

## Diversité génétique

Après le nettoyage et l'alignement des séquences, notre jeu de données se trouve constitué à la fin de 38 séquences du gène cytochrome b d'une longueur de 393 nucléotides. De ces 38 séquences, 21 sont de la forme voilière de *C. maculatus* et 17 de la forme non voilière. Afin de confirmer que les séquences sont bien de la même espèce, elles ont subi un blast (voir annexe 4). Les valeurs de la variabilité sont présentées dans le tableau (1). Pour la forme voilière, 6,87% des sites sont variables parmi lesquels 55,55% d'entre eux sont des sites variables en parcimonie (informatifs). Pour la forme non voilière, 10,18% des sites sont variables dont 12,5% d'entre eux sont des sites informatifs. Le taux de substitution synonyme est plus important que le taux de substitution non synonyme pour les deux formes.

Tableau 1: Paramètres basiques du jeu de données.

Paramètres	CmNV	CmV
<b>Nombre de séquences (n)</b>	17	21
<b>Nombre de site (N)</b>	393	393
<b>Site invariable</b>	366 (93,13%)	353 (89,82%)
<b>Site variable</b>	27 (6,87%)	40 (10,18%)
- <b>Singleton variable sites</b>	12 (44,44%)	35 (87,5%)
- <b>Site variable en parcimonie</b>	15 (55,55%)	5 (12,5%)
o <b>2 variants</b>	15	5
<b>Nombre total de mutation (Eta)</b>	27	40
<b>Nombre d'haplotype (h)</b>	8	14
<b>Diversité haplotypique (Hd)</b>	0,779 ±0,099	0,895 ±0,061
<b>Diversité nucléotidique (Pi)</b>	0,01512 ±0,00501	0,01202 ±0,00273
<b>Nombre moyen de différence nucléotidique (k)</b>	5,941	4,724
<b>Taux de transversion (v)</b>	0,0023 ±0,0010 (12,6%)	0,0071 ±0,0014 (61,66%)
<b>Taux de transition (s)</b>	0,0132 ±0,0031 (87,4%)	0,0051 ±0,0017 (38,33%)
<b>Taux de mutation (R)</b>	4,83	0,52
<b>Taux de substitution synonyme (Ks)</b>	0,0437 ±0,0130	0,0193 ±0,0075
<b>Taux de substitution non synonyme (Kns)</b>	0,0075 ±0,0024	0,0094 ±0,0020

Le tableau (2) présente la liste des haplotypes et le nombre d'individus qui les composent. On observe que 8 haplotypes sont exclusifs à la forme voilière et les autres à la forme non voilière. Aucun haplotype présentant les deux formes n'est noté.

Tableau 2 : répartition et composition des haplotypes

Forme non voilière	Forme voilière
<b>Haplo 1 : 2</b>	<b>Haplo 1 : 1</b>
<b>Haplo 2 : 1</b>	<b>Haplo 2 : 7</b>
<b>Haplo 3 : 1</b>	<b>Haplo 3 : 1   Haplo 9 : 1;</b>
<b>Haplo 4 : 2</b>	<b>Haplo 4 : 1   Haplo 10 : 1;</b>
<b>Haplo 5 : 8</b>	<b>Haplo 5 : 2   Haplo 11 : 1;</b>
<b>Haplo 6 : 1</b>	<b>Haplo 6 : 1   Haplo 12 : 1;</b>
<b>Haplo 7 : 1</b>	<b>Haplo 7 : 1   Haplo 13 : 1;</b>
<b>Haplo 8 : 1</b>	<b>Haplo 8 : 1   Haplo 14 : 1</b>

En travaillant avec les haplotypes, les mutations sont relevées et regroupées dans le tableau (3). Ainsi, parmi les mutations observées, une transition C→T à la position 354 est observée et commune à tous les individus de la forme voilière par rapport à la forme non voilière.

Tableau 3: Mutations et positions des nucléotides par haplotype (surligner en jaune : transition C-T à la position 354)

		1	2	3	4	19	22	23	24	25	26	28	30	33	40	44	46	48	49	68	73	93	96	97	105	114	126	140	144	153	156	184	188	192	197	207	210	217	220	228	235	254	255	264	269	270	271	272	273	276	278	280	284	298	304	309	312	313	314	354	379	380	381		
Hap1	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	C	C	G	G	
Hap2	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	T	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	A	A	A	A	C	C	G	G	
Hap3	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	C	C	G	A		
Hap4	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	A	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	T	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	C	C	G	A	
Hap5	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	C	C	G	A	
Hap6	CmNV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	A	G	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	G	G	T	G	G	G	C	A	C	G	G	A	T	T	C	A	T	A	T	T	A	A	A	A	A	A	A	C	C	G	A
Hap7	CmNV	T	T	C	G	C	C	C	A	A	T	T	G	G	G	T	G	T	A	T	A	A	A	T	A	T	A	C	G	A	T	C	A	T	G	G	T	G	G	C	A	C	G	G	A	T	T	C	A	T	A	T	T	A	A	A	A	A	A	A	C	C	G	A	
Hap8	CmNV	T	T	A	G	C	T	C	C	A	A	T	T	G	G	T	G	T	A	T	A	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	G	A	T	A	G	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	T	A	T	T	G	A	A	A	A	A	C	C	G	A		
Hap9	CmV	A	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	A	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap10	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap11	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap12	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	T	C	T	T	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap13	CmV	T	T	A	C	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap14	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	A	G	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap15	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap16	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	A	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G
Hap17	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	G	G	T	G	T	A	T	G	A	A	A	A	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G
Hap18	CmV	T	A	T	G	G	T	G	A	T	T	T	G	A	T	T	A	A	C	T	G	G	T	T	G	T	A	T	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap19	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	T	A	A	T	T	A	T	T	C	T	A	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	
Hap20	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	A	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G		
Hap21	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	T	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G		
Hap22	CmV	T	T	A	G	C	T	G	A	A	T	T	G	A	G	T	G	T	A	T	G	A	A	T	A	T	A	C	A	A	T	C	A	T	A	A	C	A	G	A	C	A	C	A	A	A	T	T	C	A	C	A	T	T	A	A	A	G	A	A	T	C	G	G	

Le tableau (4) présente la moyenne de la composition nucléotidique de la forme voilière et de la forme non voilière de *C. maculatus*. Ce tableau révèle l'existence d'une différence notable au niveau des moyennes de thymine et cytosine entre la forme voilière et la forme non voilière.

