

SOMMAIRE

REMERCIEMENTS.....	i
SOMMAIRE	iv
RESUME.....	viii
ABSTRACT	ix
LISTE DES FIGURES.....	x
LISTE DES TABLEAUX	xi
LISTE DES ANNEXES	xii
LISTE DES ABREVIATIONS	xiii
INTRODUCTION.....	1
I. SITE D'ETUDE.....	3
I.1. Justificatif du choix des sites d'étude.....	3
I.2. Description sommaire des trois sites d'étude.....	4
I.2.1. Lac Andranobe-Est.....	4
I.2.2. Ambohitrimanjato : Production Privée (Production d'alevins en étang) par un Producteur Privé d'Alevins (PPA)	4
I.2.3. Marovano : Production Informelle (Production d'alevins en rizière et en étang) par un Producteur Informel (PI)	4
I.3. Milieu d'étude: région de Vakinankaratra.....	5
I.3.1. Situation géographique.....	5
I.3.2. Description du milieu d'étude	6
I.3.2.1. Relief	6
I.3.2.2. Climat	6
I.3.2.3. Hydrologie	7
I.3.2.4. Pédologie	7
I.3.2.5. Végétation.....	7
II. MATERIELS ET METHODES	8
II.1. Période d'étude.....	8

II.2.	Présentation de l'espèce étudiée	8
II.2.1.	Position systématique	8
II.2.2.	Description de l'animal	9
II.2.2.1.	Morphologie	9
II.2.2.2.	Biologie	9
II.2.2.3.	Ecologie	10
II.2.2.4.	Variations d'écaillure	10
II.3.	Méthodologie	11
II.3.1.	Etude de l'habitat	11
II.3.1.1.	Réalisation d'herbier	11
II.3.1.2.	Composition ichthyque	11
II.3.1.3.	Caractéristiques des rizières et des étangs	11
II.3.1.4.	Paramètres physico-chimiques	11
II.3.2.	Collecte des spécimens	13
II.3.2.1.	Pêche en milieu naturel : Lac Andranobe-Est	13
II.3.2.2.	Capture en milieu d'élevage	13
II.3.3.	Identification des spécimens	13
II.3.4.	Pesée et étude biométrique de l'animal	14
II.3.4.1.	Caractère métrique	14
II.3.4.2.	Caractère pondéral	15
II.3.5.	Détermination de l'âge	15
II.3.6.	Enquête	16
II.3.7.	Etude d'ADN	16
II.3.7.1.	Prélèvement de l'échantillon source d'ADN	16
II.3.7.2.	Extraction d'ADN	17
II.3.7.3.	Amplification des fragments d'ADN	17
II.3.7.4.	Génotypage	19
II.3.8.	Méthodes de traitement et d'analyse des données	20

II.3.8.1.	Analyses des données biométriques	20
II.3.8.2.	Analyse des génotypes de l'ADN microsatellite	22
III.	RESULTATS ET INTERPRETATIONS	27
III.1.	Caractéristiques de l'habitat	27
III.1.1.	Lac Andranobe-Est.....	27
III.1.2.	PPA (Producteur Privé d'Alevins)	27
III.1.3.	PI (Producteur Informel)	28
III.1.4.	Qualité de l'eau	29
III.2.	Analyse de la biométrie et du pesage	30
III.2.1.	Analyse descriptive et test de différence globale des données métriques et pondérales entre mâles et femelles	30
III.2.2.	Pyramide des âges	30
III.2.3.	Comparaison de la longueur standard (LS) et du poids en fonction de l'âge entre les populations sauvages et en captivité	31
III.2.4.	Relation taille et poids.....	31
III.3.	Typologie génétique et d'élevage des différentes productions	32
III.4.	Mesure de la diversité génétique	33
III.4.1.	Expression de la diversité génétique au niveau intrapopulation	33
III.4.1.1.	Déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW).....	33
III.4.1.2.	Nombre moyen d'allèles (A) et taux d'hétérozygotie	34
III.4.1.3.	Fréquences alléliques par locus et par population	34
III.4.2.	Expression de la diversité génétique au niveau interpopulation	40
III.4.2.1.	Distance génétique entre les populations.....	40
III.4.2.2.	Analyse Factorielle des Correspondances (AFC).....	40
III.4.2.3.	Structure de la population	41
IV.	DISCUSSION	43
IV.1.	Limite de l'étude	43
IV.2.	Paramètres physico-chimiques	43

IV.3. Analyse biométrique	44
IV.4. Niveau de variabilité et structure génotypique des trois populations.....	46
IV.5. Diversité allélique et taux d'hétérozygotie.....	47
IV.6. Distance génétique entre les populations	48
CONCLUSION ET RECOMMANDATIONS	50
LISTE BIBLIOGRAPHIQUE	52

RESUME

Les variations au niveau de huit locus microsatellites de l'ADN de la carpe commune « *Cyprinus carpio* » ont été étudiées pour déterminer la diversité génétique au sein de trois populations, dont une naturelle (VAL, n = 30) et deux autres vivants en élevage (VAP, n = 30 et VMI, n = 30) dans la région de Vakinankaratra. Les relations mettant en jeu la taille, le poids et l'âge combinées avec les coefficients de Fulton de 27 spécimens provenant de VAL et 26 autres de VAP ont aussi été suivies durant les mois d'août et septembre 2011 et le mois de mars 2012. La comparaison des deux types de populations, sauvage et domestiquée, suivant les relations entre la taille et les poids combinés avec l'âge indiquent que les spécimens vivant en captivité ont un taux de croissance relativement faible, comparés aux individus sauvages. En parallèle, l'analyse des coefficients de Fulton K révèlent que les carpes se trouvent en meilleures conditions en milieu naturel qu'en captivité. L'analyse multilocus des marqueurs microsatellites a permis de définir une richesse allélique moyenne allant de 3,75 à 4,75 pour l'ensemble des trois dèmes. La population sauvage montre une plus faible diversité allélique comparée à celles vivant en captivité. Seule VAP dévie de l'équilibre de Hardy-Weinberg ($p < 0,05$) et cet écart pourrait être dû à l'effet « Wahlund ». L'analyse des différenciations génétiques, en se basant sur la distance de Cavalli-Sforza et Edwards (1967), révèle une grande distance entre VAP et VAL contrairement à VAL et VMI qui démontrent des liens génétiques forts. Toutefois, ces résultats restent encore parcellaires et nécessitent d'être confirmés par l'extension de l'étude à de nouvelles éclosées et populations naturelles et à un plus grand nombre de marqueurs.

Mots clés : *Cyprinus carpio*, population, caractérisation génétique, microsatellites, croissance, bien-être, coefficient de Fulton, Vakinankaratra, Madagascar.

ABSTRACT

Variation in eight microsatellites DNA loci was assessed to determine the genetic diversity of one wild (VAL, n = 30) and two domesticated populations (VAP, n = 30 and VMI, n = 30) of common carp "*Cyprinus carpio*" in Vakinankaratra. Then, relationship between basic morphometric measurements and growth pattern combined with Fulton coefficient from VAL (n = 27) and VAP (n = 26) populations was also investigated from August till September 2011 and in March 2012. A trend line graph is applied to compare standard length and weight variation with age combined with comparison of Fulton coefficient: K factor between wild (VAL) and domesticated (VAP) common carps. Results indicate declining growth condition within the domesticated population in comparison to the wild one and common carps seem to have a better life condition in wild habitat than in fish farms. Genetic results show that the average allelic richness across all locus in the analyzed population rose from 3,75 to 4,75. Feral varieties display less genetic diversity than the domesticated one in terms of allelic diversity. Significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium is observed for only one population: VAP ($p < 0,05$) which is hypothetically attributed to "Wahlund effect". Genetic differentiation analysis using Cavalli-Sforza and Edwards (1967) pairwise distance was undertaken. The largest distance is between VAP scattered mirror carp and VAL wild carp and the smallest distance is between VAL and VMI domesticated common carp. However, those results are still fragmental and need to be extended to other domesticated and wild populations and for a larger number of microsatellites.

Keywords: *Cyprinus carpio*, population, genetic characterization, microsatellites, growth, well-being, Fulton coefficient, Vakinankaratra, Madagascar.

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Carte de la localisation des sites d'études et vue générale de l'hydrologie dans la région de Vakinankaratra	5
Figure 2 : Détails des différentes mensurations faites sur la carpe	14
Figure 3 : Détail des annuli et des circuli sur une écaille de carpe	16
Figure 4 : Photo du gel obtenu après électrophorèse	20
Figure 5 : Abondance relative des poissons capturés dans le lac Andranobe-Est.....	27
Figure 6 : Abondance relative des poissons capturés au niveau du PPA	28
Figure 7 : Abondance relative des poissons capturés au niveau du PI	29
Figure 8 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW3 pour chaque population	35
Figure 9 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW7 pour chaque population	36
Figure 10 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW9 pour chaque population ...	36
Figure 11 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW11 pour chaque population .	37
Figure 12 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW12 pour chaque population .	38
Figure 13 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW16 pour chaque population .	38
Figure 14 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW29 pour chaque population .	39
Figure 15 : Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW40 pour chaque population .	40
Figure 16 : Dendrogramme de classification hiérarchique des trois populations suivant leur distance génétique	40
Figure 17 : Représentation des populations de carpe selon les deux premiers axes canoniques de l'AFC	41
Figure 18 : Assignation des individus à des clusters.....	42

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Valeurs des coefficients de Fulton K entre deux périodes d'études pour les deux populations VAL et VAP	32
Tableau 2 : Résumé de la typologie génétique et d'élevage des différentes productions	32
Tableau 3 : Probabilité de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg et indice coancestral Fis selon Weir et Cockerham (1984) pour chaque population (MFW3 non inclus) ..	33
Tableau 4 : Nombre et taille d'allèles par locus et par population et taux d'hétérozygotie	34

LISTE DES ANNEXES

ANNEXE I : Sites d'étude (a) : lac Andranobe-Est, (b) : Ambohitrimanjato et (c) : Marovano....	I
ANNEXE II : Courbe ombrothermique de Gaussen dans la région de Vakinankaratra	II
ANNEXE III : Variation des écaillures chez <i>Cyprinus carpio</i> selon Kirpichnikov (1981).....	III
ANNEXE IV : Fiche d'enquête sommaire sur la typologie génétique et d'élevage des différentes productions	IV
ANNEXE V : Récapitulatifs des paramètres physico-chimiques des trois sites d'étude	IV
ANNEXE VI : Analyse descriptive des données métriques et pondérales	V
ANNEXE VII : Test de différence globale des données métriques entre mâles et femelles des trois populations assemblées	V
ANNEXE VIII : Test de différence globale des données pondérales entre mâles et femelles des trois populations assemblées	VI
ANNEXE IX : Répartition des individus par classe d'âge.....	VI
ANNEXE X : Variation de la longueur standard (LS) en fonction de l'âge dans les deux populations	VII
ANNEXE XI : Variation du poids en fonction de l'âge dans les deux populations	VII
ANNEXE XII : Valeurs des probabilités pour le test d'écart d'EHW par locus et par population	VIII
ANNEXE XIII : Valeurs des probabilités pour le test d'écart d'EHW par population sans les deux marqueurs MFW3 et MFW9	VIII
ANNEXE XIV : Matrice de distance génétique entre les trois populations obtenue à partir des méthodes de calcul de Cavalli-Sforza et Edwards (1967).....	VIII

LISTE DES ABREVIATIONS

ADN : Acide Désoxyribo Nucléique.

AFC : Analyse Factorielle des Correspondances.

APDRA : Association Pisciculture et Développement Rural en Afrique.

CIRAD : Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement.

EDTA : Acide Ethylène-Diamine-Tétracétique.

EHW : Equilibre d'Hardy-Weinberg.

Fam, Tamra : Nomination de molécules fluorophores utilisées en génotypage.

FAO : Food and Agriculture Organization

FIFIMPAVA : Flvondronan'ny Flkambanan'ny MPAnjono eto Vakinankaratra

FOFIFA : FOibe Flkarohana ho Fampandrosoana ny Ambanivohitra.

IHSM : Institut Halieutique et des Sciences Marines.

INRA : Institut National de Recherche Agronomique.

KHV : Koi Herpes Virus.

LWR : Length Weight Relation (Relation Taille-poids).

MPRH : Ministère de la Pêche et des Ressources Halieutiques

PARRUR : PArtenariat et Recherche dans le secteur RURal.

PCR (ACP) : Polymerase Chain Reaction (Amplification en Chaîne par Polymérisation).

PI : Producteur Informel.

PPA : Producteur Privé d'Alevins.

TAE : Tris-Acetate-EDTA.

TAMIA : TAtamo Mirain'Andranobe.

Tris : Trishydroxyméthylaminométhane ou Tris base ou Tampon Tris.

VAL : Vakinankaratra Andranobe Lac désignant la population de carpes dans le lac Andranobe.

VAP : Vakinankaratra Ambohitrimanjato Privé désignant la population de carpes au niveau du Producteur Privé d'Alevins.

VMI : Vakinankaratra Marovano Informel désignant la population de carpes au niveau du Producteur Informel.

VOI : Vondron'Olon'Ifotony.

INTRODUCTION

La carpe commune « *Cyprinus carpio* » comprenant plusieurs races (écaillée, miroir, linéaire et cuir) est la première espèce de poissons à avoir été domestiquée (Vandeputte, 2009). A Madagascar, si des sources citent l'intégration de la pisciculture à l'agriculture sous le règne d'Andrianampoinimerina (1794-1810) (FAO, 2004), la pisciculture d'espèces introduites est confirmée à partir du début du XXème siècle. Les premières introductions de carpes miroirs sont datées de 1914 (Kiener, 1963).

Face à la surexploitation des ressources halieutiques continentales, le développement d'une aquaculture durable représente un enjeu majeur pour la sécurité alimentaire du pays. Avec moins de 3000 tonnes par an, la pisciculture paysanne aussi bien que la pisciculture commerciale peinent à se développer. Un programme intitulé : « Projet d'appui à la pisciculture continentale malgache : Gestion et maîtrise de la génétique de la carpe commune *Cyprinus carpio* et du *Tilapia Oreochromis niloticus* » a été mis en œuvre par l' Association Pisciculture et Développement Rural en Afrique (APDRA), le FOibe Fikarohana ho Fampanandrosona ny Ambanivohitra (FOFIFA ou Centre National de Recherches Appliquées au Développement Rural ou CENRADERU), le Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD) en collaboration avec le Département de Biologie Animale (DBA), l'Institut Halieutique et des Sciences Marines (IHSM) et l'Institut National de Recherche Agronomique (INRA). Ce projet est financé par PARRUR (Partenariat et Recherche dans le secteur RURAL) qui soutient des projets de recherche multidisciplinaires en partenariat étroit. Il se subdivise en deux grands volets : le premier concerne l'étude et la description des systèmes de pisciculture pour la carpe et le tilapia. Le second, traite de la caractérisation génétique de la carpe et du tilapia. En effet, le développement d'une pisciculture artisanale durable repose sans aucun doute sur la valorisation du potentiel génétique existant et sur la capacité des acteurs de la filière à gérer sa diversité. Cependant, malgré une somme considérable de connaissances disponibles sur tous les aspects de la génétique de la carpe, il n'existe pour ainsi dire pas, à l'heure actuelle, de programmes d'amélioration génétique de cette espèce (Vandeputte, 2009). Ce collectif de recherche vise à donner aux acteurs de la filière piscicole malgache les clefs d'une gestion génétique raisonnée des populations de carpe et de tilapias.

