembène M., 2000.** Variabilité de l'espaceur Interne transcrit (ITS1) de l'ADN ribosomique et polymorphisme des locus microsattellites chez la bruche *Caryedon serratus* (Olivier) : différenciation en races d'hôtes et infestation de l'arachide au Sénégal. Thèse de doctorat d'Etat en ES Sciences. 214 p.
158. **Sembène M., Kébé K. et Delobel A., 2012.** Effet structurant de la plante hôte chez la bruche de l'arachide, *Caryedon serratus* (Olivier, 1790) (*Coleoptera : Bruchidae*). *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, 16(1) : 3-11.
159. **Seck D., 2009.** Stockage, conservation et transformation des récoltes et zones tropicales. Notes de cours, 30p.
160. **Sézonlin M., Dupas S., Le Rü B. Le Gall P., Moyal P., Calatayud P.-A., Giffard I., Faure N. and Silvain J.-F., 2006.** Phylogeography and population genetics of the maize stalk borer *Busseola fusca* (*Lepidoptera, Noctuidae*) in sub-Saharan Africa. *Molecular Ecology*, (15) ; 407–420.
161. **Shi Q-H., Zhao F., Hao J-S. and Yang Q., 2013.** Complete mitochondrial genome of the Common Evening Brown, *Melanitis leda* Linnaeus (*Lepidoptera : Nymphalidae : Satyrinae*). Mitochondrial DNA, Informa UK, Ltd.
162. **Sibley C. G. et Alhquist J. E., 1991.** Phylogeny and classification of birds : a study in molecular evolution. *Reprinted from the auk*, 108 (4) : 990-994.
163. **Spicer G. S., 1995.** Phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome oxidase gene: molecular evolution of the *Drosophila buzzatti* species complex. *J. Mol. Evol.*, 41: 479-759.
164. **Stoll G., 2000.** Natural crop protection in the tropics, letting information come on life. Agrecol/CTA. Margraf Verlag 2nd Ed. 376 p.
165. **Swofford D.L., Olsen, G.J., Waddell P.J., and Hillis D.M., 1996.** Phylogenetic inference in: Hillis D.M., C. Moritz and B.K. Mable (Editeurs), *Molecular Systematics*, second edition. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, pp. 407-514.
166. **Tajima F., 1989a.** Statistical methods for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123: 585-595.
167. **Tajima F., 1989b.** The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*: (123): 597-601.
168. **Takehana Y., Nagai N., Matsuda M. and Sakaizumi M., 2003.** Geographic Variation and Diversity of the Cytochrome *b* Gene in Japanese Wild Populations of Medaka, *Oryzias latipes*. *Zoological science* : 1279–1291.

169. **Tamura, K., 1992.** Estimation du nombre de substitutions de nucléotides lorsqu'il existe de forts biais de transition-transversion et de contenu g + c. *Mol. Biol. Evol.* 9: 678-687.
170. **Tamura K., Stecher G. et Kumar S., 2018.** MEGA 7 : Molecular evolutionary Genetics Analysis version 7.0.9 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7):1870–1874
171. **Tenaillon M. J., Hollister J. D. et Gant B. S., 2010.** A triptych of the evolution of plant transposable elements. *Trends in Plant Science*, 15 (8), 471-478.
172. **Thompson, J., Higgins, D. and Gibson, T., (1997):** CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4673-4690.
173. **UFR-STRM, 2009.** Etude de faisabilité des forages manuels/ Identification des zones potentiellement favorables. 73 p.
174. **USAID, 2017.** Perspectives régionales de l'offre et du marché. 24 p.
175. **USDA, 2017.** Maïs : production mondiale de céréale en millions de tonnes.
176. **Villers P., 2014.** Aflatoxins and safe storage. *Frontiers in Microbiology*. 5: 158.
177. **Vienne D. 1998.** Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. Livre Edition Quae 200p.
178. **Von Haeseler A., Sajantila A. and Pääbo S., (1996):** The genetical archaeology of the human genome. *Nat. Genet.* 14, 135-140.
179. **Wang C. Y., Feng Y. and Chen X., 2012.** Complete sequence and gene organization of the mitochondrial genome of *Batocera lineolata* Chevrolat (*Coleoptera: Cerambycidae*). Vol. 57, No27: 3578-3585.
180. **Waongo A., Yamkoulga M., Dabire- Binso C. L., Ba M. N., Sanon A., 2013.** Conservation post-récolte des céréales en zone sud-soudanienne du Burkina Faso : Perception paysanne et évaluation des stocks. *International Journal of Biological and Chemical and Sciences* 7(3): 1157-1167.
181. **Weir B.S. and Cockerham C. C., 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.
182. **Wright S., (1951):** The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* (Lond.) 15, 323-354.
183. **Wright S., (1969):** Evolution and genetics of populations, Volume 2. The theory of gene frequencies. University of Chicago Press, Chicago, IL.