Tableau 4: composition nucléotidique moyenne selon chaque forme

	T (U)	C	A	G	Total
<b>Avg. CmNV</b>	35,74315	23,3498	30,19009	10,71696	393
<b>Avg. CmV</b>	36,01115	23,05828	30,19508	10,73549	393

Les changements d'acide aminé sont répertoriés dans le tableau (5) selon les haplotypes. De ce tableau, les mutations observées sont spécifiques à une forme ou une autre. Cependant ces mutations ne sont pas suffisamment réparties dans une forme ou une autre pour en être caractéristique.

Tableau 5 : changements et positions des acides aminés par haplotype (surligner en jaune : les changements)

		1	2	7	8	9	10	14	15	16	17	23	25	32	33	47	51	52	63	66	73	74	79	85	90	91	93	94	95	100	102	105	127
Haplo 1	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 2	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 3	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 4	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 5	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 6	CmNV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	R	D	V	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 7	CmNV	<b>F</b>	G	Q	<b>P</b>	I	W	A	V	D	N	F	<b>T</b>	F	I	<b>R</b>	N	N	I	<b>R</b>	D	V	I	T	Y	S	Y	F	L	N	<b>A</b>	<b>G</b>	R
Haplo 8	CmNV	L	G	Q	<b>S</b>	<b>N</b>	W	A	V	D	N	F	<b>T</b>	F	I	Q	N	N	I	H	D	<b>V</b>	I	T	Y	S	Y	F	L	<b>D</b>	<b>T</b>	<b>N</b>	<b>A</b>
Haplo 9	CmV	<b>M</b>	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	<b>N</b>	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 10	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 11	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	<b>V</b>	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 12	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	<b>T</b>	<b>L</b>	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 13	CmV	L	<b>R</b>	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 14	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 15	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 16	CmV	L	G	Q	W	I	<b>S</b>	<b>A</b>	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 17	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	<b>L</b>	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 18	CmV	<b>Y</b>	<b>G</b>	<b>E</b>	<b>W</b>	<b>F</b>	<b>W</b>	<b>S</b>	<b>V</b>	<b>K</b>	<b>H</b>	<b>F</b>	<b>A</b>	<b>F</b>	<b>V</b>	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 19	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	I	<b>M</b>	<b>F</b>	<b>I</b>	<b>F</b>	<b>I</b>	<b>L</b>	<b>N</b>	<b>T</b>	<b>N</b>	<b>R</b>
Haplo 20	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	<b>K</b>	<b>K</b>	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R
Haplo 21	CmV	L	G	Q	W	I	W	A	V	D	N	F	A	F	I	Q	N	N	I	H	D	I	<b>F</b>	<b>T</b>	<b>*</b>	<b>S</b>	<b>Y</b>	<b>F</b>	<b>Q</b>	<b>N</b>	<b>T</b>	<b>N</b>	<b>R</b>
Haplo 22	CmV	L	G	Q	W	I	W	<b>A</b>	<b>D</b>	<b>N</b>	<b>S</b>	<b>A</b>	<b>F</b>	<b>V</b>	Q	N	N	I	H	D	I	I	T	Y	S	Y	F	L	N	T	N	R	

### III.1.2. Différenciation et structuration génétiques

Le tableau (6) présente les  $F_{ST}$  obtenus avec en *italique* les  $F_{ST}$  intra population et en **gras** le  $F_{ST}$  inter population. Avec un  $F_{ST}$  au sein de chaque population égale à 0,269 et 0,277 pour respectivement la forme non voilière et la forme voilière de *C. maculatus*, on note une différenciation très importante entre les individus au sein de chacune de ces populations. Le  $F_{ST}$  entre population montre également une différenciation très importante. Pour les  $F_{ST}$  intra population de même que pour celui inter population, on note une p-value nulle et donc hautement significative.

Tableau 6:  $F_{ST}$  intra population en italique et inter population en gras

$F_{ST}$	Intra population	Inter population
<b>CmNV</b>	<i>0,26860</i>	<b>0,27328</b>
<b>P-value</b>	<i>0,0000</i>	<b>0,0000</b>
<b>CmV</b>	<i>0,27707</i>	
<b>P-value</b>	<i>0,0000</i>	

Les distances génétiques sont reportées dans le tableau (7). On y retrouve les distances intra population en *italique* et la distance inter population en **gras**. Ces distances sont faibles dans l'ensemble même si l'on observe une distance inter population légèrement plus grande.

Tableau 7: Distances génétiques intra population en italique et inter population en gras

Distance	Intra population	Inter population
<b>CmNV</b>	<i>0,0158 ±0,0033</i>	<b>0,0193 ±0,0038</b>
<b>CmV</b>	<i>0,0122 ±0,0021</i>	

L'analyse de la variance moléculaire montre que 27,33% de la variance moléculaire est expliquée par le degré de différenciation génétique entre la forme voilière et la forme voilière (avec un  $F_{ST}$  de 0,27328) et 72,67% par la différence entre individus au sein de chaque population.