Une étude sur l'analyse de la variabilité et de la structure génétique des populations de la carpe commune à Madagascar et au Cameroun a déjà été menée par l'APDRA. Le génotypage d'échantillons malgaches provenant de diverses écloséries a montré que les populations de carpe malgache disposent d'une bonne variabilité génétique globale. Les résultats suggèrent également l'existence d'une forte micro-structuration interne qui pourrait résulter de l'utilisation d'un faible

nombre de géniteurs au sein de chaque éclosérie (Guyomard & *al.*, 2008). De plus, l'apparition du KHV (Koi Herpes Virus) qui se traduit par un manque d'appétit, des nageoires enflammées et des rougeurs sur le corps, dans de nombreux élevages de carpe en Europe et en Asie rend actuellement impossible toute introduction de cyprinidés sur la Grande Ile, qui reste pour l'instant indemne de cette maladie. D'une part, l'impossibilité d'introduire du « sang neuf » à Madagascar et d'autre part la bonne variabilité génétique de la carpe malgache indique qu'il faut valoriser le potentiel génétique actuel et proposer de par cela une gestion unifiée des ressources génétiques. Les investigateurs du projet ont recommandé d'échantillonner davantage de populations rizipiscicoles sur le territoire pour poursuivre cette étude de variabilité.

Dans un souci de continuité du projet, le présent travail se fixe comme principal objectif d'étendre l'étude dans la région de Vakinankaratra et d'y analyser la variabilité génétique de la carpe commune mais en parallèle d'apporter des éléments biologiques pour caractériser chaque population étudiée.

L'accent a été mis sur les points suivants :

- Apporter une première information sur le niveau de variabilité génétique de la carpe commune en considérant trois populations de pratique et gestion génétique différentes dans la région de Vakinankaratra. Les descripteurs de diversité génétique tels que le taux d'hétérozygotie, le nombre d'allèles par locus, les fréquences alléliques et les distances génétiques entre populations seront mis en exergue. L'accent sera aussi mis sur l'étude de la conformité à la loi de Hardy-Weinberg afin d'évaluer le niveau de brassage génétique au sein des sites de prélèvement ;
- Fournir des indications sur l'évolution intrapopulation et interpopulation des coefficients de Fulton et celle de la croissance en fonction de l'âge.

Pour faciliter la compréhension du déroulement de cette étude, cet ouvrage comportera cinq grands volets. Le premier portera sur la description des sites d'étude suivie par les matériels et méthodes utilisés en second lieu. La troisième partie traitera les résultats obtenus ainsi que les interprétations y afférant. Avant d'aboutir à la conclusion et d'émettre des recommandations, les discussions seront rapportées dans le quatrième volet.

I. SITE D'ETUDE

I.1. Justificatif du choix des sites d'étude

La base de données de l'APDRA ainsi que les connaissances de l'équipe ont été mobilisées pour le choix des sites. Trois sites différents de ceux qui ont été déjà échantillonnés en 2008 ont été choisis.

L'idée était de prendre trois milieux différents au niveau pratique et gestion génétique. Un milieu naturel parmi les quatre grands lacs de la région, une éclosérie de type Production Formelle ou Production Privé d'Alevins (PPA) dont la pratique et gestion génétique étaient au début instaurée par la FAO et suivie par l'organisme étatique (MPRH) et enfin, une autre éclosérie paysanne de type Production Informelle (PI) dont les techniques piscicoles étaient traditionnelles et qui, par la suite, a fait l'objet de suivi par l'APDRA.

Ces trois milieux devaient remplir les quelques critères énumérés ci-dessous :

- Chaque milieu doit au moins avoir 30 individus mâles et femelles mélangés (proportions égales si possible) ;
- Dans chaque site, le choix portait sur les géniteurs en premier lieu puisque cela renseigne sur l'histoire de la population elle-même. Les pré-géniteurs ont été prélevés si le nombre fixé n'était pas atteint ;
- Tous les travaux devaient être faits sur le type « miroir » ou « écaillée » parce qu'ils présentent un intérêt pour la pisciculture au niveau performance contrairement aux types « cuir » et « linéaire » qui présentent une viabilité moindre et parfois des déformations au niveau des nageoires (Kirpichnikov, 1999).

Trois milieux ont été choisis d'après ces critères à savoir :

- Le lac Andranobe-Est représentant le milieu naturel ;
- Un Producteur Privé d'Alevins du côté d'Ambohitrimanjato Manandona ;
- La Production Informelle quant à elle se situe du côté de Marovano Mandoto.

I.2. Description sommaire des trois sites d'étude

I.2.1. Lac Andranobe-Est

Le lac Andranobe-Est (ANNEXE I.a, page I) se trouve à 1529 m d'altitude. Les coordonnées géographiques sont les suivantes : 19°49'24,4'' de latitude Sud et 047°00'05,7'' de longitude Est. Il couvre une superficie de 900 000 m² avec une profondeur moyenne variant de 5 m à 7 m suivant les saisons. Elle se trouve dans la commune d'Antsirabe I toujours dans le district d'Antsirabe I. La réglementation et l'organisation de la pêche sont gérées par un VOI (Vondron'Olona Ifotony) ou COBA connu sous le nom de TAtamo MIrain'Andranobe (TAMIA). Elle regroupe 108 pêcheurs dont 97 actifs. La production annuelle de poissons pour ce lac est de 20 tonnes (Anonyme, 2009).

I.2.2. Ambohitrimanjato : Production Privée (Production d'alevins en étang) par un Producteur Privé d'Alevins (PPA)

C'est une station piscicole (ANNEXE I.b, page I) qui se positionne à 1372 m d'altitude avec les coordonnées géographiques suivantes : 20°03'12,9'' de latitude Sud et 047°02'16,5'' de longitude Est. Elle est inféodée à la commune de Manandona dans le district d'Antsirabe II. Au total, elle fait 1200 m² de superficie. Elle bénéficiait du soutien technique et financier de la FAO dans les années 90 afin de pallier à la fermeture des stations étatiques. Mais actuellement, elle n'est plus suivie.

I.2.3. Marovano : Production Informelle (Production d'alevins en rizière et en étang) par un Producteur Informel (PI)

Elle se trouve à 982 m d'altitude avec comme coordonnées : 19°37'57,4'' de latitude Sud et 046°25'52,1'' de longitude Est. Marovano (ANNEXE I.c, page I) se trouve dans la commune de Vinany dans le district de Mandoto. La superficie moyenne des étangs et rizières d'étude est de 88,024 m². Cette station quant à elle, jouit des appuis techniques de l'APDRA et se trouve incluse dans sa zone d'intervention depuis 2010.

Ces trois sites sont englobés dans la région de Vakinankaratra.

I.3. Milieu d'étude: région de Vakinankaratra

I.3.1. Situation géographique

Le présent travail s'est concentré sur la région de Vakinankaratra. Etymologiquement, le mot Vakinankaratra signifie "la région traversée par l'Ankaratra". D'une surface de 17496 km², elle est située entre le sud de ce massif d'origine volcanique (dont le sommet est le Tsiafajavona à 2644 m) et la rivière Mania (frontière entre les pays Merina et Betsileo), la région de Vakinankaratra se trouve au centre des hautes terres de l'île.

Située en plein centre de l'île, elle est délimitée :

- à l'Est par les régions d'Alaotra- Mangoro et d'Atsinanana ;
- à l'Ouest par la région de Menabe ;
- au Nord par les régions d'Analamanga, d'Itasy et de Bongolava ;
- et au Sud par la région d'Amoron'i Mania.

Elle est divisée en six districts : Ambatolampy, Antanifotsy, Antsirabe I, Antsirabe II, Betafo et Faratsiho. La carte illustrant la région de Vakinankaratra est montrée par la figure ci-après :

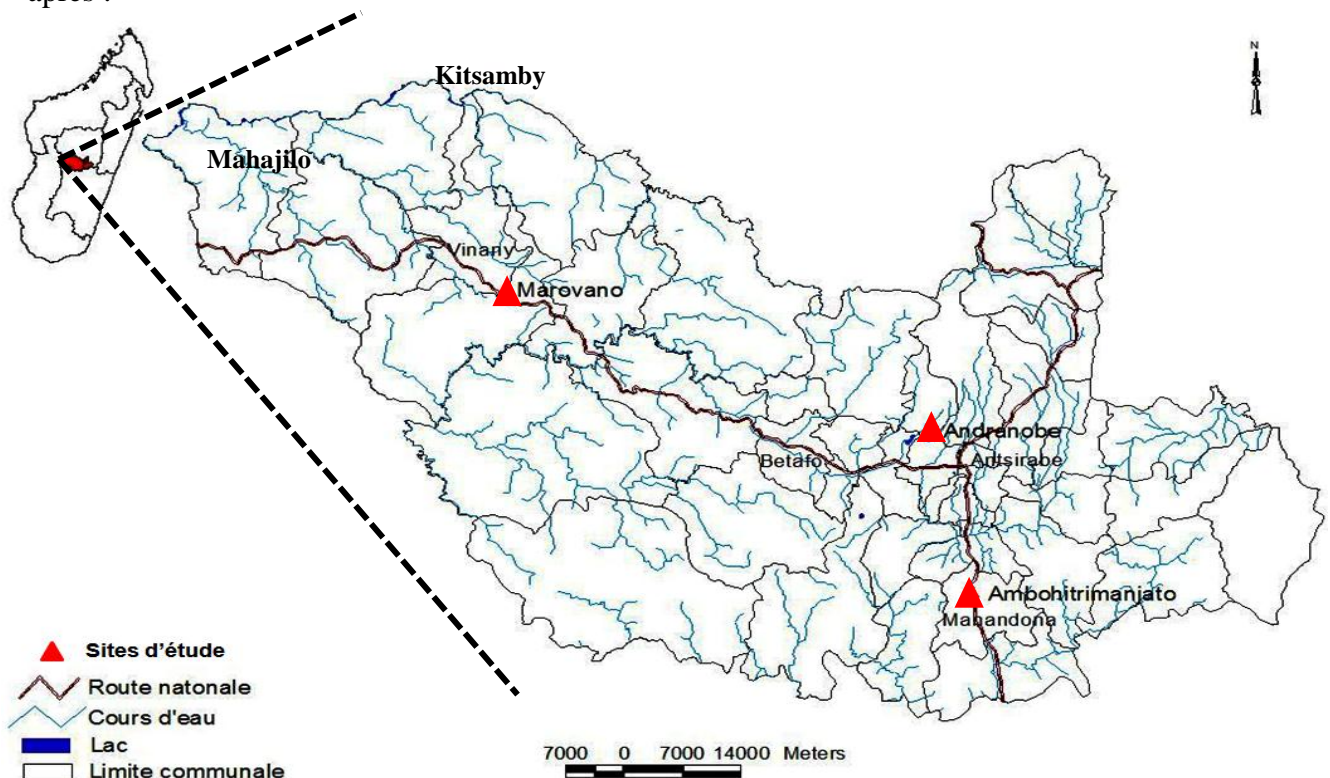


Figure 1 : Carte de la localisation des sites d'études et vue générale de l'hydrologie dans la région de Vakinankaratra (Source : FTM BD 500, 2011)

I.3.2. Description du milieu d'étude

I.3.2.1. Relief

Cette région se différencie en quatre ensembles naturels (PRDR Vakinankaratra, 2007):

- Le centre est caractérisé par le massif volcanique de l'Ankaratra où se trouve la plus haute montagne de la province d'Antananarivo culminant à 2644 m : le Tsiafajavona ;
- Au Sud, la constitution de l'Ankaratra a provoqué dans sa partie occidentale une série d'effondrements favorisant la formation de dépressions à fond alluvial et présentant de nombreux cratères et lacs ;
- La zone méridionale, dominée par la chaîne de l'Ibity est constituée d'une succession de petites cuvettes au sol sableux, jonchée de blocs de quartzite de toute taille ;
- Le Moyen-Ouest de Vakinankaratra est constitué par la pénéplaine de Mandoto-Ramaritina et où l'altitude s'abaisse à 1000 m.

I.3.2.2. Climat

De par sa situation géographique, la région Vakinankaratra baigne dans un climat dit tropical d'altitude (PRDR Vakinankaratra, 2007).

a. Précipitation

D'après les données recueillies au cours de cinq années successives, allant de 2006 à 2010, la précipitation annuelle de la région de Vakinankaratra tourne autour de 1051 mm. Le mois de janvier est le plus pluvieux de l'année puisqu'il atteint 317 mm en moyenne mais peut aller jusqu'à 639 mm (janvier 2007). Lors de la saison sèche, entre mai et septembre, la précipitation n'est pas totalement inexistante puisqu'elle est de 2,88 mm en moyenne pour le mois de septembre, mois le plus sec de l'année. La courbe ombrothermique de Gaussen montre clairement l'existence de deux saisons contrastées (ANNEXE II, page II) (Source : Direction Nationale de la Météorologie Ampandrianomby, Antananarivo).

b. Température

Toujours en se basant sur les données recueillies entre 2006 et 2010, la température moyenne annuelle de la région est de 17,9°C avec un minimum de 5,2°C et un maximum de 28,1°C. Le mois de décembre représente le mois le plus chaud de l'année avec une température

moyenne de 20,48°C tandis que le mois le plus froid est celui de juillet, durant lequel la température moyenne avoisine 13,88°C (PRDR Vakinankaratra, 2007).

I.3.2.3. Hydrologie

De par ses conditions géomorphologiques, la région est dotée d'un bon réseau hydrographique qui dans l'ensemble, semble dense et assez hiérarchisé. Les rivières les plus importantes sont la Mahajilo et ses affluents (la Mania, la Kitsamby et la Sakay) et le Bas Mangoro et son affluent l'Onive (PRDR Vakinankaratra, 2007).

I.3.2.4. Pédologie

La géologie est dominée par un socle métamorphique à gneiss qui constitue les hautes terres du centre de Madagascar. Des schistes, des granites et des gneiss constituent la base de sols acides et souvent latéritiques. Des affleurements de grès existent par endroits comme dans l'Isalo (Smith, 2007).