184. **WRI/MEFCP, 2010.** Atlas forestier interactif de la république centrafricaine (version 01) : document de synthèse. ISBN 978-1-56973-746-0.
185. **World Bank, 2011.** Missing food : the case of postharvest grain losses in Sub-Saharan Africa Washington : the World Bank. Economic and sector world, (n° 60371-AFR), 96 p.

Webographie

- <http://www.intechopen.com/books/analysis-of-genetic-variation-in-animals/genetic-characterization-of-albanian-sheep-by-microsatellite-marker/> (consulté le 20 juillet 2016).
- <http://Kimira.univ-montp2.fr/genetix/constr.htm#download/> (consulté le 20 juillet 2016).
- <http://id.erudit.org/iderudit/007808ar/> (consulté le 10 octobre 2016).
- <http://www.sfecologie.org/regards/2013/10/15/r50-barcoding-adn-decaens-et-al/>. (Consulté le 20 novembre 2018)
- <https://distance.to> (consulté 15 décembre 2018)
- <http://librairie.afd.fr> (consulté le 30 janvier 2019)

ANNEXE

Annexe 1 : fiche de l'étude morphométrique

Individus	Pays	Types de maïs	Lr	Lar	Lan	Lop	Lap	Loa	Laa	Loe	Lae	LT3	Lf3	Lc3	Lt3	Lpy	Epy	Los1
SmJ1	Sénégal	jaune																
SmJ2	Sénégal	Jaune																
SmJ3	Sénégal	Jaune																
SmJ4	Sénégal	Jaune																
SmJ5	Sénégal	Jaune																
SmJ6	Sénégal	Jaune																
SmJ7	Sénégal	Jaune																
SmJ8	Sénégal	Jaune																
SmJ9	Sénégal	Jaune																
SmJ10	Sénégal	Jaune																
SmJ11	Sénégal	Jaune																
SmJ12	Sénégal	Jaune																
SmJ13	Sénégal	Jaune																
SmJ14	Sénégal	Jaune																
SmJ15	Sénégal	Jaune																
SmJ16	Sénégal	Jaune																
SmJ17	Sénégal	Jaune																

SmJ18	Sénégal	Jaune																
-------	---------	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Annexe 2 : composition organoleptique des différentes types de maïs.

PARAMETRES	UNITE	Maïs blanc	Maïs orange	Maïs rouge	Maïs Jaune	REFERENCE METHODE
Protéines (N x 5,75)	%	9,68	10,07	9,55	10,14	AOAC 18 th Ed. Rev. 2007 Méthode 2001.11 (4.2.11)
Matière grasse	%	3,85	3,65	0,47	3,50	AOAC 18 th Ed. Rev. 2007 Méthode 2003.06 (4.5.06)
Amidon	%	57,17	54,18	63,48	60,09	Méthode de Luff Schoorl

Annexe 3 : nombre d'haplotypes des populations de *S. zeamais*.