Tableau 8 : résultat de l'analyse de la variance moléculaire

Source de variation	d.f.	Somme des carré	Composant de la variance	Pourcentage de variation
<b>Inter populations</b>	1	21,232	0,98992 $V_a$	27,33
<b>Intra populations</b>	36	94,768	2,63243 $V_b$	72,67
<b>Total</b>	37	116,000	3,62235	
<b>Indice de fixation</b>		<b><math>F_{ST}</math> :</b>	<b>0,27328</b>	

### III.1.3. Evolution démographique

Les valeurs des indices d'évolution démographique sont présentées dans le tableau (9). La forme non voilière présente un  $D$  de Tajima négatif et un  $F_s$  de  $F_u$  positif cependant ces indices possèdent une p-value non significative signe d'une population en expansion modérée. La forme voilière, avec un  $D$  de Tajima positif et un  $F_s$  de  $F_u$  négatif possédant des p-values

significatives, est en expansion démographique. Pour la forme voilière, la statistique R2 de Ramos-Onsins et Rozas est significativement positifs, signal d'une expansion démographique.

Tableau 9: indice d'évolution démographique

	<b>D de Tajima</b>	<b>Fs de Fu</b>	<b>Statistique R2</b>
	<b>p-value</b>	<b>p-value</b>	<b>p-value</b>
<b>CmNV</b>	-1,03633	0,77198	0,1081
	0,14700	0,66800	0,166
<b>CmV</b>	2,26753	-4,97595	0,0600
	0,00300	0,00800	0,001

Les graphes du mismatch distribution tracés en prenant comme model attendu une population constante révèlent un tracé différent pour la forme voilière et la forme non voilière de *C. maculatus*. Ces graphiques (figures 15 et 16) et présentent cependant une distribution multimodale signalant une population stable.

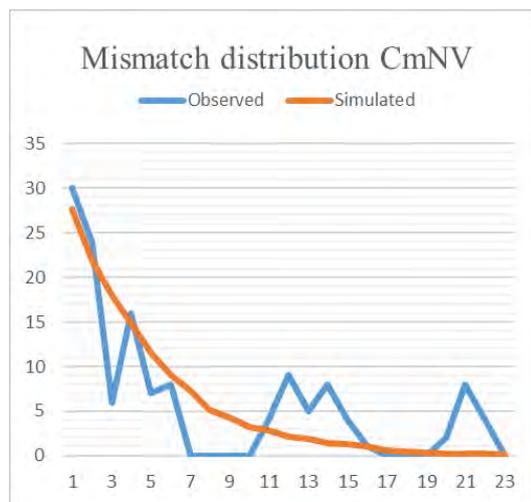


Figure 13 : Graphe de mismatch distribution pour la forme non voilière avec pour model de valeurs attendues une population constante

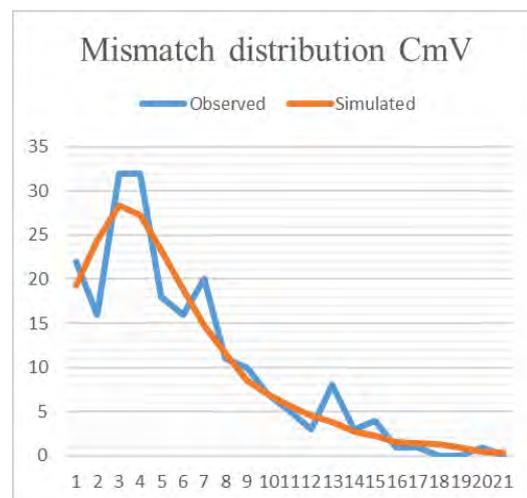


Figure 14 : Graphe de mismatch distribution pour la forme voilière avec pour model de valeurs attendues une population constante

Afin de compléter les graphes de mismatch distribution, le SSD (somme des carrés des déviations) et le Rg (indice d'irrégularité) sont présentés dans le tableau (10). Les p-values du SSD et du Rg sont pour les deux formes non significatives. Les valeurs non significatives de SSD montrent que l'écart observé entre distribution des fréquences observées et attendues n'est pas significatif.



### III.2. Discussion

Dans cette étude, il a été question de connaître les caractéristiques génétiques des formes voilière et non voilière de *C. maculatus* au Sénégal. Elle se base sur les résultats du séquençage du gène mitochondriale cytochrome b (Cyt B).

Ainsi, à la suite de ce séquençage, 38 séquences d'une longueur de 393 nucléotides sont obtenues. De ces séquences, 17 appartiennent à la forme non voilière et 21 à la forme voilière. Ces séquences présentent des pourcentages de sites conservés élevé (93,13% et 89,82%), ce qui est également observé dans les travaux de Barry *et al.* (2017). On note que la forme voilière possède plus de site variable que la forme non voilière. Cependant, la forme non voilière compte plus de site variable informatif que la forme voilière. Cette variabilité plus importante dans la forme voilière que dans la forme non voilière se ressent au niveau des haplotypes où l'on observe plus d'haplotypes avec la forme voilières. La répartition de ces haplotypes (tableau 2) montre qu'aucun d'entre eux n'est identifié à la fois dans les deux formes *C. maculatus*. Autrement dit, tous les haplotypes présentent uniquement une forme ou une autre de *C. maculatus*. Ceci peut s'expliquer par la présence d'une transition entre T vers C à la position 354 existant uniquement chez les individus de la forme non voilière néotène. Cette mutation synonyme qui semble sans effet direct sur le gène car l'acide aminé formé n'est pas modifié pourrait faire partie des signaux si elle est couplée à d'autre existant dans d'autre gènes entraînant l'apparition de la forme voilière. Dans ce cas présent, on peut penser que la transition T - C à la position 354 serait importante dans le phénomène de méthylation permettant la régulation de l'expression des gènes. Ainsi en changeant le nucléotide T en C méthylé, on aurait une « inhibition » permettant l'apparition de la forme non voilière ce qui concorde avec l'hypothèse de Utida (1972) et Nahdy *et al.*,(1999). L'importance du phénomène de méthylation dans ce type de dimorphisme est notée par Brisson (2010) dans ces travaux sur le dimorphisme des ailes chez les pucerons. L'existence du phénomène de méthylation dans le cytochrome b est également démontrée dans les travaux de Iacobazzi, *et al.*, (2013).