I.3.2.5. Végétation

La végétation est constituée par une formation herbeuse - formation herbeuse boisée de plateau. Ce type englobe des formations herbeuses jusqu'aux bruyères et des formations herbeuses boisées jusqu'aux formations arborées.

Elle est dominée par *Loudetia simplex* ssp. *stipoides* et *Aristida rufescens*. Parmi les autres espèces communes, on retrouve *Sporobolus centrifugus*, *Heteropogon contortus*, *Trachypogon spicatus*, *Alloteropsis semialata*, *Hyparrhenia* spp., etc. Les taxons non-herbacés incluent des espèces dans des genres tels *Indigofera*, *Crotalaria*, *Bulbostylis*, *Cyperus*,...

Aux altitudes supérieures et moyennes, les formations herbeuses sont distribuées en mosaïques avec des formations herbeuses boisées dans lesquelles la composante ligneuse est dominée par des plantations d'essences allogènes telles *Eucalyptus*, *Pinus* spp., *Acacia* spp., etc. Les bruyères à *Erica* sont également indicatrices des zones dégradées sous influence du feu.

Aux altitudes plus basses, plus particulièrement sur le versant occidental, des espèces de transition indigènes apparaissent. Celles-ci incluent *Sclerocarya birrea* ssp. *caffra*, *Bismarckia nobilis*, *Stereospermum euphorioides*, *Dicoma incana*, *Tamarindus indica*, *Acridocarpus excelsus*, *Asteropeia labatii*, *Erythroxylum platycladum*, *Maytenus linearis*, *Hyphaene* spp et *Ziziphus* spp (Smith, 2007).

II. MATERIELS ET METHODES

II.1. Période d'étude

L'échantillonnage a été effectué durant les mois d'août et septembre 2011 et le mois de mars 2012 :

- Du 27 août au 5 septembre 2011 : première mission à Andranobe-Est ;
- Les journées du 8 et du 22 septembre 2011 : première mission à Marovano ;
- Du 12 au 13 septembre 2011 : première mission à Ambohitrimanjato ;
- Du 18 à 30 mars 2012 : deuxième mission à Andranobe et à Ambohitrimanjato.

Il est à noter que tous les prélèvements génétiques ont été collectés lors de la première mission alors que la deuxième était programmée dans le but de compléter les données sur la biométrie.

II.2. Présentation de l'espèce étudiée

II.2.1. Position systématique

Règne :	ANIMAL
Embranchement :	VERTEBRES
Sous-embranchement :	GNATHOSTOMES
Classe :	POISSONS
Super-ordre :	TELEOSTEENS
Ordre :	CYPRINIFORMES
Sous-ordre :	CYPRINOIDES
Famille :	CYPRINIDAE
Sous-famille :	CYPRININAE
Genre :	<i>Cyprinus</i> (Linnaeus, 1758)
Espèce :	<i>carpio</i>
Noms vernaculaires :	<ul style="list-style-type: none">• Karpa, Trondrovahiny, Besisika, Lavakavy Tsimanantsitsika, Karoka. (Malagasy)• Carpe commune (Français)• Common carp (Anglais)

II.2.2. Description de l'animal

II.2.2.1. Morphologie

Cyprinus carpio présente un dos relativement élevé ; aux couleurs grisâtre, noirâtre ou brunâtre ; des flancs dorés ou roux, un ventre jaune clair et des nageoires paires rouges pâles lors de la fraie. La robe est très variable en fonction de l'habitat, de la nature et de la profondeur des fonds. En effet, les carpes sont plus claires dans les eaux oxygénées, peu profondes des fleuves et rivières ; en revanche, dans les eaux stagnantes, sombres, boueuses, les carpes sont plus foncées. Le record officiel du plus gros spécimen pêché est de 37,3kg. Au début du siècle, un spécimen de 63kg aurait été exposé à Francfort-sur-Oder. Aujourd'hui, les spécimens dont le poids est compris entre 10 et 20 Kg sont nombreux (Ranson, 2003).

II.2.2.2. Biologie

a. Régime alimentaire

La carpe est essentiellement omnivore, elle mange de tout. Elle s'alimente sur le fond des étangs et des lacs, parfois entre deux eaux et à la surface et ce particulièrement lorsque la température de l'eau est très élevée. Son régime alimentaire est principalement constitué de crustacés, de vers, de larves d'insectes, de protozoaires, de petits mollusques et de matières végétales telles que des algues et des graines de plantes aquatiques. Cependant, elle a une préférence pour la nourriture carnée. Elle cherche les zones où se développe une abondante végétation submergée qu'elle broute et qui abrite de nombreux petits animaux et du plancton (Ranson, 2003).

b. Reproduction

Généralement, les mâles l'atteignent entre 2 et 3 ans et les femelles entre 3 et 5 ans mais comme la croissance dépend également des conditions du milieu, de légères variations d'un plan d'eau à l'autre pourraient être observées. La fraie dure de septembre à novembre, quand l'eau atteint 18°C à 20°C. A cette époque, les mâles sont couverts de tubercules nuptiaux et la parade nuptiale est bruyante car plusieurs mâles se disputent une femelle.

La femelle pond 100.000 œufs par kilo de son poids. L'incubation dure de 3 à 8 jours au bout desquels les œufs sont déposés dans la végétation, en eaux peu profondes, afin qu'ils restent exposés à la lumière. Durant les premiers jours de leur vie, les alevins demeurent inertes et

dissimulés parmi les plantes de bordure. Les carpillons ont, au départ, une croissance très rapide (Ranson, 2003).

II.2.2.3. Ecologie

Habitat

La carpe fréquente volontiers les eaux calmes, peu courantes, les bras morts des rivières, les canaux, les marais, les étangs et les parties peu profondes des lacs. Elle affectionne tout particulièrement les eaux tièdes et les zones se réchauffant rapidement au soleil (Ranson, 2003).

Elle a une grande résistance thermique et supporte des températures allant de 4 à 40°C:

- Elle a une croissance optimale à une température de 23 à 25°C ;
- Elle se reproduit quand la température de l'eau est supérieure à 18°C ;
- En dessous de 15°C, elle s'alimente peu et sa croissance est fortement réduite ;
- En dessous de 10°C, elle hiberne : elle cesse de s'alimenter et ne grossit plus du tout.

II.2.2.4. Variations d'écaillage

Les variétés de carpe étant nombreuses, il est difficile de proposer une présentation générale qui reste exacte dans tous les cas. Il existe 1500 espèces et sous-espèces de carpes à travers le monde. Concernant l'écaillage, il existe plusieurs appellations reconnues chez la carpe commune dont le déterminisme est génétique. Deux gènes sont en causes : S (Scaly ou écaillé) et N (Nude ou nue). Les variations de ces gènes donnent la classification de Kirpichnikov (1981) (ANNEXE III, page III).

- Les carpes dites **écaillées** ou carpes écailleuses ou carpes franches, dont le corps est totalement recouvert d'écailles relativement uniformes et disposées parallèlement à la ligne latérale. Ce type correspond à la combinaison génétique SSnn.
- Les carpes dites **miroir** ou reines des carpes dont le corps est partiellement recouvert d'écailles rarement identiques et dont la disposition aléatoire varie d'un individu à l'autre. Ce type correspond à la combinaison génétique ssnn.
- Les carpes à **écaillage linéaire** dont le corps est dépourvu d'écailles excepté la ligne latérale, la ligne dorsale et la base de la queue qui portent des écailles souvent uniformes. Ce type correspond à la combinaison génétique SSNn.
- Les carpes dites **cuir** ou carpes nues dont le corps est totalement dépourvu d'écailles (ou presque). La peau lisse, de couleur variable, présente la ligne latérale comme seul relief. Ce type correspond à la combinaison génétique ssNn.

II.3. Méthodologie

II.3.1. Etude de l'habitat

II.3.1.1. Réalisation d'herbier

L'herbier n'a été réalisé que pour le milieu naturel. En effet, au niveau du PPA et du PI, que ce soit en rizière ou en étang, la végétation est réduite à néant ou est exclusivement composée de riz. En milieu naturel, tous les types de végétations ont été collectés et conservés dans de l'emballage avec leur nom vernaculaire respectif. Une fois arrivé à l'Université, ils ont été remis à un technicien du Département de Biologie Végétale pour l'identification.

II.3.1.2. Composition ichtyque

a. En milieu naturel

En ce qui concerne la faune ichtyque associée au lac, tous les types de poissons ramassés par les collecteurs en une prise ont été relevés et identifiés sur place, en se basant sur les descriptions faites respectivement par KIENER (1963) et ARNOULT (1959). L'abondance relative de chaque espèce a été notée.

b. En milieu d'élevage

Tous les poissons rencontrés dans les différents étangs et rizières ont été notés et identifiés sur place ainsi que leur abondance respective.

II.3.1.3. Caractéristiques des rizières et des étangs

Les caractéristiques telles que la surface de la rizière ou de l'étang a été mesurée à l'aide d'un ruban métrique de 50 m de long, la destinée du bassin a été également notée (bassin de stockage de mâles ou de femelles, bassin de ponte ou bassin de grossissement).

II.3.1.4. Paramètres physico-chimiques

Pour qualifier l'écosystème aquatique, quelques paramètres physico-chimiques ont été pris à l'aide de différents matériels.

a. Paramètres physiques

Le pH est défini comme la concentration des ions H^+ dans l'eau, il montre si l'eau est acide ou alcaline.

La conductivité électrique de l'eau reflète le taux de minéralisation de l'eau qui définit sa potentialité en production piscicole.

La température et la quantité **d'oxygène dissous** sont deux paramètres indissociables et déterminants pour la vie des poissons.

Un pH-mètre multifonction marque « Hanna » modèle Combo a été utilisé pour mesurer le pH, la conductivité de l'eau et la température. La valeur est lue directement sur l'écran après immersion de la capsule dans l'eau pendant 10 minutes. Le pH est donné au centième près et la conductivité en microSiemens tandis que pour la température, elle a été établie en degré Celsius.

Quant au taux d'oxygène dissous, un oxymètre portable « Oakton » a été utilisé pour prendre la mesure. Ce dernier est muni d'un noyau immersible et d'un tableau électronique qui affiche directement les résultats obtenus, il est exprimé en milligramme par litre.

La turbidité est définie comme étant « la réduction de la transparence d'un liquide due à la présence de matières non-dissoutes ». Elle correspond à la propriété de l'échantillon de diffuser et d'absorber la lumière incidente, contrairement à l'eau pure qui le transmet intégralement. Un turbidimètre marque « Lovibond » a été employé pour la mesurer. La valeur est donnée en « Nephelometric Turbidity Units » (NTU). La turbidité est déterminée à l'aide d'un néphélomètre. Il envoie des lumières rayonnées qui seront réfléchies par les particules (turbidité) existantes. La lumière diffusée est ensuite mesurée par un photodétecteur disposé en angle droit (90°C) par rapport à la source lumineuse puis les résultats seront affichés sur l'écran. C'est le principe dit néphélométrie. L'appareil est calibré à partir de plusieurs étalons standards préparés à base de formazine (Sulfate d'hydrazine et d'hexaméthylènetétramine). Une fois l'appareil calibré, la turbidité de l'échantillon à analyser sera ensuite mesurée suivant le principe de néphélométrie défini plus haut. Il déterminera la valeur de la turbidité en fonction de la concentration des différents étalons standards (Aqualytic, 2007).

b. Paramètres chimiques

Nitrite et azote ammoniacal

Le nitrite est un indicateur de pollution biologique dû aux excès d'excréments tandis que l'azote ammoniacal est toxique pour la plupart des êtres vivants aquatiques. Dans cette étude, la méthode colorimétrique a été utilisée pour déterminer la concentration en nitrite et en ammonium de l'eau. La prise de ces paramètres a été effectuée à l'aide d'une mallette « NTLabs ».

II.3.2. Collecte des spécimens

II.3.2.1. Pêche en milieu naturel : Lac Andranobe-Est

Il s'agit d'un échantillonnage indirect qui consiste à analyser les prises des pêcheurs locaux. L'association TAMIA a mis en place un mécanisme pour rassembler les produits de pêche. Ainsi, trois agents sillonnent le lac pour collecter tous les poissons capturés par les pêcheurs. Elle se fait deux fois par jour : le matin à 7h et en début d'après-midi vers 14h. Après ils sont ramenés à un point de rassemblement où tout est pesé avant d'être envoyé au point de vente de l'association. Pour le présent travail, les carpes utilisées ont été prises au point de rassemblement.

II.3.2.2. Capture en milieu d'élevage

Les spécimens ont été capturés à la main et ceci a été effectué lors des vidanges des bassins et des rizières pour plus de facilité.

II.3.3. Identification des spécimens

Pour les carpes en particulier, la distinction des variétés s'est faite en se basant sur le nombre de rayons mous constituant la nageoire dorsale ainsi que sur le nombre des écailles à leur base. La difficulté se pose au niveau de la distinction entre miroirs et cuirs (APDRA, 2009) :

- Si le nombre de rayons mous est inférieur à 17 : c'est une carpe cuir ;
- Si elle a 17 ou 18 rayons mous : la carpe est soit cuir soit miroir. Dans ce cas, il faut compter les écailles au-dessous de la nageoire dorsale. Elles forment une ligne continue de plus de 12 écailles pour la carpe miroir par contre, elles sont discontinues et avec un nombre égale ou inférieure à 12 pour une carpe cuir ;
- Si le nombre de rayons mous est supérieur ou égal à 19 : c'est une carpe miroir.

Pour la distinction du sexe de l'animal, la méthode par pression ventrale a été adoptée. Vu que la descente sur terrain a été programmée peu avant la saison de reproduction, cette méthode s'avérerait être la plus adaptée parce que le sexe est facilement reconnaissable. Pour les CYPRINIDAE, le mâle est identifiable à la laitance produite par une faible pression ventrale. Par contre, pour la femelle, elle a le ventre ballonné et l'anus proéminent quand une faible pression est exercée sur le ventre. Dès fois, du liquide s'écoule ou des œufs immatures se dégagent de l'orifice génital.