Gènes	Haplotypes
COI	H1 [SCO1, SCO2, SCO3, SCO4, SCO5, SCO6, SCB3, SCB4, SCB6, SRCAB1, SRCAB2, SRCAB3, SRCAB4, SRCAB5, SRCAB6, SRCAB8, SRCAB9, SRCAB10, SRCAB11, SRCAB12, SRCAB13, SRCAB14, SRCAB15, SRCAB16, SRCAB17, SRCAB18, SRCAB19, SRCAB20, SNB1, SNB3, SNB4, SNB5, SNB7, SSJ1, SSJ2, SSJ3, SSJ4, SSJ5, SSJ6, SSJ7, SSJ8, SSJ9, SSJ13, SSB1, SSB2, SSB4, SSB5, SSB6, SCIR1, SCIR3, SCIR6, SCIR7, SCIR8, SCIR9, SCIR10, SCIR13, SCIR15, SCIR16, SCIR18, SCIR19, SCIR20, SCIR21, SGJ2, SGJ3, SGJ4, SGJ5, SGJ7, SGJ8, SGJ9, SGJ10, SGJ11, SGJ12, SGJ15, SGJ16, SGJ17, SGJ18, SGJ19, SGJ20, SGuJ1, SGuJ2, SGuJ3, SGuJ4, SGuJ5, SGuJ6, SGuJ7, SGuJ8, SGuJ9, SGuJ10], H2 [SCB1, SCB2], H3 [SNB2, SNB8, SSJ10, SSJ11, SSJ12, SSJ14, SSJ15, SCIR2, SCIR4, SCIR5, SCIR11, SCIR12, SCIR14, SCIR17, SGJ1, SGJ6, SMJ7, SMJ6, SMJ4, SMJ3, SMJ2, SMB1, SMB2, SMB3, SMB5, SMB6, SMB7, SMB8, SMB8, SMB9, SMB10], H4 [SNB6]
Cyt-b	H1 [SNB1], H2 [SNB2, SNB3, SNB4, SNB7], H3 [SNB5], H4 [SNB6, SNB9, SCO1, SCO2, SCO3, SCO4, SCB1, SCB2, SCB3, SCIR3, SCIR4, SCIR5, SCIR6, SCIR7, SCIR8, SCIR9, SCIR10, SCIR11, SCIR12, SCIR13, SCIR14, SCIR15, SGJ6, SGJ10, SMB1, SMB2, SMB3, SMB4, SMB5, SMB6, SMB7, SMB8, SMB9, SMB10, SRCAB1, SRCAB2, SRCAB3, SRCAB4, SRCAB5, SRCAB6, SRCAB7, SRCAB8, SRCAB9, SRCAB10, SRCA11, SRCA12, SRCA14, SRCA15, SRCA16, SRCA17, SRCA18, SRCA18, SRCA19, SRCA21, SRCA22, SSJ1, SSJ2, SSJ4, SSJ5, SSJ6, SSJ8, SSJ9, SGuJ7, SGuJ8, SGuJ9, SSJ11, SSB5], H5 [SNB8], H6 [SNB10], H7 [SCIR1, SCIR2, SGuJ2, SGuJ3, SGuJ4, SGuJ5, SGuJ10], H8 [SGJ1], H9 [SGJ4], H10 [SGJ8], H11 [SGJ2, SGJ3, SGJ5, SGJ7, SGJ9], H12 [SSJ3], H13 [SSJ7, SSJ10], H14 [SGu1], H15 [SGuJ6], H16 [SSJ12, SSJ15], H17 [SSJ13, SSB2], H18 [SSJ14], H19 [SSB1, SSB4], H20 [SSB3]

Annexe 4 : Publications scientifiques

1° Sarr A. G. R. J., Ndiaye M. R., Dia A. K. M. and Sembène M., 2016. Genetic structure of two *Sitophilus* (Coleoptera, Curculionidae) species according to storage infrastructures and agro-ecological areas. *International Journal of Science and Advanced Technology* (ISSN 2221-8386).