En se penchant du côté de la nature des mutations, on observe un taux de transition plus élevé que le taux de transversion chez la forme non voilière mais pour la forme voilière l'inverse est observé avec une différence moins importante entre les deux taux. Ceci se confirme au niveau du taux de mutation R qui est supérieur à 1 (4,83) pour la forme non voilière et inférieur à 1 (0,52) pour la forme voilière. Après traduction des séquences nucléotidiques en séquences d'acides aminés, le codon 118 portant la transition T - C à la position 354 n'a pas changé la nature de l'acide aminé car la mutation intervient à la troisième position du codon. La

répartition des changements d'acides aminés retrouvés dans nos séquences montrent qu'aucune mutation présente dans une forme n'est retrouvée dans l'autre. Cependant, cette répartition ne permet pas de déterminer une caractérisation des formes de *C. maculatus* à partir des acides aminés. Ces mutations peuvent être une conséquence de l'adaptation à l'environnement ou des erreurs spécifiques à l'individu. L'absence d'un changement d'acide aminé caractéristique à une forme ou une autre peut montrer que l'apparence d'une forme ou l'autre ne serait pas régie par un acide aminé au niveau du cytochrome B.

L'analyse des indices de différenciation ( $F_{ST}$ ) a permis de constater une différenciation importante entre les individus de la forme voilière et ceux de la forme non voilière. Ceci est confirmé par la distance génétique inter-population qui est plus importante que les distances intra-population. Cette valeur de différenciation est plus grande que celle observée entre les populations de zones agroécologiques différentes dans les travaux de Barry *et al.* (2017) où les  $F_{ST}$  significatifs révèlent une faible différenciation. Donc d'un point de vue génétique le dimorphisme de *C. maculatus* implique une plus grande différenciation que les individus appartenant à différentes zones agroécologiques. A la suite du calcul des distances génétiques, on note que la valeur obtenue pour la distance génétique entre les deux formes (0,0193) est plus importante que celle obtenue par Barry *et al.* (2017) pour les populations de zones agroécologiques différentes. Dans ces travaux, même si les insectes appartenaient à des zones différentes, du fait des échanges commerciaux existant, un brassage est possible. Ce brassage a donc comme effet d'atténuer les distances génétiques. Pour notre cas, les populations de *C. maculatus* échantillonnées sont deux formes distinctes. Ces formes distinctes morphologiquement réduisent le risque de mélange pouvant affecter les valeurs des distances génétiques. A cela, on ajoute la transition T - C à la position 354 observée entre la forme non voilière et la forme voilière qui elle augmente la divergence génétique.

Les résultats de l'analyse de la variance moléculaire montrent que la variabilité intra populations (72,67%) est plus importante que celle observée entre les populations (27,33%). Ces résultats associés à l'indice de fixation ( $F_{ST}$ ) qui est de 0,27 et supérieur à 0,25 témoignent d'une forte structuration de *C. maculatus* en fonction des populations. La variabilité entre les populations a été affectée par la présence d'une mutation spécifique à une des formes de notre insecte. La forte variabilité intra population est quant à elle illustrée dans nos populations par la diversité des haplogroupes. Ces haplogroupes, majoritairement formés par un individu à l'exception de quatre sont des représentations des différentes formes de mutations liées à une adaptation ou une erreur spécifique à ce groupe.

Les valeurs du D de Tajima et du  $F_S$  de Fu montrent à première vue que les populations non voilière et voilière de *C. maculatus* présentent des évolutions démographiques différentes. En effet, avec un D de Tajima et un  $F_S$  de Fu non significatif, la forme non voilière présente les caractéristiques d'une population en expansion modérée. Ces valeurs sont cependant différentes de ceux obtenus par Kebe *et al.*, (2017) pour une population africaine de *C. maculatus*. Ceci peut s'expliquer d'une part par la taille de notre échantillon, la nature spécifique mais également l'origine diverses des échantillons. Pour la forme voilière, le D de Tajima positif et significatif suggère une sélection stabilisante. A cela s'ajoute le  $F_S$  de Fu négatif et significative qui est signe d'une population qui a subi une récente expansion. Ces résultats pour la forme voilière s'expliquent par la nature périodique voir saisonnière de cette forme de *C. maculatus* que l'on retrouve que lorsque certaines conditions sont réunies. Les graphes de mismatch tous deux à distribution multimodale sont signe d'une population stable mais à ces derniers, on doit associer les indices de la somme des carrés des déviations (SSD) et d'irrégularité (Rg) pour valider la qualité. Ces indices étant tous deux non significatifs suggèrent qu'il n'y a pas écart entre les valeurs simulées ou attendues et les valeurs observées car les deux courbes se suivent sur toutes les paires de distance. Ainsi, l'hypothèse prônant une population stable est donc rejetée en faveur de celle d'une population en expansion démographique. On retient donc que dans l'ensemble, les populations de *C. maculatus* sont en expansion démographique comme observé dans les travaux de Kébé *et al.* (2017) où ses résultats confirment ce fait dans la population africaine.