II.3.4. Pesée et étude biométrique de l'animal

II.3.4.1. Caractère métrique

Les mesures ont été prises à l'aide d'un pied à coulisse « Kema Vernier Caliper » de 300 mm de long avec 0,02 mm de précision. Les mesures suivantes ont été prises pour chaque animal capturé (Figure 2) (Ranson, 2003) :

- Longueur Totale (LT) : mesure de la distance entre l'extrémité crâniale du museau et l'extrémité caudale de l'un des lobes de la nageoire caudale. Pour cette mesure, la carpe doit être disposée en extension, appareil buccal protracteur en extension ;
- Longueur Standard (LS) : mesure de la distance entre l'extrémité crâniale du museau et l'extrémité du pédoncule caudal ;
- Hauteur Maximale du corps (HM) : mesure entre le contour dorsal et le contour ventral du corps. La carpe est disposée de profil et la mesure se réalise perpendiculairement à l'insertion du premier rayon de la nageoire dorsale ;
- Hauteur minimale du corps (Hm) : mesure de la largeur du pédoncule caudal de l'animal ;
- Tronc (TRC) : mesure entre la base de l'opercule jusqu'aux papilles génitales.

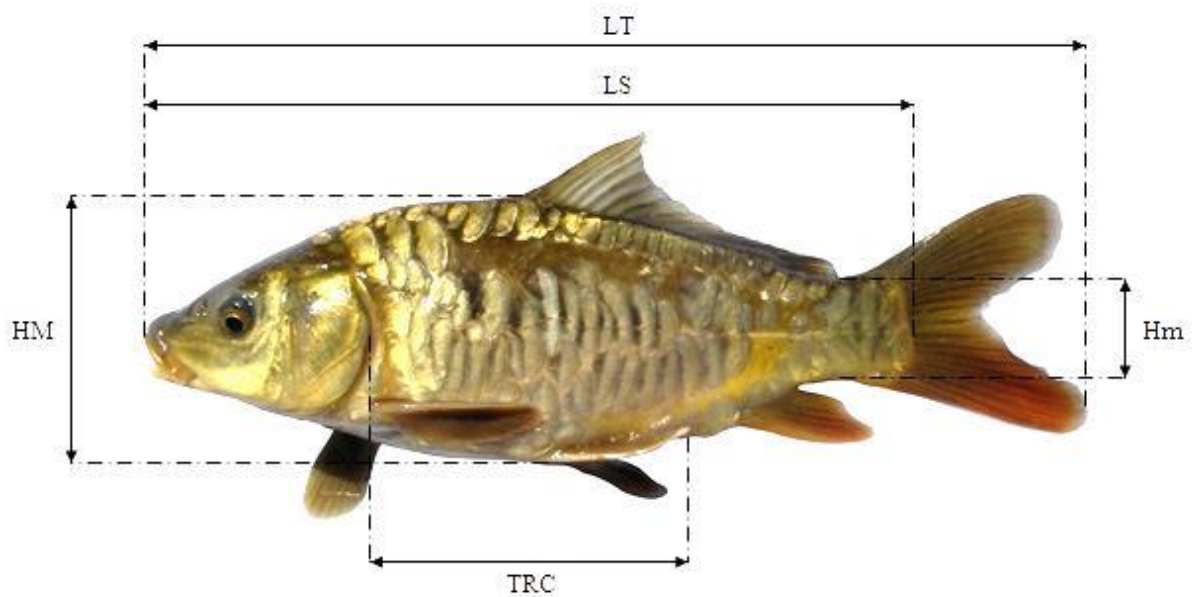


Figure 2: Détails des différentes mensurations faites sur la carpe (e = 1/5) ©2012

Andriambelomanana

II.3.4.2. Caractère pondéral

Le poids de l'animal a été déterminé au moyen des balances « Pesola », de portées différentes, toutes de marque « Super Samson Salter » avec les niveaux de précision suivants : 200g (± 10 g), 2000g (± 10 g), et 5000g (± 25 g).

II.3.5. Détermination de l'âge

L'âge de la carpe a été déterminé à partir de ses écailles. Cette étude s'appelle « la scalimétrie ». L'écaille est une structure anatomique qui grandit en taille à partir d'un noyau (nucléus) de manière concentrique pendant toute la vie du poisson. Les périodes de croissance sont marquées par des circuli (des stries sur l'écaille). Pendant les périodes de bonne croissance (printemps et été), les circuli sont espacés et pendant les périodes de faible croissance (hiver), ils sont très rapprochés et forment des annuli. Pour chaque écaille, l'âge du poisson a été déterminé d'après le nombre d'annulus présent sur une écaille (Le Gall, 1931). En milieu d'élevage, l'hypothèse sur laquelle était basée la détermination de l'âge était qu'un annulus correspondait à une année et serait dû à un ralentissement de croissance hivernal et non aux conditions d'alimentation.

Pour la deuxième descente, les prélèvements ont été conduits dans les mêmes milieux d'échantillonnage qu'avant : lac Andranobe-Est et PPA. Les prélèvements au niveau du PI n'ont pas pu être faits à cause de l'inaccessibilité du site en période de pluie. Chaque gamme de taille était représentée et chaque spécimen collecté était mesuré, pesé et photographié. Trois écailles par poissons ont été prélevées à la base de la nageoire dorsale et ont été mises dans une petite pochette, numérotée pour chaque spécimen. Les échantillons ont été envoyés au laboratoire pour la détermination de l'âge. Arrivées au laboratoire, elles ont été trempées dans une solution de soude à 10% pendant deux jours pour les ramollir afin de faciliter le lavage. Ensuite, elles ont été lavées et rincées puis disposées sous lame et lamelles. Deux ou trois écailles ont été lues pour chaque spécimen. La lecture a été faite à l'aide d'un microscope de marque « Motic microscopes » avec un grossissement (x10) (Figure 3). Les images ont été capturées en utilisant le logiciel Motic plus 4.0.

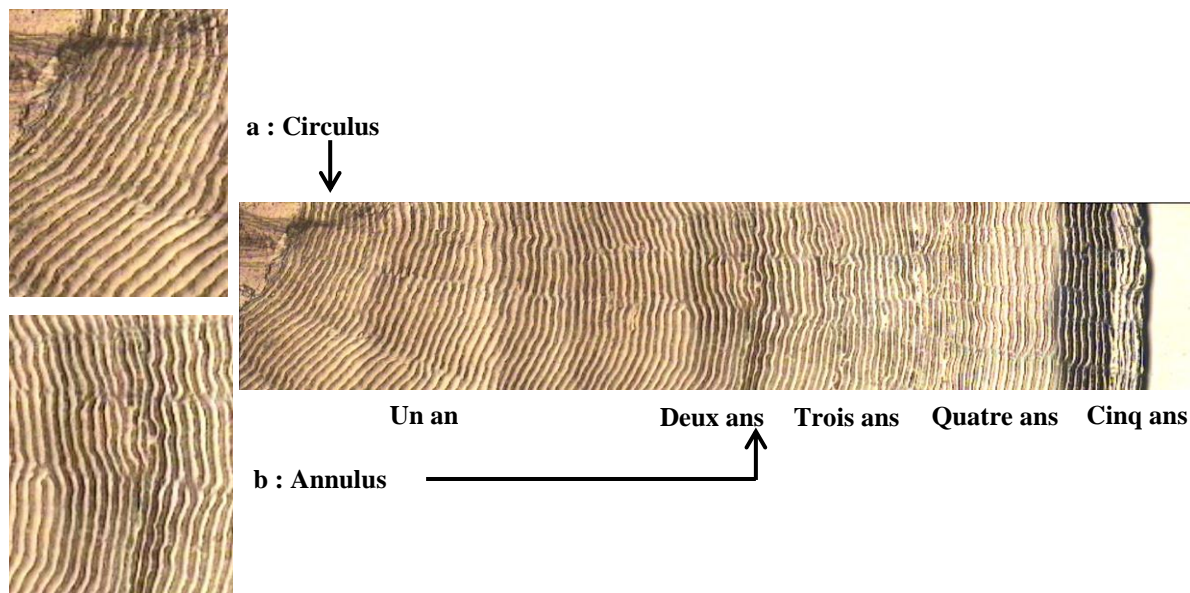


Figure 3: Détail des annuli et des circuli sur une écaille de carpe (Grossissement x10)
 ©2012 Andriambelomanana (a : détail d'un circulus et b : détail d'un annulus).

II.3.6. Enquête

Pour obtenir de plus amples informations sur les types de production (pratique d'élevage et gestion génétique), une enquête rapide a été menée au niveau de chaque producteur suivant la fiche d'enquête (ANNEXE IV, page IV).

II.3.7. Etude d'ADN

L'objectif de l'étude de l'ADN est l'évaluation de la variabilité génétique des populations de l'espèce, sachant qu'une variabilité génétique faible peut conduire à des performances de croissance, une survie et une reproduction médiocres. L'étude a consisté à génotyper, à l'aide de marqueurs microsatellites, puis à comparer la variabilité génétique d'échantillons d'individus de différentes populations. Dans cette étude, 30 individus par population ont été génotypés. La procédure comporte : le prélèvement de l'échantillon source d'ADN, l'extraction, l'amplification des fragments d'ADN et le génotypage proprement dit.

II.3.7.1. Prélèvement de l'échantillon source d'ADN

Le prélèvement de tissu d'ADN a été effectué au niveau de la nageoire pelvienne de l'animal à l'aide d'une pince et d'un bistouri. Le tissu a été découpé le plus finement possible et ne devait pas dépasser 0,25 cm² de surface. Ensuite, les échantillons récoltés ont été placés dans des tubes de 2 ml contenant de l'alcool à 90°. Chaque tube a été étiqueté de la façon suivante :

VAL_{1-n} ; VAP_{1-n} et VMI_{1-n} :

- La première lettre désigne le nom de la région « V » pour Vakinankaratra ;
- La deuxième lettre indique le nom du village où le spécimen a été capturé : « A » pour Andranobe et Ambohitrimanjato et « M » pour Marovano ;
- La troisième lettre renseigne sur le type de production : « L » pour Lac, « P » pour Privé et « I » pour Informel ;
- La quatrième nomination : 1-n désigne un numéro d'identification propre à chaque individu allant de 1 à n.

Tous les échantillons ont été regroupés dans un sac plastique fermé de type « ziploc bag » pour chaque catégorie de production et ont été ramenés au laboratoire où ils étaient conservés au frais jusqu'à l'envoi des échantillons en France.

Les paragraphes ci-dessous résument rapidement le protocole génétique auquel les échantillons ont été soumis.

II.3.7.2. Extraction d'ADN

Le but est d'obtenir de l'ADN pur. L'extraction consiste en une série de séparation physique et chimique de l'ADN des différentes particules contenues dans la cellule. L'extraction ne doit pas cependant altérer l'ADN. A la fin de l'extraction, les acides nucléiques purifiés s'isolent complètement des protéines et des autres macromolécules. Dans le cas présent, la méthode utilisée est l'extraction au « Chelex » (Estoup & *al.*, 1996).

II.3.7.3. Amplification des fragments d'ADN

La multiplication de la partie cible en un très grand nombre est nécessaire pour sa détection par électrophorèse. La technique de multiplication par « Polymerase Chain Reaction » (PCR) ou « Amplification en Chaîne par Polymérisation » (ACP) permet de délimiter un segment d'ADN particulier dans le génome et de recopier ce segment des millions de fois.

a. Principe

La succession de réactions de réplication d'une matrice à double brin d'ADN par PCR met en œuvre deux amorces nucléotidiques dont les extrémités 3' pointent l'une vers l'autre. Ces amorces délimitent la séquence à amplifier. Les produits de chaque étape de synthèse sont par la suite utilisés comme matrice pour la synthèse de nouvelles copies du segment d'ADN. Ceci permet d'obtenir une amplification exponentielle.

b. PCR ou « Polymerase Chain Reaction »

Mise au point par K. Mullis en 1983, brevetée en 1985 et publiée en 1990, la technique d'amplification par « PCR » connaît un essor considérable lorsque l'enzyme de polymérisation résistante à la chaleur « Taq polymérase », a été isolée d'une bactérie thermophile : *Thermus aquaticus* (Taq) et devenu disponible sur le marché à partir de 1988. En effet, l'activité enzymatique optimale de la Taq polymérase est obtenue à une température comprise entre 72°C à 80°C. Sachant que la synthèse d'une nouvelle chaîne d'ADN suit le mode semi-conservatif selon la direction 5'→3', la région à amplifier correspond à la séquence entre ces deux amorces. L'appareil à PCR permet de réaliser un certain nombre de cycles de synthèse et chaque cycle se divise en trois phases qui diffèrent par la durée et la température :

La dénaturation entraîne la séparation des liaisons faibles qui assurent la cohésion de la double hélice d'ADN pour donner deux simples brins d'ADN ;

L'appariement constitue la fixation des amorces sur les deux brins antiparallèles de l'ADN suivant la direction de synthèse 5'→3'. La température d'hybridation est variable d'une amorce à l'autre, elle est caractéristique de la séquence nucléotidique à amplifier ;

L'élongation ou synthèse de la nouvelle chaîne, rendue possible grâce à la Taq polymérase, qui synthétise le nouveau brin d'ADN de l'extrémité 5' vers l'extrémité 3'. Les amorces hybridées à l'ADN servent de point de départ (comme leur nom l'indique) à la polymérisation du brin d'ADN complémentaire de l'ADN matrice. La polymérisation se fait par ajout successif des désoxyribonucléotides (présents dans le mélange en large excès) à une température de 72°C pendant 45 secondes. Chaque base ajoutée est complémentaire de la base correspondante du brin matrice. Le nombre de cycle, la température et la durée de chaque phase peuvent être modifiés selon les besoins. Théoriquement après chaque cycle, la quantité d'ADN à amplifier est doublée.

c. Electrophorèse sur gel d'agarose

Cette étape a pour but de vérifier la qualité de l'amplification. Le principe est basé sur la polarité des acides nucléiques. Le produit PCR est chargé sur le gel, le tout baigné dans une solution tampon de TAE (Tris-Acetate/EDTA) qui sera polarisée à partir d'une alimentation électrique. En même temps, un ADN témoin est aussi placé sur le gel pour avoir une idée du poids moléculaire des produits. L'ADN chargé négativement va alors migrer progressivement du pôle négatif vers le pôle positif. Après migration, le gel est plongé dans un bain de bromure d'éthidium, agent intercalant, qui permet la fixation de l'ADN. La révélation se fait ensuite par

fluorescence par exposition du gel aux rayons ultraviolets. En effet, le produit PCR va scintiller et apparaît comme une bande blanche plus nette par rapport aux amorces et aux ADN témoins.

La taille de l'amplificat sera estimée ultérieurement lors du génotypage proprement dit.

II.3.7.4. Génotypage

La carpe est un organisme diploïde signifiant l'existence de deux copies qualifiées de paires homologues d'un même chromosome dans une cellule. Du fait de cette diploïdie associée à la fréquente mutation observée au niveau de l'ADN microsatellitaire, différents types d'ADN peuvent exister sous plusieurs formes ou allèles et un individu peut être homozygote ou hétérozygote pour un locus. Sur un même locus, les nombres de paires de bases pour ces types d'ADN peuvent être les mêmes ou différents.