International Journal of Science and Advanced Technology (ISSN 2221-8386) Volume 6 No 4 April 2016
<http://www.ijst.com>

Genetic Structure of Two *Sitophilus* (Coleoptera, Curculionidae) Species According to Storage Infrastructures and Agro-ecological Areas

<p>Adiouma Georges Robert Jacques SARR* Searcher Student Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar, Senegal. PO Box 5005 Dakar, Senegal adiouma1987@hotmail.fr</p>	<p>Cheikh Abdou Khadre Mbacke DIA Searcher Student Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar, Senegal. PO Box 5005 Dakar, Senegal cheikhabdoukhadembacke.dia@ucad.edu.sn</p>
<p>Mama Racky NDIAYE Searcher Student Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar, Senegal. PO Box 5005 Dakar, Senegal. mamaracky.ndiaye@ucad.edu.sn</p>	<p>Mbacke SEMBENE Titular professor Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar, Senegal. PO Box 5005 Dakar, Senegal. mbacke.sembene@ird.fr</p>

Abstract — Senegal and the Republic of Guinea are made up in majority of agricultural population, which most often stores grain after harvest. During this storage, a major party is attacked by insect pests: as *Sitophilus zeamais* and *Sitophilus oryzae* commonly known as weevils. They can cause losses up to 20-30%. Thus the objective of this study is to determine the genetic structuring according to the agro-ecological zones and infrastructure of storage of two species of *Sitophilus* (*Sitophilus zeamais* and *Sitophilus oryzae*). This is done by PCR-Sequencing of the gene for Cytochrome b and Cytochrome oxidase I. The results indicate that the two species are genetically different. At the level of the Cyt. b, *S. zeamais* present a genetic structuring at the level of some infrastructure preparation; and for the COI, genetic structuring was observed based on infrastructure preparation and agro-ecological zones.

Keyword: *Sitophilus zeamais*; *Sitophilus oryzae*; PCR-Sequencing; Cytochrome b; Cytochrome oxidase; Storage infrastructure; agro-ecological zone

1. INTRODUCTION Senegal and the Republic of Guinea consist mostly of agricultural population with respectively 80% [13] and 82% [1]. Both have virtually the same crops and are in Sahel where the dry season lasts most of the year, crop storage is a question of survival. However during this storage a large part is attacked by insect which are responsible of losses that may exceed 30% [8]; [9]. And they promote thereby the colonization of stocks by fungi like *Aspergillus flavus* producing the aflatoxin [9]. These losses are mostly the consequences of activities of genus *Sitophilus* commonly called weevil such as *Sitophilus zeamais* and *Sitophilus oryzae* which are similar morphologically. Moreover, in rural areas where techniques of storage are little developed, *S. zeamais* can cause losses post-harvest up to 90% for 5 months of storage [10]. Face these many damage, several control techniques have been developed from chemical struggles with consequences on the environment, the physical struggles

1

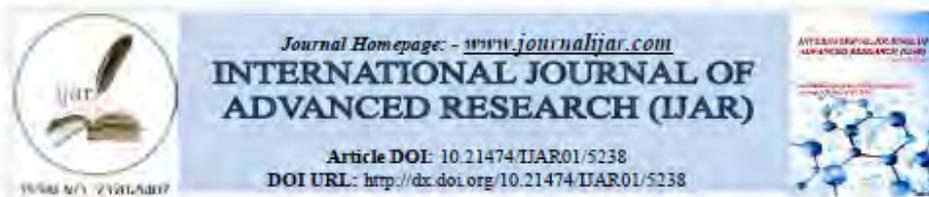
2° Sarr A. G. R. J., Dia C. A. K. M., Ndiaye M. R., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. and Sembène M., 2017. Morphometric characterization of *Sitophilus zeamais* Motschulsky (Coleoptera : Curculionidae) infesting different maize varieties in west and central Africa. *International Journal of Advanced Research (IJAR)*, 5 (8) : 1821-1835.