L'analyse des arbres phylogénétiques révèle une structuration de nos séquences en deux groupes spécifiques à chaque forme. Cette structuration observée de *C. maculatus* confirme de manière visuelle la différence génétique existant entre la forme voilière et la forme non voilière. Ces arbres montrent également que les populations voilière de *C. maculatus* seraient issues de population non voilière et sont donc plus éloignées de notre outgroup qui est ici *Caryedon serratus*. Ceci est expliqué dans la littérature par le fait que sous certaines conditions, les individus de la formes non voilière donneraient naissance à des individus de la forme voilière (Utida, 1972 ; Chaudhuri, 2005)

## Conclusion et perspective

Ce présent travail permet d'avoir un aperçu du soubassement génétique de la distinction entre forme voilière et non voilière de *C. maculatus* au Sénégal. Se basant sur une étude du cytochrome b, un gène mitochondrial, elle a permis de montrer l'existence d'une mutation de type transition T - C à la position 354 propre aux individus de la forme voilière. Malgré le fait que cette dernière n'entraîne pas de changement d'acide aminé, elle peut jouer un rôle dans l'apparition de la forme non voilière avec l'association d'autres gènes liés. La répartition des changements d'acides aminés observée ne permet pas pour ce gène de parler d'une implication des acides aminés dans l'apparitions d'une forme ou l'autre de *C. maculatus*. En calculant les  $F_{ST}$  ont à noter une forte structuration de *C. maculatus* selon la forme cette structuration se ressent au niveau des distances génétiques où la distance entre les formes est plus importante que celle au sein de chaque forme. L'analyse de la variance moléculaire montre que la plus grande part de différence existant est présente au sein de chaque forme plutôt qu'entre elle. La population *C. maculatus* est dans l'ensemble en expansion démographique avec des nuances selon la forme ainsi la forme non voilière est en expansion modéré et la forme voilière est clairement en expansion démographique. Pour finaliser, les arbres phylogénétiques réalisés ont tous révélé une structuration de *C. maculatus* suivant les formes étudiées.

Comme perspective à cette étude, il serait intéressant d'étudier un plus grand panel de gènes mitochondriaux impliqués dans le métabolisme de *C. maculatus* afin de trouver d'autres mutations spécifiques et étudier leur interaction. Également de façon plus poussée, une étude des ARN et des protéines produits mais également leur quantité serait important pour connaître l'effet qualité et quantité de ces substances dans ce dimorphisme.

## Bibliographie

1. **Agence Nationale de la Statistique et de la Démographie.** (2017). *Bulletin mensuel des statistiques économiques d'octobre 2017.* Repéré à [http://www.ansd.sn/ressources/publications/Bulletin\\_janvier\\_2015.pdf](http://www.ansd.sn/ressources/publications/Bulletin_janvier_2015.pdf)
2. **Adebayo, R. A., Adegbenro, T. A., & Hassan, G. F.** (2019). Occurrence of Pathogens on Grains of Cowpea (*Vigna unguiculata* Walpers) and Maize (*Zea mays* L) Infested by *Callosobruchus maculatus* (F.) and *Sitophilus zeamais* Mots. *Acta Scientific Agriculture*, 4, 15-22.
3. **Barry, D., Kafom, A. C., Diome, T., Ndiaye, N. P., Ndiaye, S., & Sembene, M.** (2017). *Impact of Agro-Ecological Zones on Genetic Structuration of Callosobruchus maculatus F (Coleoptera : Bruchidae) the Major Pest Weevil in West Africa.* 8, 121-139.
4. **Beck, C. W., & Blumer, L. S.** (2011). A handbook on bean beetles. *Callosobruchus maculatus.* 15pp Available on : <http://www.beanbeetles.org>.
5. **Brice, K., Adjou Euloge, S., Edwige, D. A., Konfo, T. R., Christian, A. B. C., & Dominique, S.** (2016). Problématique de la conservation du niébé (*Vigna unguiculata* (L), Walp) en Afrique de l'Ouest : étude d'impact et approche de solution. *Journal of Animal & Plant Sciences*, 31 (1), 4831-4842.
6. **Brisson, J. A.** (2010). Aphid wing dimorphisms: linking environmental and genetic control of trait variation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365 (1540), 605-616
7. **Chaudhuri, B.** (2005). Phenotypic variations in a seed-eating beetle: evolutionary significance of wing polymorphism in *Callosobruchus maculatus* (F.)(Coleoptera : Bruchidae). *Oriental Insects*, 39 (1), 359-369.
8. **Delobel, A., & Tran, M.** (1993). *Les Coléoptères des denrées alimentaires entreposées dans les régions chaudes* (Vol. 32). IRD Editions.
9. **Denno, R. F.** (1994). The evolution of dispersal polymorphisms in insects: the influence of habitats, host plants and mates. *Population Ecology*, 36 (2), 127-135.
10. **Devi, M. B., & Devi, N. V.** (2014). Biology and morphometric measurement of cowpea weevil, *Callosobruchus maculatus* Fab.(Coleoptera: Chrysomelidae) in green gram. *J. Entomol. Zool. Stud*, 2, 74-76.
11. **Doumma, A., Liman, A. I., Toudou, A., & Alzouma, I.** (2006). Comportement de vingt variétés de niébé (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) vis-à-vis de *Bruchidius atrolineatus* (Pic) et *Callosobruchus maculatus* (F.) (Coleoptera: Bruchidae). *Cahiers Agricultures*, 15 (2), 187-193.