Le principe est alors basé sur la comparaison de la taille des deux allèles des deux chromosomes homologues en déterminant le nombre de paires de bases qui les constituent. Cette partie est appelée « génotypage » ou détermination des génotypes d'un individu. La séparation des allèles de différentes tailles est obtenue par migration électrophorétique en gel de polyacrylamide qui permet de distinguer des allèles à partir de différences de taille d'une paire de base. Les produits de PCR sont visualisés grâce à un marquage fluorescent.

a. ADN microsatellite

L'ADN microsatellite est constitué d'alignements de répétitions très courtes de motifs nucléotidiques uniformément dispersés dans toute la partie nucléaire du génome des eucaryotes (Hamada & *al.*, 1982; Weber & May, 1989). Ces séquences répétitives font partie des séquences non codantes du génome nucléaire. Elles présentent de fréquentes mutations (10^2 à 10^5 par génération) dont la plupart est due à des erreurs de réplication. Ces mutations fréquentes lui confèrent un niveau de polymorphisme élevé (Web réf. 1). Les ADN microsatellites sont présents dans les deux chromosomes homologues des organismes diploïdes, comme le cas de l'espèce étudiée. Ils sont hérités respectivement de la mère et du père et transmis de génération en génération. Ainsi, de descendance en descendance, en plus des fréquentes mutations, les individus d'une population vont recombinaison leurs microsatellites. Ceci va maintenir une certaine variété de microsatellites au sein de la population, qui sera caractéristique de cette dernière. Ce type d'ADN chromosomique est très utile dans la mesure où il permet d'étudier la diversité génétique, le degré de consanguinité entre les individus d'une population et la différence entre les populations.

b. Marqueurs

Les 90 individus de carpes collectés ont été génotypés pour 8 marqueurs microsatellites correspondant donc à 8 locus différents. Il s'agit des marqueurs suivants : MFW03, MFW07, MFW09, MFW11, MFW12, MFW16, MFW29 et MFW40 (Crooijmans & *al.*, 1997). Une double lecture des gels a été effectuée pour repérer et corriger les erreurs de typage. La séquence correspondant à chacun de ces marqueurs microsatellites est amplifiée par PCR à l'aide d'un couple d'amorces dont l'une est marquée à l'aide d'un fluorochrome (6-fam ou Tamra). Les produits d'amplification sont ensuite visualisés par « scanning » du gel (Figure 4). Ce travail moléculaire ainsi que la lecture et la saisie des génotypes ont été réalisés dans l'unité de recherche GABI (INRA, Centre de recherche de Jouy-en-Josas).

Les données génotypiques par locus et par population ont été résumées dans un tableur Excel et ont été renvoyées à Madagascar pour l'analyse proprement dite.

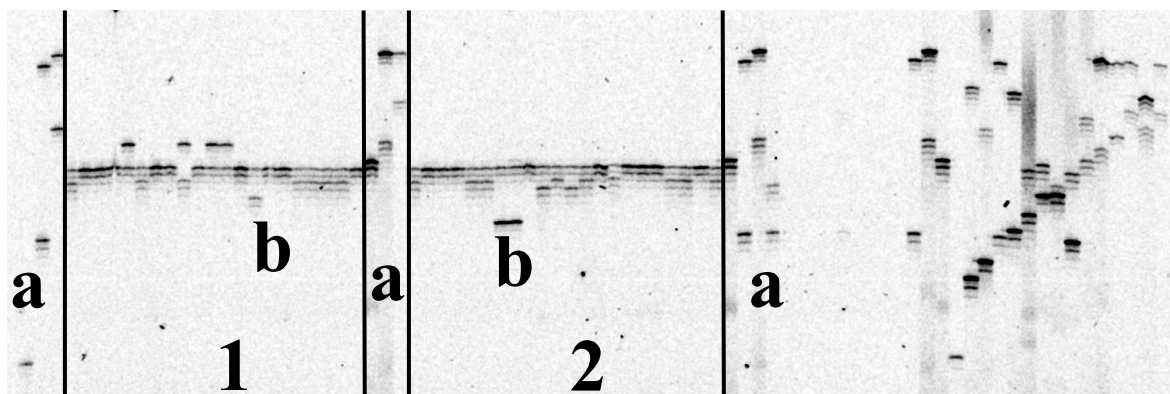


Figure 4: Photo du gel obtenu après électrophorèse ©2012 Andriambelomanana
(a : ADN témoins ; b : produits d'amplification ; 1 et 2 : 40 individus provenant de VAL, VAP et VMI)

II.3.8. Méthodes de traitement et d'analyse des données

Les données brutes sur l'habitat, la morphométrie et la génétique ont été enregistrées avec un tableur, Microsoft Excel, pour pouvoir établir une base de données facile à traiter.

II.3.8.1. Analyses des données biométriques

a. Analyse descriptive des données métriques et pondérales et test de différence globale entre mâles et femelles

La moyenne accompagnée de l'écart-type ainsi que les valeurs maximale et minimale pour chaque mesure morphométrique et pondérale prise ont été calculées. Elles ont été mesurées pour chaque sexe et pour chaque population. Un test de différence entre mâles et femelles des trois populations assemblées a également été fait sur SPSS14.0 en se basant sur les données

métriques et pondérales (Test « *t* » pour les données métriques : données normales et test « *U* de Mann-Whitney » pour les données pondérales : données non-paramétriques).

b. Pyramide des âges

Une représentation sous forme de pyramide a été faite pour une description sommaire des différentes classes d'âge obtenues par scalimétrie. Elle a été établie sur SPSS14.0.

c. Comparaison de la longueur standard et du poids en fonction de l'âge entre les populations sauvages et en captivité

Il s'agit d'une simple représentation linéaire des longueurs standards et du poids suivant l'âge des deux populations citées plus haut. La tendance de chaque population a été mise en exergue sur une représentation graphique afin de les comparer par la suite.

d. Relation taille et poids

La relation taille-poids (LWR) chez les poissons, appelés également « indice de croissance », est couramment utilisée dans le domaine de la pisciculture (Abowei & Davies, 2009). C'est aussi un outil indispensable dans les comparaisons de croissance intra et interpopulation afin d'évaluer les conditions physiques du poisson (Bolger & Connolly, 1989). Le coefficient de condition de Fulton (Fulton, 1904) est issu de cette relation taille-poids. Il s'agit d'un intéressant indicateur pour pouvoir comparer les conditions d'alimentation des poissons (Tesch, 1968). Il est basé sur l'hypothèse qui stipule que plus le poisson est lourd pour une longueur donnée plus il est bien nourri et se trouve dans de bonnes conditions environnementales (Froese, 2006). Ce coefficient se calcule comme suit :

$$K = 100 \frac{W}{L^3}$$

Avec **K** : facteur de condition de Fulton, **W** : poids total (g), **L** : longueur totale (cm) et le facteur 100 est utilisé pour ramener les valeurs à l'unité.

Pour cette étude, les conditions d'alimentation de la carpe ont été estimées par la comparaison des variations des coefficients de Fulton intra et interpopulation entre la première et la deuxième mission.

Les valeurs de **K** ont été classées suivant les standards adoptés par le « Department for trout and salmon » (Barhnam & Baxter, 1998), les conditions d'alimentation se reflètent au niveau de la taille du poisson :

- 1,60 Excellente condition ;
- 1,40 Bien, bien proportionné ;
- 1,20 Modéré, taille acceptable ;
- 1,00 Pauvre, long et effilé ;
- 0,80 Extrêmement pauvre: grande tête et corps effilé.

II.3.8.2. Analyse des génotypes de l'ADN microsatellite

a. Expression de la diversité génétique au niveau intrapopulation

Le logiciel GENEPOP 4.1.3 (Rousset, 2008) a été utilisé pour estimer les paramètres génétiques de population tels que :

i. Fréquences alléliques

La fréquence d'un allèle dans une population pour un locus donné est calculée selon la formule suivante :

$$f = \frac{2N_{ho} + N_{he}}{2N}$$

Avec **f** : fréquence allélique, **N** : effectif total des individus échantillonnés, **N_{ho}** nombre des individus homozygotes pour l'allèle en question et **N_{he}** nombre des individus hétérozygotes pour cet allèle.

ii. Hétérozygotie attendue (**He**) et observée (**Ho**)

He et **Ho** sur chaque locus pour les trois populations VAL, VAP et VMI ont été mesurées. **Ho** peut être calculée à partir de la fréquence mesurée des hétérozygotes (nombre des individus hétérozygotes divisé par le nombre total des individus de l'échantillon). De même, dans une population panmictique, la fréquence théorique des hétérozygotes **he** (expected heterozygosity) à un locus peut être calculée à partir des fréquences alléliques (**he** s'obtient en soustrayant à l'unité la somme des carrées des fréquences de chaque allèle).

Si plusieurs locus sont considérés, l'hétérozygotie moyenne (**He**), représentant la moyenne du taux d'individus hétérozygotes par population, sera la moyenne arithmétique de toutes les valeurs de **he**.

Si l'hétérozygotie observée est inférieure à celle attendue (**Ho** < **He**), il y aura « déficit d'hétérozygote » et le cas contraire, **Ho** > **He**, est qualifié d'« excès d'hétérozygote ».

iii. Equilibre de Hardy-Weinberg (EHW)

Dans une population théorique idéale, les fréquences des allèles et des génotypes au cours des générations suivent une loi simple appelée loi de Hardy-Weinberg, qui constitue le modèle de référence en génétique des populations. La loi de Hardy-Weinberg stipule que les fréquences alléliques et les fréquences génotypiques (c'est-à-dire la structure génétique de la population) reste stable de génération en génération.

Cette loi est vérifiée si les conditions suivantes sont remplies :

- Taille de population infinie ;
- Individus diploïdes ;
- Reproduction sexuée ;
- Panmixie et pangamie : reproduction au hasard avec rencontre aléatoire des gamètes ;
- Pas de mutation ;
- Pas de sélection ;
- Pas de migration.

Les déviations de la population de l'équilibre de Hardy-Weinberg peuvent être évaluées par locus et pour chaque population dans la présente étude. Pour ce faire, deux paramètres ont été utilisés à savoir les fréquences alléliques et le coefficient de consanguinité F_{is} : estimation suivant Weir & Cockerham (1984). Le premier test consiste à comparer les fréquences génotypiques observées dans une population par rapport à celles attendues sous EHW. Une hypothèse nulle est alors émise, stipulant que la population ne dévie pas de l'EHW. En d'autre terme, il s'agit de répondre à la question «quelle est la probabilité P pour que le modèle observé corresponde au modèle théorique d'EHW? », en comparant H_e et H_o . Un seuil de probabilité de 0,05 est choisi par convention pour lever l'ambiguïté. Ainsi, avec $P > 0,05$, l'hypothèse nulle est retenue. Le test de HW peut aussi être pratiqué pour un locus sur l'ensemble des populations, pour une population sur l'ensemble des locus. Enfin, un test global multilocus, multipopulations peut aussi être effectué.

L'existence de déviations par rapport aux proportions génotypiques sur l'hypothèse de HW peut avoir deux significations. Elles peuvent indiquer une mauvaise qualité des données (ou de leur lecture) donc un problème technique. En effet, il peut s'agir de variations artéfactuelles comme le cas d'un allèle nul (allèle qui n'a pas été détecté par PCR) ou quand les bandes observées ne correspondent pas nécessairement à l'amplification d'allèles (Stuttering) ou

également quand un allèle de grande taille se voit à l'état homozygote mais pas quand il est associé à un allèle de petite taille (Large allele drop out). Ce type de situation conduit à un déficit d'hétérozygotes. En général, ce sont des erreurs qui peuvent se produire au cours de la PCR. L'idée est alors de vérifier si cet écart est dû à ces erreurs avant de les attribuer à des facteurs davantage liés à la biologie ou à l'évolution des populations comme la migration (mélange de population), des effets fondateurs (utilisation d'un petit nombre de géniteurs) ou la sélection. Lorsque des déviations sont observées au niveau de la population, il s'avère indispensable de relire les génotypes des locus qui montrent le plus fréquemment de déficits. Les résultats de cette analyse plus approfondie (par ex : présence probable d'allèles nuls ou de phénomènes de « stuttering » ou de « large allele drop out ») permettront ensuite de décider de retirer ou non ces marqueurs de la description finale des populations. Dans le cas contraire (pas de problème de nature technique), ces déviations peuvent fournir des informations intéressantes sur les pratiques de conduite des géniteurs : des déficits d'hétérozygotes suggérant des échanges entre écloséries ou une gestion cloisonnée du cheptel ; des excès suggérant l'utilisation d'un nombre trop faible de géniteurs.

iv. Nombre moyen d'allèles par locus (**A**)

Une autre mesure de la variabilité est la moyenne du nombre d'allèles (**A**) par locus appelé également taux d'allélisme ou richesse allélique. Il est défini pour n_i allèles au locus i et pour L locus comme suit:

$$A = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^L n_i$$

v. **Fis** ou coefficient coancestral

Le paramètre **Fis** de Wright, appelé auparavant coefficient de consanguinité ou coefficient coancestral (Wright, 1969), est conventionnellement défini comme la probabilité que les deux allèles présents à un locus chez un individu soient originellement identiques, c'est-à-dire provenant de la réplique d'un allèle d'un ancêtre commun. En effet, deux individus ayant un lien de parenté possèdent chacun, au moins un allèle identique. C'est la fixation de ces deux allèles identiques dans les progénitures qui est mesurée par **Fis** et elle s'exprime par l'homozygotie. Sachant que l'événement contraire de l'homozygotie est l'hétérozygotie, c'est cette dernière qui sera utilisée pour évaluer la consanguinité à l'aide du paramètre **Fis**. La valeur de **Fis** s'étend de -1 à +1. Des valeurs négatives de **Fis** signalent un excès d'hétérozygotie tandis que des valeurs positives désignent la déficience des hétérozygotes, par rapport aux valeurs

attendues sous EHW. L'estimation de ce paramètre a été faite avec FSTAT 1.2 (Goudet, 1995). Il est calculé selon la formule suivante :

$$F_{is} = 1 - \left(\frac{H_o}{H_e} \right)$$

Avec F_{is} : coefficient de consanguinité, H_o : hétérozygotie observée et H_e : hétérozygotie attendue.

b. Expression de la diversité génétique au niveau interpopulation

i. Distance génétique entre les populations

En génétique de population, il est plus utile de quantifier les différences génétiques entre les populations par les fréquences de leurs gènes. En effet, cela permet d'ordonner les populations selon des procédures de classification automatique ou de regroupement hiérarchique et d'interpréter ainsi leurs affinités génétiques. Cette quantification des divergences génétiques se traduit par le calcul d'une matrice de distances ou d'indices de similarité entre chaque paire de populations. Pour le présent travail, c'est la matrice de distances de Cavalli-Sforza et Edwards (1967), établie à l'aide du logiciel GENETIX 4.0.1 (Belkhir & *al.*, 2000), qui a été utilisée. L'édification de l'arbre phénétique a été faite par le programme SYSTAT 10 par la méthode du « voisin le plus proche » appelée également « liaison simple ».

ii. Analyse Factorielle des Correspondances

Une analyse factorielle des correspondances (AFC) a aussi été effectuée à l'aide du logiciel GENETIX 4.0.1 (Belkhir & *al.*, 2000). Dans ce type d'analyse et de représentation, les catégories, individus ou populations, qui possèdent des valeurs génotypiques semblables sont représentées graphiquement par des points très voisins. L'AFC vise à rassembler en un nombre réduit de dimensions, la plus grande partie de l'information initiale contenue dans un espace multidimensionnel. Dans le cas de cette étude, deux dimensions sont mises en jeu et correspondent aux deux premiers axes de l'AFC. La signification des axes est donnée soit en termes de contribution d'allèles soit en termes de contribution d'individus par deux tableaux qui apparaissent dans les résultats de l'AFC (résultats non montrés).

iii. Structure de la population

Le logiciel, STRUCTURE 1.0 (Pritchard & *al.*, 2000), est une tentative de regroupement d'individus en sous-population de manière à mettre en exergue les similarités et les différences géniques qui peuvent les caractériser. Cet algorithme construit « K » clusters génétiques à partir du génotype multilocus d'une collection d'individus et estime pour chaque individu la fraction du génome qui appartiendrait à chaque cluster. Le logiciel permet en particulier de vérifier si les individus peuvent être regroupés selon leur population d'origine sans donner l'information d'appartenance à une population au logiciel. Dans ce cas, les clusters obtenus correspondent en nombre et en composition aux populations définies lors de l'échantillonnage. Cela permet éventuellement d'identifier des individus initialement affectés à une autre population que leur population d'origine.