ISSN: 2320-5407	Int. J. Adv. Res. 5(8), 1821-1835
 ISSN NO. 2320-5407	Journal Homepage: - www.journalijar.com INTERNATIONAL JOURNAL OF ADVANCED RESEARCH (IJAR) Article DOI: 10.21474/IJAR01/5248 DOI URL: http://dx.doi.org/10.21474/IJAR01/5248
	
RESEARCH ARTICLE	
MORPHOMETRIC CHARACTERIZATION OF <i>Sitophilus zeamais</i> Motschulsky (Coleoptera: Curculionidae) INFESTING DIFFERENTS MAIZE VARIETIES IN WEST AND CENTRAL AFRICA.	
*Adiouma Georges Robert Jacques Sarr¹, Cheikh Abdou Khadre Mbacké Dia², Mama Racky Ndiaye², Dethie Ngom², Dr Cheikh Thiaw³, Dr Saliou Ndiaye⁴ And Pr Mbacke Sembene⁵.	
<ol style="list-style-type: none"> 1. PhD Student, Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar, PO Box 5005 Dakar, Senegal. 2. PhD Student, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technics, University Cheikh Anta DIOP of Dakar. 3. Regional Centre for Studies on the Improvement of Plant Adaptation to Drought (CERAAS), Khombole Road, PO Box 3320, Thies, Senegal. 4. Department plant productions, ENSA, Thies, Senegal. 5. BIOPASS Laboratory, IRD Bel Aire, PB. 1386, Dakar, Laboratory of Entomology and Acarology, Department of Animal Biology, Faculty of Science and Technology, University Cheikh Anta Diop of Dakar, Senegal. 	
Manuscript Info <hr/> Manuscript History Received: 22 June 2017 Final Accepted: 24 July 2017 Published: August 2017 Key words:- <i>Zea mays</i> ; agro ecological zones; <i>Sitophilus zeamais</i> ; morphometric groups; <i>West and central Africa</i> .	Abstract <hr/> Maize (<i>Zea mays</i>) is a cereal cultivated in different agro-ecological zones. However corn is attacked by pest as <i>Sitophilus zeamais</i> . The latter can cause qualitative and quantitative losses ranging from 30 to 56% in three to eight months of storage. These losses caused by <i>S. zeamais</i> are often difficult to estimate because of their large variability that can be linked to the agro-ecological conditions, to the period of the corn harvest. In Africa, <i>S. zeamais</i> is particularly common on corn. While the biodemographic characters affect the biological effect of the insect. Thus, this study in to determine the existence of groups of <i>S. zeamais</i> morphometric some countries of West and central Africa. This sample of maize previously infected with <i>S. zeamais</i> in these different countries. The results have revealed the existence of morphometric groups between some of the countries in the study.

3° Kafom A., Sarr A. G. R. J., Dia C. A. K. M., Ndiaye M. R., Ngom D., Thiaw C. and Sembène M., 2017. Morphometric characterization of the senegalese population of Cowpea Weevil : *Callosobruchus maculatus* (Fabricius, 1775). *International Journal of Advanced Research (IJAR)*, 5 (8) : 1821-1835.

ISSN: 2320-5407

Int. J. Adv. Res. 5(8), 1734-1745



RESEARCH ARTICLE

MORPHOMETRIC CHARACTERIZATION OF THE SENEGALESE POPULATION OF COWPEA WEEVIL: *Callosobruchus maculatus* (Fabricius, 1775).

Ange Kafom¹, Adiouma Georges Robert Jacques Sarr¹, Cheikh Abdou Khadre Mbacké Dia¹, Mama Racky Ndiaye¹, Déthie Ngom¹, Cheikh Thiaw² And Mbacke Sembene³.

1. Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and techniques, Cheikh Anta DIOP University of Dakar, PO Box 5005 Dakar, Senegal.
2. Regional Center for Studies on the Improvement, of Plant Adaptation to Drought (CERAAS), Khombole Road, PO Box 3320, Thies, Senegal
3. BIOPASS Laboratory, IRD Bel Aire, PB. 1386, Dakar, Laboratory of Entomology and Acarology, Department of Animal Biology, Faculty of Sciences and Technology, Cheikh Anta DIOP University of Dakar.

Manuscript Info
Manuscript History

Received: 21 June 2017
 Final Accepted: 23 July 2017
 Published: August 2017

Abstract

African populations are confronted with food security problems. These problems can only be solved through the proper functioning of agriculture. However, to achieve food self-sufficiency, this presupposes good conservation of agricultural production for consumption as and when needed. But post-harvest losses of cereals and legumes such as cowpea are still a major problem in Senegal. Most of the losses of cowpea are due to *Callosobruchus maculatus*, which is the best adapted species to the life of the stocks of this legume thanks to the observed imaginal polymorphism of this species. This study has for aim the morphometric characterization of the cowpea beetle in the different agro-ecological zones of Senegal in order to verify whether the spatial distribution has an impact on the morphology of the insect. This is based on a sample of cowpea previously infected with *C. maculatus* in the different agro-ecological zones of the study framework. The results revealed the existence of morphometric groups between some agro-ecological zones of the study framework, in particular between the Sylvo-pastoral zone and the high Casamance in the Eastern Senegal.

Copy Right, IJAR, 2017,. All rights reserved.

4° Dia A. K. M., Sarr A. G. R. J., Kafom A., Diome T., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. and Sembène M., 2017. Identification morphométrique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) inféodées à trois céréales à Widou Thiengoli. *Journal of Applied Biosciences* 119 : 11929-11942.

Dia et al., J. Appl. Biosci. 2017 Identification morphométrique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) inféodées à trois céréales à Widou Thiengoli



Journal of Applied Biosciences 119: 11929-11942

ISSN 1997-5902

Identification morphométrique des populations de *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) inféodées à trois céréales à Widou Thiengoli

Cheikh Abdou Khadre Mbacké DIA^{1,2,3*}, Adiouma Georges Robert Jacques SARR^{1,2,3}, Ange KAFOM^{1,2}, Toffène DIOME^{1,2,3}, Déthié Ngom^{1,2}, Cheikh THIAW⁴, Saliou NDIAYE⁵, Mbacké SEMBENE^{1,2,3}.

¹ Département de Biologie animale, Faculté des sciences et Techniques, Université cheikh Anta DIOP de Dakar. B.P. 5005 Dakar, Sénégal.

² Laboratoire d'Entomologie et d'Acarologie, Département de biologie Animale, Faculté des sciences et techniques, Université Cheikh Anta DIOP de Dakar. B.P. 5005 Dakar, Sénégal.

³ Laboratoire de Biologie des Populations Animales Sahélo-Soudaniennes (BIOPASS). Institut de recherche pour le développement (IRD) / Institut Sénégalais de Recherche Agricole (ISRA) Bel-Air B.P. 1386, Dakar, Sénégal.

⁴ CNRA de Bambey, Diourbel -PO 211, Sénégal

⁵ ENSA de Thiès, Thiès – N3, Sénégal

Auteur : Cheikh Abdou Khadre Mbacké DIA, email : cheikhabdoukhadrembacke.dia@ucad.edu.sn

Original submitted in on 27th September 2017. Published online at www.m.elewa.org on 30th November 2017

<https://dx.doi.org/10.4314/iab.v11i9.9>

RÉSUMÉ

Objectif : *Tribolium castaneum*, est un coléoptère qui a la capacité d'infester toutes les céréales et légumineuses entreposées. Sa capacité à dérouler son cycle de développement sur divers substrats alimentaires a suscité des réflexions sur son adaptabilité morphologique. Cette étude a pour objectif d'identifier la morphologie de *T. castaneum* à Widou sur différentes céréales.