12. **Doumma, A., Salissou, O., Sembène, M., Sidikou, R. S. D., Sanon, A., Ketoh, G. K., & Glitho, I. A.** (2011). Etude de l'activité reproductrice de *Callosobruchus maculatus* (F.)(Coleoptera: *Bruchidae*) sur dix variétés de niébé, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. en présence ou non de son parasitoïde, *Dinarmus basalis* R. (Hymenoptera : *Pteromalidae*). *Journal of Animal & Plant Sciences*, 11 (2), 1398-1408.
13. **Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S.** (2005). Arlequin (version 3.0) : an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary bioinformatics*, 1, 117693430500100003.
14. **Fabricius, J. C.** (1775). *Systema entomologiae sistens insectorvm classes, ordines, genera, species, adiectis synonymis, locis, descriptionibvs, observationibvs* (Vol. 1). Kortius.
15. **FAO EST/GIEWS.** (2018). *GIEWS Crop Prospects and Food Situation #2, June 2018: Quarterly Global Report*. Repéré à [www.fao.org/3/i9666en/I9666EN.pdf](http://www.fao.org/3/i9666en/I9666EN.pdf)
16. **Fox, C. W.** (1994). The influence of egg size on offspring performance in the seed beetle, *Callosobruchus maculatus*. *Oikos*, 321-325
17. **Harrison, R. G.** (1980). Dispersal polymorphisms in insects. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 11 (1), 95-118.
18. **Hall, T.A.** (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41 : 95-98
19. **Iacobazzi, V., Castegna, A., Infantino, V., & Andria, G.** (2013). Mitochondrial DNA methylation as a next-generation biomarker and diagnostic tool. *Molecular genetics and metabolism*, 110(1-2), 25-34.
20. **Kébé, K. and Sembène, M.** (2011). Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) field infestation by the bruchids (Coleoptera: *Bruchidae*) in the northern Senegal: preliminary biological and ecological data. *Journal of Applied Biosciences*, 41, 2788-2796.
21. **Kébé, K., Alvarez, N., Tuda, M., Arnqvist, G., Fox, C. W., Sembène, M., & Espíndola, A.** (2017). Global phylogeography of the insect pest *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera : *Bruchinae*) relates to the history of its main host, *Vigna unguiculata*. <https://doi.org/10.1111/jbi.13052>
22. **Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K.** (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35 (6), 1547-1549
23. **Mofunanya, A. A. J., & Namgbe, E. E.** (2016). Assessment of damage due to *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: *Bruchidae*) infestation on germination and nutrient quality of *Vigna unguiculata* L.(Walp). *J. Agric. Veter. Sci*, 9(12), 1.

24. **Nahdy, M. S., Silim, S. N., & Ellis, R. H.** (1999). Effect of field infestations of immature pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.) pods on production of active (flight) and sedentary (flightless) morphs of *Callosobruchus chinensis* (L.). *Journal of Stored Products Research*, 35(4), 339-354.
25. **Ndong, A., Kébé, K., Thiaw, C., Diome, T., & Sembene, M.** (2012). Genetic distribution of the cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) bruchid (*Callosobruchus maculatus* F., Coleoptera, *Bruchidae*) populations in different agro-ecological areas of West Africa. *J Anim Sci Adv*, 2 (7), 616-30
26. **Ouedraogo, P. A., Monge, J. P., & Huignard, J.** (1991). Importance of temperature and seed water content on the induction of imaginal polymorphism in *Callosobruchus maculatus*. *Entomologia experimentalis et applicata*, 59 (1), 59-66.
27. **Pajni, H. R., & Airi, M.** (2017). Phenotypic plasticity in *Callosobruchus maculatus* (Fab.)- A critical review (*Bruchidae* : Coleoptera).
28. **Ramos-Onsins, S. E., & Rozas, J.** (2002). Statistical properties of new neutrality tests against population growth. *Molecular biology and evolution*, 19 (12), 2092-2100.
29. **Roff, D. A., & Fairbairn, D. J.** (1991). Wing dimorphisms and the evolution of migratory polymorphisms among the Insecta. *American Zoologist*, 31 (1), 243-251.
30. **Ronquist, F., Huelsenbeck, J., & Teslenko, M.** (2011). Draft MrBayes version 3.2 manual: tutorials and model summaries. *Distributed with the software from <http://brahms.biology.rochester.edu/software.html>.*
31. **Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-Delbarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins S.E., Sánchez-Gracia, A.** (2017). DnaSP v6 : DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 34 (12), 3299-3302.
32. **Srivastava, C., & Subramanian, S.** (2016). Storage insect pests and their damage symptoms: an overview. *Indian Journal of Entomology*, 78(special), 53-58.
33. **Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J.** (1994). 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(22), 4673-4680.
34. **Utida, S.** (1953). Interspecific competition between two species of bean weevil. *Ecology*, 34 (2), 301-307
35. **Utida, S.** (1972). Density dependent polymorphism in the adult of *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera, *Bruchidae*). *Journal of Stored Products Research*, 8 (2), 111-125.
36. **Wright, S.** (1984). *Evolution and the genetics of populations, volume 4: variability within and among natural populations* (Vol. 4). University of Chicago press.

37. **World Food Programme.** (2014). *Sénégal – Analyse globale de la vulnérabilité, de la sécurité alimentaire et de la nutrition (AGVSAN), Juillet 2014.* Repéré à <https://documents.wfp.org/stellent/groups/public/documents/ena/wfp266798.pdf>