III. RESULTATS ET INTERPRETATIONS

III.1. Caractéristiques de l'habitat

III.1.1. Lac Andranobe-Est

Les bords du lac sont transformés en champ de culture vivrière (carotte, pomme de terre, petit-pois...) et en riziculture. La végétation aquatique est formée en grande partie par les espèces *Potamogeton lucens* (POTAMOGETONACEAE), *Haleocharis fistulosa*, *Cyperus* sp., *Scirpus mucronatus* et *Scirpus corymbosus* (CYPERACEAE). A ceci s'ajoutent les espèces *Eichornia crassipes* (PONTEDERIACEAE), *Nymphaea stellata* (NYMPHEACEAE), *Phragmites mauritianus* (POACEAE) et *Lagarosiphon madagascariensis* (HYDROCHANITACEAE).

Concernant la faune ichtyque, la capture a permis de recenser 6 espèces à savoir : *Cyprinus carpio* et *Carassius auratus* (CYPRINIDAE), *Oreochromis niloticus* et *Tilapia zillii* (CICHLIDAE), *Chana maculata* (CHANIDAE) et enfin *Micropterus salmoides* (CENTRARCHIDAE). Un total de 99 poissons a été ramené par les collecteurs durant la prise. La figure suivante illustre l'abondance relative des différentes espèces capturées :

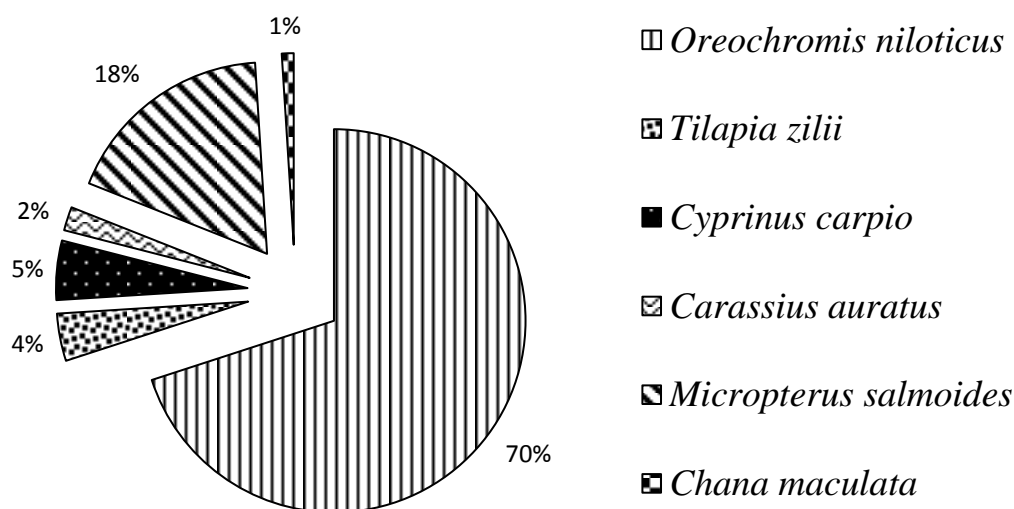


Figure 5: Abondance relative des poissons capturés dans le lac Andranobe-Est

L'abondance relative de la faune piscicole du lac varie suivant les espèces mais il y a cependant une nette dominance de l'espèce *Oreochromis niloticus* (70%).

III.1.2. PPA (Producteur Privé d'Alevins)

Quatre bassins ont été échantillonnés. Ils ont été considérés comme des stations avec les dénominations suivantes : station A (80 m²), station B (100 m²), station C (80 m²) et station D

(97 m²) avec comme destinée respective : bassin de stockage de géniteurs mâles et femelles mélangés ; bassin de stockage de géniteurs mâles uniquement ; bassin de stockage de femelles uniquement et bassin de stockage de pré-géniteurs mâles et femelles.

Au total, 171 poissons ont été dénombrés lors de la présente étude. Les deux premières stations A et B abritent uniquement des carpes tandis que pour les deux autres, C et D, trois espèces ont été relevées : *Tilapia zillii* (CICHLIDAE), *Carassius auratus* (CYPRINIDAE), *Xyphophorus maculatus* (POECELIDAE).

Le détail du recensement par espèces pour les deux autres stations pendant la vidange est reporté dans les diagrammes ci-dessous suivant leur abondance relative:

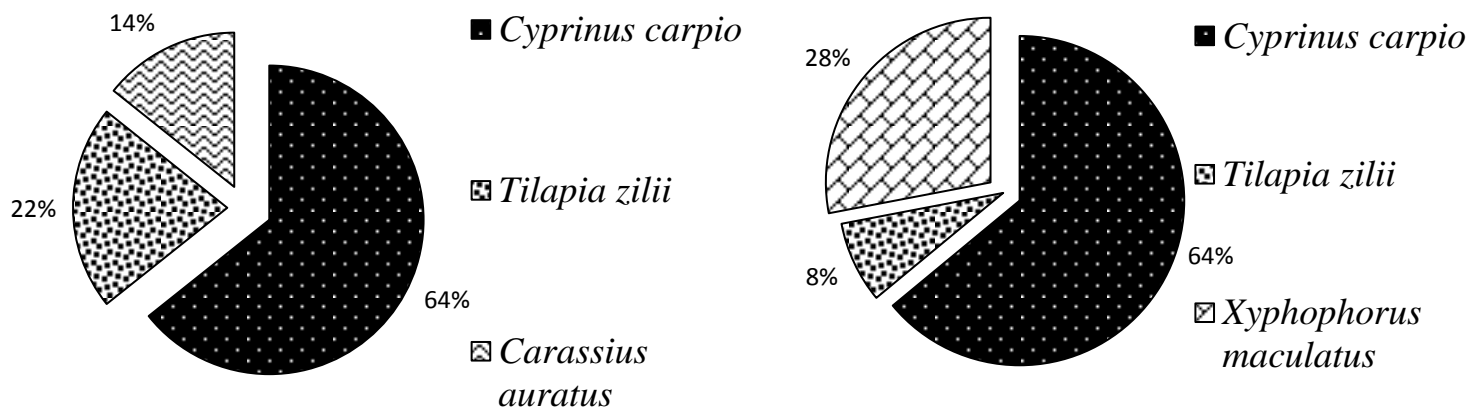


Figure 6 : Abondance relative des poissons capturés au niveau du PPA (Gauche : station C ; droite station D)

D'après ces diagrammes, pour les deux stations, la carpe est majoritaire avec une proportion égale à 64% de la faune ichtyque totale.

III.1.3. PI (Producteur Informel)

Au total, trois bassins et deux rizières ont été échantillonnés et considérés chacun comme étant une station [pour les bassins : station a (19,69 m²), station b (19,76 m²), station c (135 m²) et pour les rizières station d (95,67 m²) et station e (170 m²)]. Les stations a et b constituent des bassins de ponte tandis que la troisième : station c a été destinée au stockage des géniteurs mâles et femelles. En ce qui concerne les rizières, l'une, station d, a été utilisée pour entreposer les géniteurs mâles et l'autre « e » pour les géniteurs femelles.

En tout, 267 poissons ont été inventoriés. La faune ichtyque des stations a, b et d est composée exclusivement de carpes contrairement aux stations c et e où il y a d'autres espèces à savoir *Tilapia zillii* (CICHLIDAE), *Carassius auratus* (CYPRINIDAE) et *Xyphophorus maculatus* (POECILIDAE). Les figures suivantes montrent le peuplement piscicole des deux dernières stations « c » et « e ».

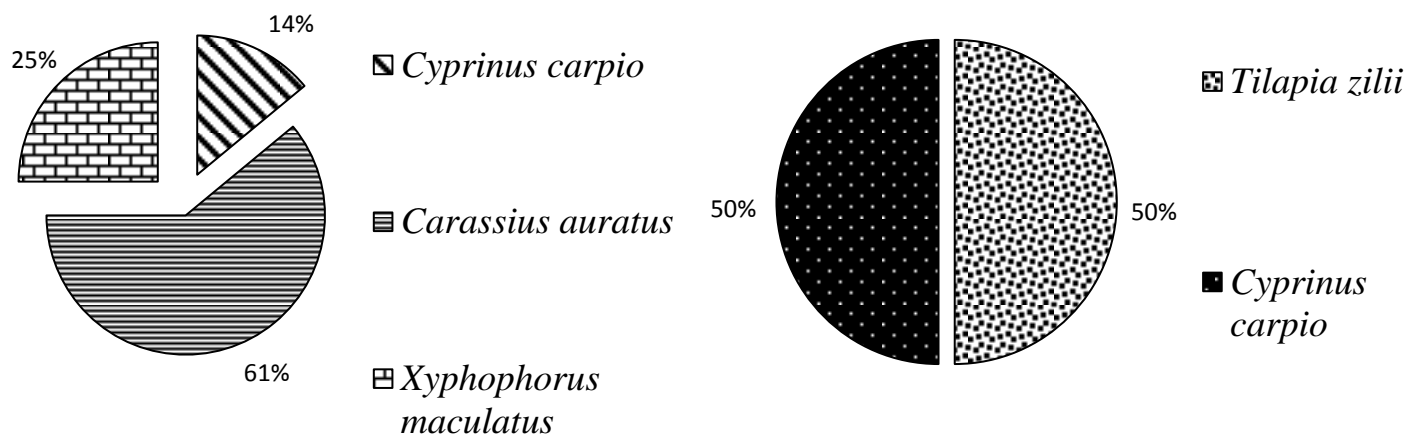


Figure 7 : Abondance relative des poissons capturés au niveau du PI (Gauche : station c, droite : station e)

Pour la station c, *Carassius auratus* est fortement dominant (61%) au détriment de la carpe qui ne constitue que 14% de la faune piscicole. Quant à la station e, les TILAPINES et la carpe cohabitent avec des proportions égales (50% chacune).

III.1.4. Qualité de l'eau

Paramètres physico-chimiques de l'eau

Les différentes valeurs des paramètres physico-chimiques dans les trois milieux d'étude ont été résumées en ANNEXE V, page IV. Elles ont été prises lors de la première descente sur terrain en septembre 2011. Ces paramètres sont donnés juste à titre indicatif puisqu'il ne s'agit pas de la moyenne entre deux prises.

En général, les trois sites ont un pH légèrement alcalin variant de 7,63 à 8,28. La carpe étant un animal poïkilotherme, la température joue un rôle fondamental dans son métabolisme. Le pic de valeur a été observé dans la station D (PPA) avec 38°C et le minimum a été rencontré dans la station a (PI), avec 18,3°C. Pour la conductivité, les valeurs enregistrées varient de 41 à 156 µS. La turbidité, quant à elle, est faible pour le lac Andranobe et au niveau du PPA avec des valeurs allant de 10,4 à 40 NTU. Par contre, l'eau dans la station « a » (PI) est très turbide atteignant 266 NTU. En ce qui concerne les ions ammonium, le niveau de pollution biologique est notable parce que les valeurs tournent autour de 0,2mg/l. De même pour les ions nitrites, elle est de l'ordre de 0,25mg/l pour le lac Andranobe et la station D.

III.2. Analyse de la biométrie et du pesage

La première mission dans la région de Vakinankaratra a permis de récolter des données sur 90 individus de carpes comprenant 45 mâles et 45 femelles. Ces spécimens se répartissent en 89 carpes « miroirs » contre une seule « écaillée ». Pour les analyses biométriques suivantes, seule la variété « miroir » a été prise en compte (effectif élevé).

Lors de la deuxième mission, des données d'âge sur 53 carpes miroirs ont pu être collectées dont 27 issues du lac Andranobe et 26 du PPA.

III.2.1. Analyse descriptive et test de différence globale des données métriques et pondérales entre mâles et femelles

La longueur standard des femelles ($n = 44$) des trois sites d'étude présente une moyenne de 31,54 cm qui se disperse à $\pm 9,45$ cm avec un maximum de 55 cm et un minimum de 18,9 cm pour 44 individus (ANNEXE VI, page V). Concernant les mâles ($n = 45$), la moyenne est de 28,39 cm avec un écart-type de $\pm 8,87$ cm dont le maximum observé est de 42,6 cm et le minimum de 15,6 cm. Pour le poids des femelles, la moyenne varie autour de 1082,33 g avec un écart-type de $\pm 1020,02$ g. Le maximum enregistré est de 4775 g contre 180 g pour le minimum. Par ailleurs, les mâles indiquent une valeur moyenne tournant autour de 764,97 g avec un écart-type qui avoisine les $\pm 557,38$ g. Pour ce paramètre, le maximum relevé est de 1825 g et le minimum de 125 g. Le test de différence globale des données métriques entre mâles et femelles ont révélé qu'il n'y a pas de variation significative entre les deux sexes (LT : $t = 0,109$, ddl = 86,081 ; LS : $t = 0,108$, ddl = 86,362 ; TRC : $t = 0,099$, ddl = 85,622 ; HM : $t = 0,162$, ddl = 82,952, Hm : $t = 0,104$, ddl = 82,093) (ANNEXE VII, page V). De même pour les données pondérales, le test de Mann-Whitney a montré que les deux sexes ne diffèrent pas significativement (Pds, $U = 0,196$) (ANNEXE VIII, page VI).