Méthodologie et résultats : Trois populations ont été définies en fonction de la céréale (maïs, mil ou riz) sur laquelle *T. castaneum* a déroulé son cycle de développement. Chacune des populations est constituée de 30 adultes mâles. Sur chaque adulte, 19 variables ont été mesurées. Les distances entre des yeux dorsalement et ventralement (*Dyd*, *Dyv*), la largeur du fémur_3 (*If3*) et des élytres (*lme*) sont éliminées de l'analyse car ne présentant aucune variabilité entre les différents individus. Les 15 variables restantes sont utilisées pour des Analyses en Composante Principale. La taille est le premier facteur qui discrimine la population mil des autres. Suite à la transformation logarithmique des données brutes, l'Analyse discriminante a montré une différence de forme entre les trois populations. La classification ascendante hiérarchique a montré trois groupes morphométriques. Le groupe_1 dominé par les individus du mil est plus morphologiquement homogène. Le groupe_2 est dominé par les individus du riz et le groupe_3, le plus morphologiquement hétérogène, ne renferme que des individus du maïs.

5° Dia A. K. M., Sarr A. G. R. J., Kafom A., Diome T., Ngom D., Thiaw C., Ndiaye S. and Sembène M., 2018. Morphological identification of trophic *Tribolium castaneum* populations Herbst (Coleoptera, Tenebrionidae) in West Africa. *International Journal of Advanced Research (IJAR)*, 6 (1) : 203-216.

ISSN: 2320-5407 Int. J. Adv. Res. 6(1), 203-216



Journal Homepage: - www.journalhjar.com

**INTERNATIONAL JOURNAL OF
ADVANCED RESEARCH (IJAR)**

Article DOI: 10.21474/IJAR01/6206
DOI URL: <http://dx.doi.org/10.21474/IJAR01/6206>



RESEARCH ARTICLE

**MORPHOLOGICAL IDENTIFICATION OF TROPHIC *TRIBOLIUM CASTANEUM* POPULATIONS
HERBST (COLEOPTERA, TENEBRIONIDAE) IN WEST AFRICA.**

*Cheikh Abdou Khadre Mbacké Dia^{1,2,3}, Adiouma Georges Robert Jacques Sarr^{1,2,3}, Ange Kafom^{1,2}, Déthié Ngom^{1,2}, Toffène Diame^{1,2,3}, Cheikh Thiaw⁴, Saliou Ndiaye⁵ And Mbacké Sembene^{1,2,3}

1. Département de Biologie animale, Faculté des sciences et Techniques, Université cheikh Anta DIOP de Dakar. B.P. 5005 Dakar, Sénégal.
2. Laboratoire d'Entomologie et d'Acarologie, Département de biologie Animale, Faculté des sciences et techniques, Université Cheikh Anta DIOP de Dakar. B.P. 5005 Dakar, Sénégal.
3. Laboratoire de Biologie des Populations Animales Sahélo-Soudanaises (BIOPASS). Institut de recherche pour le développement (IRD) / Institut Sénégalais de Recherche Agricole (ISRA) Bel-Air B.P. 1386, Dakar, Sénégal.
4. CNRA de Bambey, Diourbel -PO 211, Sénégal.
5. ENSA de Thiès, Thiès – N3, Sénégal.