## Annexes :

- **Annexe 1** : Protocole d'extraction d'ADN espèces d'insectes ravageur des denrées stockées (QIAGEN DNEASY TISSUE) :
  - Coupez la tête, le thorax et les pattes, placez-les dans un tube 1,5ml et ajoutez 180 µl de tampon ATL.
  - Bien écraser ces organes avec un broyeur jusqu'à désintégration complète, rajoutez 20 µl de protéinase K, vortexez puis incubez à 55°C jusqu'à ce que l'échantillon soit complètement lysé (de 3h à toute la nuit). Vortexez de temps en temps durant la lyse. Si l'échantillon n'est pas complètement digéré, centrifugez le tube et transférez le liquide dans un nouveau tube 1,5ml pour éliminer les restes de tissus.
  - Vortexez 15 s, 200 µl de tampon AL, vortexez immédiatement puis incubez à 70°C pendant 10 min. Il est important de vortexer immédiatement après l'ajout du tampon AL.
  - Ajoutez 200 µl d'éthanol 96-100% et vortexez
  - Pipetez le mélange de l'étape 4 et déposez-le dans une colonne préalablement placée sur un tube collecteur de 2 ml (fourni dans le kit). Centrifugez à 13000 rpm pendant 1 min. jeter le tube collecteur.
  - Placer la colonne sur un nouveau tube collecteur de 2 ml, ajoutez 500 µl de tampon AW2, puis centrifugez à 13000 rpm pendant 1 min. videz et replacez le tube collecteur sur la colonne puis centrifugez à 13000 rpm pendant 3 min pour sécher la membrane.
  - Placez la colonne sur un tube de 1,5 ml (non fourni), ajoutez 50 µl de tampon AE (ou de l'eau) directement sur la membrane. Incubez à température ambiante pendant 5 min, puis centrifugez à 13000 rpm pendant 1 min. Gardez le tube 1,5 ml qui contient l'ADN.

NB : Chauffer le tampon AE ou l'eau à 70°C avant l'élution permet d'augmenter le rendement d'extraction de 15 à 20%

- Répétez éventuellement l'étape 8.
- Conservez l'ADN à -20°C.

- **Annexe 2** : Préparation du mix PCR

Pour notre PCR, nous avons travaillé avec un volume réactionnel de 25µl. Ce dernier est composé de 12,5 µl de master mix, de 1 µl pour chaque amorce Forward et Reverse, de 1 µl de MgCl<sub>2</sub> et enfin pour compléter ce volume nous avons ajouté 9,5 µl d'eau miliQ.

- **Annexe 3** : Condition de PCR du Cytochrome B de *C. maculatus*.

Elle est réalisée grâce au thermocycleur et est constituée de trois étapes : la dénaturation initiale à 94°C pendant trois minutes, suivie de 35 cycles de dénaturation à 94°C pendant une minute ; l'hybridation à 47°C pendant une minute caractérisée par l'accrochage des amorces et finalement l'élongation à 72° pendant 10 minutes.

- **Annexe 4** : Blast

**Callosobruchus maculatus isolate Om1 cytochrome b (cytb) gene, partial cds; mitochondrial**

Sequence ID: [KY995247.1](#) Length: 485 Number of Matches: 1

Range 1: 77 to 469 [GenBank](#) [Graphics](#)

[▼ Next Match](#) [▲ Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
726 bits(393)	0.0	393/393(100%)	0/393(0%)	Plus/Plus
Query 1	TTAGGA	ACTTCTATTGTTCAATGAATTTGGGGAGGATTCGCAGTCGATAACGCAACTTTA	60	
Sbjct 77	TTAGGA	ACTTCTATTGTTCAATGAATTTGGGGAGGATTCGCAGTCGATAACGCAACTTTA	136	
Query 61	ACCCGATTCTTTGCATTTTCATTTTTATTACCATTTATCGTTACTGCATTTGTAATTATC	120		
Sbjct 137	ACCCGATTCTTTGCATTTTCATTTTTATTACCATTTATCGTTACTGCATTTGTAATTATC	196		
Query 121	CATCTCTTATTCCTCCACCAAACAGGATCAAATAACCCCTCGGAACTATAAAAAATATT	180		
Sbjct 197	CATCTCTTATTCCTCCACCAAACAGGATCAAATAACCCCTCGGAACTATAAAAAATATT	256		
Query 181	GATAAAATCCCATTCACCCCTatattcacatataaaagacatttttaggcatattaattata	240		
Sbjct 257	GATAAAATCCCATTCACCCCTATTTACATATAAAGACATTTTAGGCATATTAATTATA	316		
Query 241	ttatTTTTtattaacatttttaacactctattcaccctatTTCTAGGAGACCCTGATAAT	300		
Sbjct 317	TTATTTTTATTAACATTTTAACTCTATTACCCCTATTTCTAGGAGACCCTGATAAT	376		
Query 301	TTCACACCAGCGAATCCCTTAGTAACCTCTGCCCATATTAAGCCAGAATGATACTTCTTA	360		
Sbjct 377	TTCACACCAGCGAATCCCTTAGTAACCTCTGCCCATATTAAGCCAGAATGATACTTCTTA	436		
Query 361	TTCGCCTATGCAATCCTACGGTCAATTCCTAAT	393		
Sbjct 437	TTCGCCTATGCAATCCTACGGTCAATTCCTAAT	469		

Figure 18 : Blast pour la forme non voilière

**Callosobruchus maculatus isolate Om1 cytochrome b (cytb) gene, partial cds; mitochondrial**

Sequence ID: [KY995247.1](#) Length: 485 Number of Matches: 1

Range 1: 78 to 469 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
713 bits(386)	0.0	390/392(99%)	0/392(0%)	Plus/Plus
Query 2	TAGGA	ACTTCTATTGTTCAATGAATTTGGGGAGGATTCGCAGTCGATAACGCAACTTTAA		61
Sbjct 78	TAGGA	ACTTCTATTGTTCAATGAATTTGGGGAGGATTCGCAGTCGATAACGCAACTTTAA		137
Query 62	CCCGATTCTTTGCATTTCAATTTTTTATTACCATTTATCGTTACTGCATTTGTAATTATCC			121
Sbjct 138	CCCGATTCTTTGCATTTCAATTTTTTATTACCATTTATCGTTACTGCATTTGTAATTATCC			197
Query 122	ATCTCTTATTCTCCACCAACAGGATCAAATAACCCCTCGGAACTATAAAAAATATTG			181
Sbjct 198	ATCTCTTATTCTCCACCAACAGGATCAAATAACCCCTCGGAACTATAAAAAATATTG			257
Query 182	ATAAAATCCCATTCCACCCCTatattcacatataaaaaacatttttaggcatattaattatat			241
Sbjct 258	ATAAAATCCCATTCCACCCCTATTTTACATATAAAGACATTTTAGGCATATTAATTATAT			317
Query 242	tatttttattaacatttttaaacactctattccaccctatatttCTAGGAGACCCCTGATAATT			301
Sbjct 318	TATTTTATTAAACATTTTAAACACTCTATTCACCCCTATTTCTAGGAGACCCCTGATAATT			377
Query 302	TCACACCAGCGAATCCCTTAGTAACCTCGCCCATATTAAGCCAGAATGATATTTCTTAT			361
Sbjct 378	TCACACCAGCGAATCCCTTAGTAACCTCGCCCATATTAAGCCAGAATGATATTTCTTAT			437
Query 362	TCGCCTATGCAATCCTACGGTCAATTCCTAAT		393	
Sbjct 438	TCGCCTATGCAATCCTACGGTCAATTCCTAAT		469	