III.2.2. Pyramide des âges

Les résultats obtenus à partir de la pyramide des âges (ANNEXE IX, page VI) montrent que les classes d'âge varient de moins d'un an à 5 ans. Dans la population VAL, tous les individus ont été répertoriés dans les différentes tranches d'âge et l'effectif total pour chaque classe ne dépasse pas 10. Par contre, pour l'autre population, l'effectif maximal enregistré est de 13 pour les individus de moins d'un an. Il n'y a pas eu de spécimens capturés pour l'intervalle de 4 à 5 ans. L'effectif trop faible observé à chaque catégorie d'âge n'a pas permis d'utiliser de test statistique pour les autres analyses.

III.2.3. Comparaison de la longueur standard (LS) et du poids en fonction de l'âge entre les populations sauvages et en captivité

En termes de variation de la LS en fonction de l'âge, la courbe de tendance de la population VAL est légèrement au-dessus de celle de la population VAP (ANNEXE X, page VII). Par contre, en comparant la variation du poids (ANNEXE XI, page VII) en fonction de l'âge des deux populations, les individus moins d'un an $[0,1]$ de VAP s'avèrent être plus lourds que ceux issus de VAL. Par exemple, un individu ayant 6 mois a un poids de 155,99 g en milieu d'élevage contre 90,08 g en milieu naturel. En effet, les individus juvéniles moins d'un an ont été nourris pendant la première année de croissance. Par ailleurs, à partir de $[1,5]$ an, c'est la population VAL qui prime en termes de croissance.

Dans les deux cas, la variation de la longueur standard et du poids est proportionnelle avec celle de l'âge, la pente de la courbe « a » étant positive pour les deux populations.

III.2.4. Relation taille et poids

Pour cette étude, les coefficients de Fulton **K** ont été calculés au niveau de chaque population lors de la première t_0 et deuxième t_1 descentes. La troisième population VMI n'a pas été considérée parce qu'aucune donnée n'a pu être collectée lors de la deuxième mission. L'effectif a été ramené à 26 individus dans chaque population pour un souci d'équitabilité. Ensuite, une comparaison de ces coefficients interpopulation et intrapopulation a été établie.

Pour la population VAL, **K** présente une petite augmentation de l'ordre de 0,069 entre les deux périodes d'étude. Ceci indique que les carpes ont connu une légère amélioration des conditions physiques (nourriture et environnement) entre les deux périodes. En se basant sur les seuils standards pour la truite, les valeurs de **K**= 1,516 et 1,585 témoignent d'une excellente condition physique pour la carpe. Pour l'autre dème, **K** a connu une légère baisse de 1,374 à 1,336 entre les deux périodes d'échantillonnages. Les conditions d'alimentation et de vie de la carpe est à la limite de l'acceptable.

En comparant les valeurs de **K** pour les deux populations, celles de VAL sont supérieures à celles de VAP. Cette situation sous-entendrait que les carpes en milieu naturel étaient mieux nourries et se trouvaient dans de bonnes conditions environnementales que les populations d'élevage pendant ces deux périodes d'échantillonnages.

Tableau 1 : Valeurs des coefficients de Fulton K entre deux périodes d'études pour les deux populations VAL et VAP

Population	Temps	Minimum	Maximum	Moyenne
VAL (N=26)	t ₀	1,152	1,502	1,516
	t ₁	1,129	3,301	1,585
VAP (N=26)	t ₀	1,13	1,507	1,374
	t ₁	0,944	2,116	1,336

III.3. Typologie génétique et d'élevage des différentes productions

Les enquêtes menées ont permis de relever les caractéristiques de la gestion génétique et de la pratique d'élevage suivantes :

Tableau 2 : Résumé de la typologie génétique et d'élevage des différentes productions

		PPA	PI
Gestion génétique	Provenance des géniteurs	Source FAO, Ambatolampy, Fianarantsoa et de l'étranger	Ankazomiriotra (obtenus par la FAO) et de Betafo
	Sex-ratio durant la reproduction	1 femelle pour 2 mâles	1 femelle pour 2 mâles
Pratique d'élevage	Type d'alimentation	Restes de déchets ménagers pour les alevins et pour les adultes	Alevins : assuré par le fumier et son de riz et restes de déchets ménagers pour les adultes
	Fréquence d'approvisionnement	Irrégulier : - géniteurs : nourris de juin à août, - alevins et juvéniles : pendant la première année.	
	Utilisation de fumier	Néant	Oui

III.4. Mesure de la diversité génétique

Pour la population VAL, 13 mâles et 17 femelles ont été étudiés. Quant à la population VAP, 17 mâles comprenant 3 géniteurs et 14 pré-géniteurs et 13 femelles réparties en 3 génitrices et 10 pré-génitrices ont été caractérisés. Enfin, la population VMI présente un nombre équitable de mâles et de femelles avec 15 individus chacun. Onze géniteurs et quatre pré-géniteurs constituent les individus mâles tandis que 9 génitrices et 6 pré-génitrices composent les spécimens femelles.

III.4.1. Expression de la diversité génétique au niveau intrapopulation

III.4.1.1. Déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW)

Pour la population VAL, tous les locus respectent la loi d'EHW (ANNEXE XII, page VIII) et la population est proche de l'équilibre panmictique avec p-value total égal à 0,0715 ($p > 0,05$). Quant à la population VAP, trois locus soit 37,5% sur les huit utilisés s'écartent de l'équilibre de Hardy-Weinberg avec un p-value $< 0,05$. Les données obtenues à partir du marqueur MFW9 dévient significativement d'EHW pour la population VMI. En tout, une déviation significative est notée pour deux populations (VAP et VMI) sur trois. En considérant les résultats locus par locus, deux locus se démarquent, il s'agit des marqueurs MFW3 et MFW9 (en gras en ANNEXE XII, page VIII). Ils s'éloignent significativement des attentes d'EHW.

Les deux marqueurs cités plus haut sont à l'origine de la déviation globale d'EHW des deux populations, VAP et VMI. En retirant un à un ces locus dans les analyses, deux populations : VAL et VMI se trouvent proches de l'équilibre ($p > 0,05$) pour les données sans MFW3 (Tableau 3). Lorsque MFW3 et MFW9 sont retirés (ANNEXE XIII, page VIII), les trois populations sont à l'équilibre. En revérifiant les gels pour MFW3, il apparaît que l'allèle 152 amplifie mal et est masqué par l'autre allèle chez certains individus possédant un allèle de taille proche, ceci pourrait expliquer à lui seul le problème de déficit à ce locus.

Tableau 3 : Probabilité de déviation par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg et indice coancestral Fis selon Weir et Cockerham (1984) pour chaque population (MFW3 non inclus)

	p-value	EHW	Fis
VAL	0,0863	$p > 0,05$	0,1185
VAP	0,0011	$p < 0,05$	0,1302
VMI	0,2274	$p > 0,05$	0,0135

III.4.1.2. Nombre moyen d'allèles (A) et taux d'hétérozygotie

Le nombre d'allèles détectés par locus varie de 3 à 9 en considérant les données comme échantillons assemblés (Tableau 4). Le locus MFW12, n'ayant que 3 allèles, est le moins variable et MFW16 et MFW3 en détiennent les plus élevés (9). En effet, la diversité génétique d'une population se mesure également par le nombre des allèles observés au niveau des locus polymorphes. Pour VAL, la moyenne du nombre d'allèles observés par locus est de 3,75 pour $n = 30$. Par ailleurs, chez les deux autres populations VAP et VMI, elle est respectivement de 4,5 et de 4,75 avec $n = 30$. Par conséquent, les populations VAP et VMI présentent plus de variation par rapport à la population VAL. Quant à l'hétérozygotie, pour l'ensemble des trois populations, les valeurs d' H_e sont toutes supérieures à celles de H_o suggérant un déficit d'hétérozygotes. Le tableau ci-dessous illustre en détail le nombre d'allèles par locus et par population ainsi que le taux d'hétérozygotie par population.

Tableau 4: Nombre et taille d'allèles par locus et par population et taux d'hétérozygotie

Locus	A (VAL)	A (VAP)	A (VMI)	A total	Taille des allèles (paire de base)
MFW3	5	5	7	9	[131-166]
MFW7	4	5	6	8	[131-281]
MFW9	2	5	4	5	[86-136]
MFW11	4	4	5	6	[199-223]
MFW12	2	2	2	3	[128-138]
MFW16	5	6	5	9	[117-470]
MFW29	3	3	5	6	[162-184]
MFW40	5	6	4	8	[166-218]
Total	30	36	38		
A Moyen	3,75	4,5	4,75		
He moyenne	13,614	15,48	15,98		
Ho moyenne	11,75	12,25	14,87		

III.4.1.3. Fréquences alléliques par locus et par population

Les fréquences alléliques et la taille des allèles par locus et par population sont reportées dans les paragraphes suivants.

a. Locus MFW3

Neuf allèles ont été détectés au niveau de ce locus avec une classe de taille allant de 131 à 166 paires de base. Leur fréquence varie de 1 à 70%. L'allèle 146 est rare avec une fréquence minimale de 1% contrairement à l'allèle 158 qui se retrouve avec un maximum de 70%.

Pour le présent locus, l'allèle 131 appartient uniquement à la population VAL, 162 spécifique à VAP et 142 et 166 ne se retrouvent que dans la population VMI. Par contre, trois allèles à savoir 152, 156 et 158 ont été recensés appartenant à l'ensemble des trois populations.

Avec deux allèles de plus pour VMI, elle est de loin la plus variable par rapport aux deux autres dèmes qui n'ont que cinq allèles. Le graphe ci-après montre la distribution des fréquences alléliques à travers les trois populations :

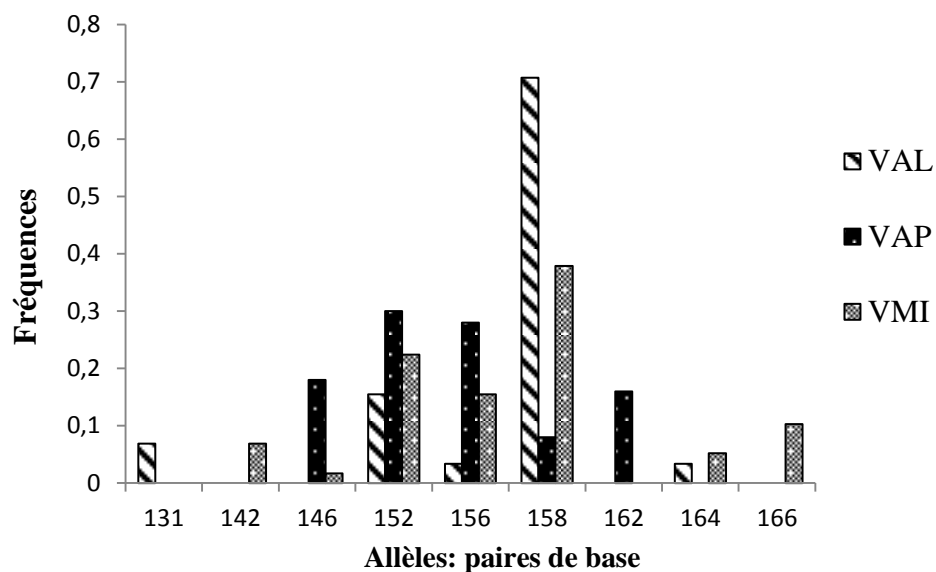


Figure 8: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW3 pour chaque population

b. Locus MFW7

Au total, ce locus présente huit allèles avec un panel de taille comprise entre 131 et 281 paires de bases. Les fréquences alléliques varient de 1 à 48% en considérant les trois populations. Deux pics alléliques correspondant aux allèles 231 et 273 ont été observés avec une fréquence supérieure ou égale à 45%. Par contre, seul l'allèle 131 montre une minimale de 1%.

En analysant les trois populations, trois allèles leurs sont communes à savoir 191, 231 et 273. Les allèles 131 et 281 appartiennent uniquement à la population VMI tandis que pour VAP, elle est caractérisée par 221 et 257.

Pour le présent locus, la population VMI présentant six allèles est le plus variable contrairement à VAL qui n'en détient que quatre. L'histogramme ci-après résume les détails des fréquences alléliques :

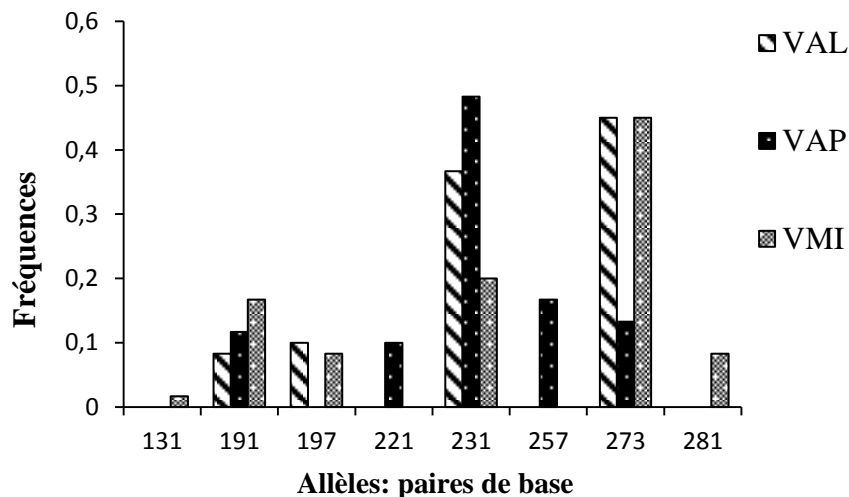


Figure 9: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW7 pour chaque population

c. Locus MFW9

Pour les trois populations regroupées, ce locus renferme cinq allèles dont la taille va de 86 à 136 paires de base. Leur fréquence se range dans une fourchette de 2 à 48% dont le pic est attribué à l'allèle 122 et la valeur basse à l'allèle 90. La population VAP se différencie par la présence exclusive de l'allèle 86. Par ailleurs, les trois populations ont en commun les allèles 90 et 132.