<i>Manuscript Info</i>	<i>Abstract</i>
<p><i>Manuscript History</i></p> <p>Received: 03 November 2017 Final Accepted: 05 December 2017 Published: January 2018</p> <p>Key words:- Tribolium castaneum, trophic population, ACP, morphometry, CAH, West Africa.</p>	<p><i>Tribolium castaneum</i>, the primary pest of stored commodities, is a cosmopolitan and polyphagous beetle. Its ability to unfold its development cycle on various food substrates has led to reflections on its morphological adaptability. This study aimed to identify morphologically <i>T. castaneum</i> populations in the West African zone. In each West African country, two populations were defined according to the cereal (millet or rice) on which <i>T. castaneum</i> unfolded its development cycle. Each of the populations consists of 30 adult males. On each adult, 19 variables were measured. The distances between the eyes dorsally and ventral (<i>Dyd</i>, <i>Dyv</i>), the width of the femur 3 (<i>if3</i>) are eliminated from the analysis because they do not present any variability between the different individuals. The remaining 16 variables are used for Principal Component Analysis (PCA) and Discriminant Analysis (DA). Size is the first factor that discriminates between millet and rice trophic populations in all West African countries. Following the logarithmic transformation of the data, the biplots (PCA and DA) showed a difference in form between these two populations. Most of the transformed log-variables revealed significant mean differences between the two trophic populations in all West African countries. The hierarchic classification ascendant (HCA) combined the morphology of</p>

6° Fall A., Seye F., Sarr A. G. R. J., Ndione R., D., Touré M., Badiane T., S. and Ndiaye M., 2018. Morphometric characterization of the mango tree's Mealy Cochineal, *Rastrococcus invadens*, on the mango tree in Senegal. *International Journal of Science and Research (IJSR)*, ISSN : 2319-7064.

Morphometric Characterization of the Mango Tree's Mealy Cochineal, *Rastrococcus invadens*, on the Mango Tree in Senegal

Amadou Fall¹, Fawrou Seye², Adiouma G. R. J. Sarr³, Raymond D. Ndione⁴, Mamour Toure⁵, Thierno S. Badiane⁶, Mady Ndiaye⁷

^{1,4,6,7}Cheik Anta DIOP University, Faculty of Sciences and Technology, Department of animal Biology, Biology Reproduction Laboratory, Senegal

²Gaston Berger University, Department of Health Sciences, Senegal

³Cheik Anta DIOP University, Faculty of Sciences and Technology, Department of animal Biology, Entomology and Acararology Laboratory, Senegal

⁵Gaston Berger University, Department of Health Sciences, Senegal

Abstract: Fruit production in Senegal is mainly for national consumption. The major critical point of mangoes and citrus fruits production is fruit ravaging insects such as *Rastrococcus invadens* (Homoptera, Pseudococcidae) (Williams, 1986). Originated in Southeast Asia, this cochineal was first identified in Senegal. Since then it has spread throughout this country and particularly in Natural Casamance region and Thies region. In each region we chose two farms in two different localities. In Casamance, we chose one farm in Diatock locality and another one in the locality of Oussouye. In Thies region, we sampled in Santhie and Khay localities. In each farm, we chose the mango tree which represents the major host plant of *R. invadens*. From each plant we collected 10 specimens. This enabled us to get 20 specimens from Casamance and 20 other specimens from Thies. Specimens were coded with regard to both the area and the type of plant they were collected from. The present work aims to take stock of the morphological and morphometric characteristics of the pest into space and time, as well as its socio-economic consequences since it has been reported in Senegal. The results revealed morphometric groups more or less distinct especially between the Niayes zone and low Casamance.

Keywords: *Rastrococcus invadens*, mango tree, morphometry, agro-ecological zones

1. Introduction

Fruit production in Senegal is mainly for national consumption. This production would reach 100 to 120 000 tonnes per year and concerns mangoes, citrus fruits, and bananas in proportion of 67; 23; and 5% respectively [1]. Nevertheless, the lack of statistics does not allow us to point

income in southern Senegal, behind cotton and cashew nut [4]. In fact, from 71 tons exported in 1981, Ivory Coast exports yearly more than 10 000 tonnes since 1999 [5] for an estimated annual production of 100 000 tonnes [6]. However, mangoes production is threatened by phytosanitary problems, of which the most important are fruit flies, belonging to the Tephritidae family, and the mealy cochineal, *Rastrococcus*