Figure 19 : Blast pour la forme voilière

- **Annexe 5 :** Répartition des individus dans les haplotypes

Forme non voilière		Forme voilière	
Haplo type	Individu	Haplo type	Individu
<b>Haplo 1</b>	CmNV1, CmNV4 ;	<b>Haplo 1</b>	CmV1
<b>Haplo 2</b>	CmNV2 ;	<b>Haplo 2</b>	CmV2, CmV5, CmV8, CmV11, CmV12, CmV23, CmV31
<b>Haplo 3</b>	CmNV3 ;	<b>Haplo 3</b>	CmV3
<b>Haplo 4</b>	CmNV5, CmNV6 ;	<b>Haplo 4</b>	CmV4
<b>Haplo 5</b>	CmNV7 - CmNV14	<b>Haplo 5</b>	CmV14
<b>Haplo 6</b>	CmNV17	<b>Haplo 6</b>	CmV16
<b>Haplo 7</b>	CmNV18	<b>Haplo 7</b>	CmV21, CmV22
<b>Haplo 8</b>	CmNV19	<b>Haplo 8</b>	CmV24
		<b>Haplo 9</b>	CmV25
		<b>Haplo 10</b>	CmV26
		<b>Haplo 11</b>	CmV27
		<b>Haplo 12</b>	CmV28
		<b>Haplo 13</b>	CmV29
		<b>Haplo 14</b>	CmV30

Tableau 11 : Répartition des individus par haplotypes

Titre du travail : **Déterminisme génétique des formes voilière et non voilière de la bruche du niébé *Callosobruchus maculatus* (F.) au Sénégal**

**Prénoms et NOM du candidat :** Simon Pierre SAGNA

**Nature du document :** Mémoire de Master en Biologie Animale

**Spécialité :** Génétique des populations.

**Président :** Pr Pape Mbacké SEMBENE                      Professeur Titulaire (FST/UCAD)

**Membre du jury :** Dr Cheikh Abdou Khadre Mbacké DIA      Assistant (FST/UCAD)

Dr Toffène DIOME Maitre de Conférences Titulaire (FST/UCAD)

Dr Mama Racky NDIAYE    Assistant (FST/UCAD)

Dr Déthié NGOM    Assistant (FST/UCAD)

---

**Résumé :** *Callosobruchus maculatus* ou plus communément appelé la bruche du niébé est un insecte ravageur attaquant les graines de *Vigna unguiculata*. Cet insecte responsable de grande perte au moment du stockage présente en plus d'un dimorphisme sexuel, un dimorphisme affectant sa capacité à voler ou non. Ce dimorphisme dont les formes sont appelées « voilière » et « non voilière » a été observé par Utida (1953). Ainsi, afin de connaître les caractéristiques génétiques de ces formes au Sénégal, une étude génétique se basant sur le cytochrome b a été réalisée. 38 séquences ont été obtenues dont 21 de la forme voilière et 17 de la forme non voilière. Après analyse des résultats obtenue, une transition C – T à la position 354 est observée dans tous les individus de la forme voilière. Cette mutation peut être expliquée par le phénomène de méthylation participant à la régulation de l'expression des gènes. Il est à noter que malgré cette mutation, l'implication des acides aminés dans ce dimorphisme pour le gène étudié ne peut être déduite du fait de la répartition observée. Les  $F_{ST}$  obtenus font état d'une forte différenciation de *C. maculatus* selon forme. Ce qui sera confirmé par les différents arbres phylogénétiques réalisés.

**Mots clés :** *Callosobruchus maculatus*, cytochrome b, dimorphisme, forme, génétique, non-voilière, transition, Sénégal, voilière.

**Abstract :** *Callosobruchus maculatus* or more commonly known as the cowpea flea is an insect pest attacking the seeds of *Vigna unguiculata*. This insect which is responsible for great loss at the time of storage, presents in addition to a sexual dimorphism, a dimorphism affecting its ability to fly or not. This dimorphism, whose forms are called " winged " and " wingless ", was observed by Utida (1953). Thus, in order to know the genetic characteristics of these forms in Senegal, a genetic study based on cytochrome b was carried out. Thirty-eight sequences were obtained, including 21 of the veiled form and 17 of the non-veiled form. After analysis of the results obtained, a C - T transition at the 354 position was observed in all individuals of the winged form. This mutation can be explained by the phenomenon of methylation involved in the regulation of gene expression. It was noted that despite this mutation, the involvement of amino acids in this dimorphism for the gene under study cannot be deduced from the observed distribution. The  $F_{ST}$ s obtained show a strong differentiation of *C. maculatus* according to form. This will be confirmed by the different phylogenetic trees produced.

**Keys words:** *Callosobruchus maculatus*, cytochrome b, dimorphism, form, genetics, transition, Senegal, winged, wingless.