En se référant à l'histogramme, la population VAP détenant cinq allèles a plus de variabilité génétique que VAL qui n'a que deux allèles. Les détails des fréquences alléliques sont donnés dans le graphe suivant :

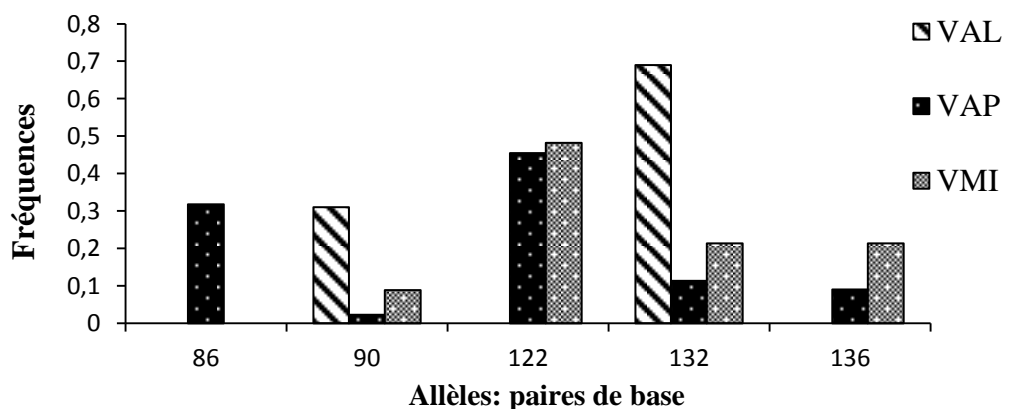


Figure 10: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW9 pour chaque population

d. Locus MFW11

Au total, six allèles sont assignés à ce locus en considérant les trois populations. Les tailles, quant à elle, se rangent dans un intervalle de 199 à 223 paires de base. La fréquence

allélique affiche une minimale de 1% pour les allèles 223 et 203 et atteint un maximum de 60% pour l'allèle 205. Les trois populations ont trois allèles en commun à savoir 199, 201 et 205.

Avec cinq allèles sur six, VMI représente un niveau de polymorphisme élevé par rapport aux deux autres pour le locus MFW11. L'histogramme ci-dessous résume les fréquences alléliques pour l'ensemble des populations :

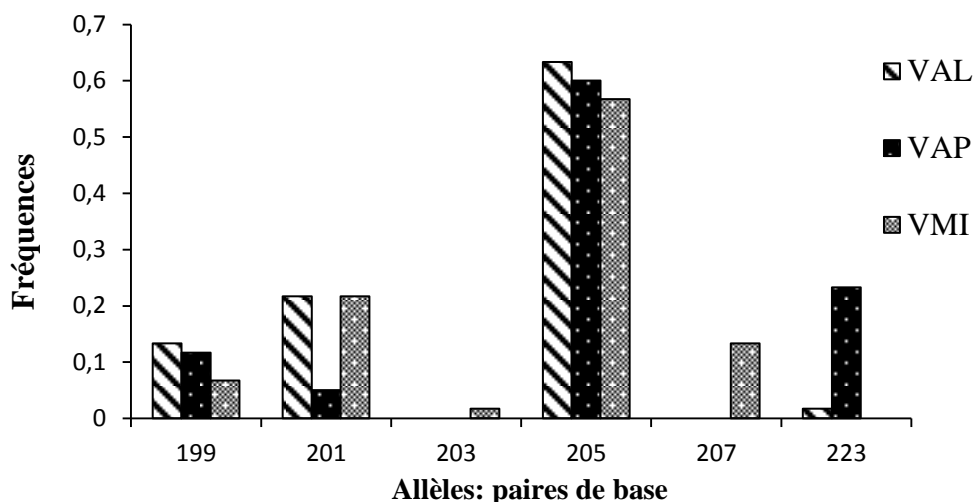


Figure 11: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW11 pour chaque population

e. Locus MFW12

Parmi les sept locus étudiés, MFW12 possède le plus petit nombre d'allèles. En effet, seulement trois variantes ont été observées dont la taille est comprise entre 128 à 138 paires de base. Les fréquences alléliques se retrouvent dans un intervalle de 4 à 96% correspondant respectivement aux allèles 138 et 128. Ce dernier est le seul à être omniprésent dans les trois populations alors que VAP se démarque par la présence de l'allèle 132.

Pour ce locus, le degré de polymorphisme des trois populations est le même puisqu'elles ne détiennent que deux allèles chacune. L'histogramme ci-après montre la répartition des fréquences alléliques à travers les trois populations :

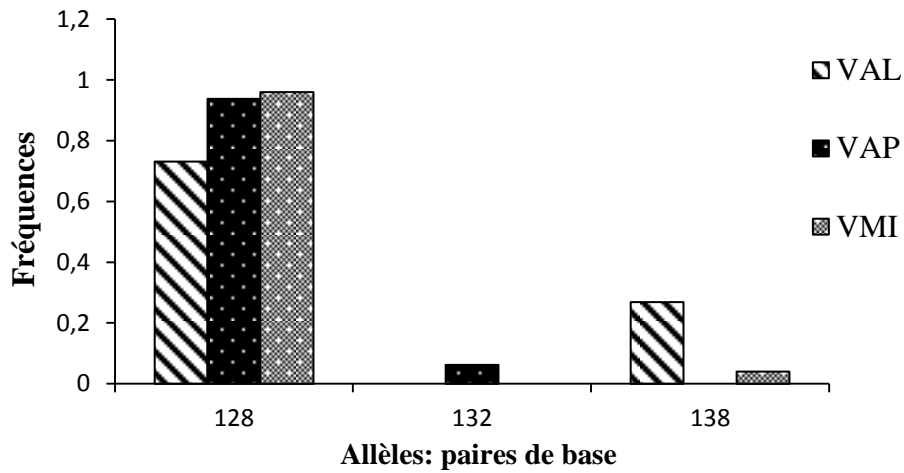


Figure 12: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW12 pour chaque population

f. Locus MFW16

Neuf allèles ont été détectés au niveau de ce locus avec une classe de taille allant de 117 à 470 paires de base. Leur fréquence varie de 1 à 81%. Les allèles 137, 153 et 157 sont rares avec une fréquence minimale de 1% contrairement à l'allèle 163 qui se retrouve fréquemment avec un maximum de 81%.

Pour le présent locus, les allèles 117 et 171 appartiennent uniquement à la population VAL, 137 et 470 sont spécifiques à VAP et 157 ne se retrouve que dans la population VMI. Par contre, trois allèles à savoir 129, 163 et 450 ont été recensés appartenant à l'ensemble des trois populations.

Avec un allèle de plus pour VAP, elle est la plus variable par rapport aux deux autres structures qui n'ont que cinq allèles. Le graphe ci-après montre la distribution des fréquences alléliques à travers les trois populations :

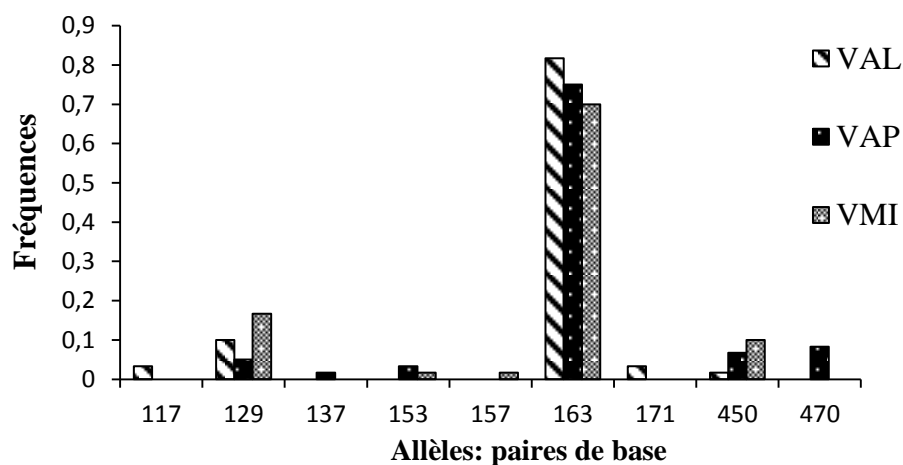


Figure 13: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW16 pour chaque population

g. Locus MFW29

Pour l'ensemble des trois populations, ce locus renferme six allèles dont la taille varie de 162 à 184 paires de base. Leur fréquence se range dans une fourchette de 1 à 83% correspondant respectivement aux allèles 168 et 176. La population VAP se différencie par la présence exclusive de l'allèle 184 tandis que 168 et 170 sont spécifiques à la population VMI. Par ailleurs, les trois populations ont en commun les allèles 172 et 176.

En se référant à l'histogramme, la population VMI détenant cinq allèles est plus polymorphe que VAL et VAP qui n'ont que trois allèles. Les détails des fréquences alléliques sont donnés dans le graphe suivant :

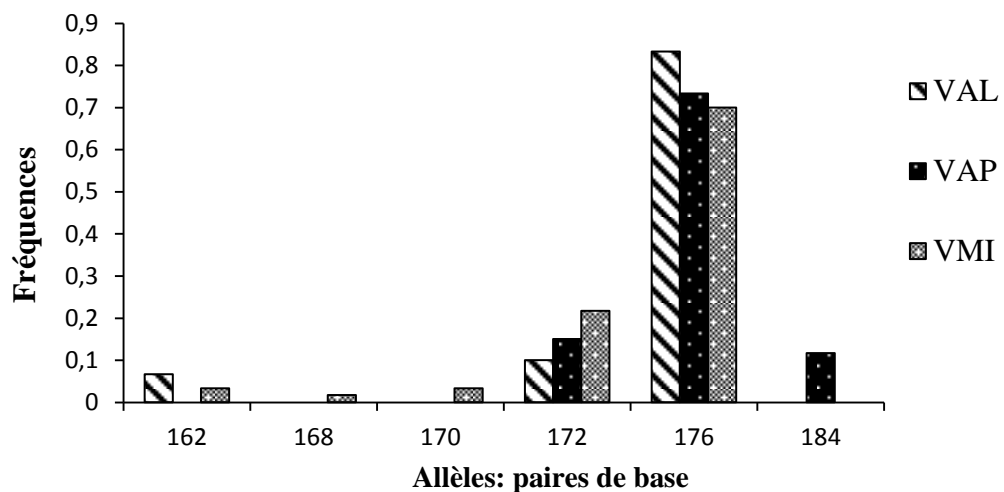


Figure 14: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW29 pour chaque population

h. Locus MFW40

Au total, ce locus détient 8 allèles avec un panel de taille comprise entre 166 à 218 paires de bases. Les fréquences alléliques varient de 1 à 68% en considérant les trois populations. Le pic allélique de 68% correspond à l'allèle 206. Par contre, les allèles 204 et 218 montrent une minimale de 1%.

En analysant les trois populations, trois allèles leurs sont communes à savoir 184, 206 et 214. Les allèles 196, 210 et 218 appartiennent uniquement à la population VAP tandis que VAL est caractérisé par l'allèle 204.

Pour ce locus, la population VAP présentant six allèles est la plus variable contrairement à VMI qui n'en possède que quatre. L'histogramme ci-après résume les détails des fréquences alléliques :

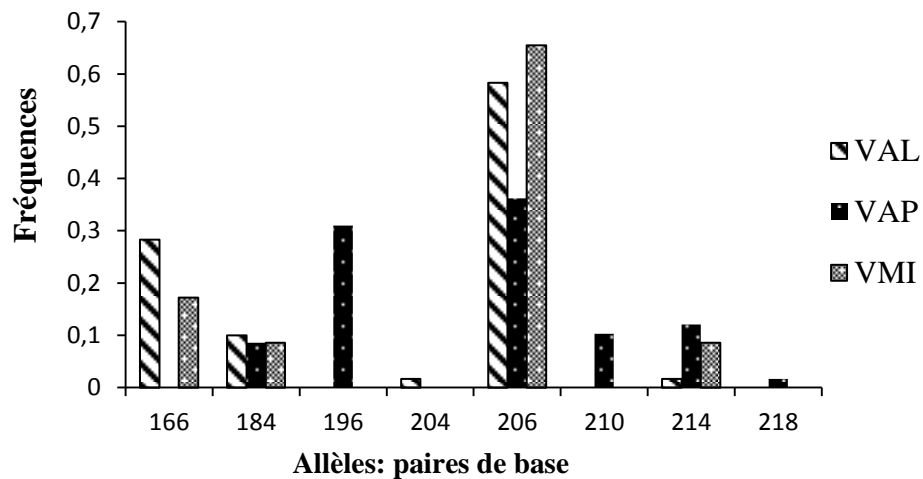


Figure 15: Histogramme des fréquences alléliques du locus MFW40 pour chaque population

III.4.2. Expression de la diversité génétique au niveau interpopulation

III.4.2.1. Distance génétique entre les populations

Le calcul de divergence génétique entre les populations suivant le modèle proposé par Cavalli-Sforza et Edwards (1967) a permis d'établir une matrice de distance (ANNEXE XIV, page VIII). La population VAP se détache et se trouve être la plus éloignée par rapport aux deux autres populations. En corollaire, VMI et VAL sont les plus proches sur la figure. L'arbre phénétique indiquant la distance entre les trois populations est illustré par la figure suivante :

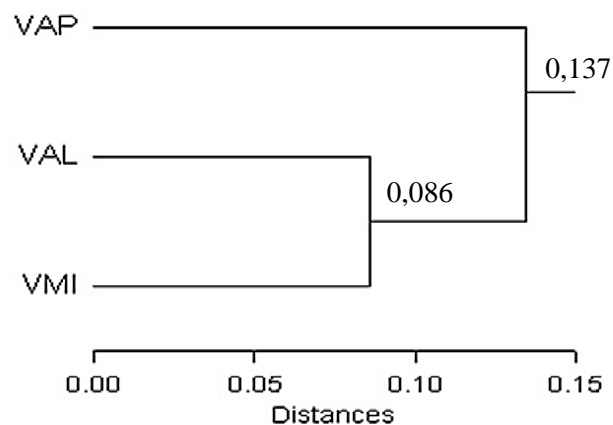


Figure 16: Dendrogramme de classification hiérarchique des trois populations suivant leur distance génétique

III.4.2.2. Analyse Factorielle des Correspondances (AFC)

Dans cette approche génétique, une population se démarque significativement des autres, il s'agit de la population VAP (bleue). Les individus au sein de ce groupe forment un ensemble

plus ou moins hétérogène. Cette disparité pourrait être attribuée à la possibilité que ces groupes d'individus ne proviennent pas à la base d'une seule population d'origine. Cette hypothèse sera reprise en détail dans la partie discussion. Par contre, les deux autres populations : VAL (jaune) et VMI (blanc) se superposent partiellement de par leur similarité génotypique. VAL forme un groupe relativement homogène qui se reflète par des agrégations inter-individuelles. Par contre, VMI quant à elle, constitue un ensemble plus au moins épars.

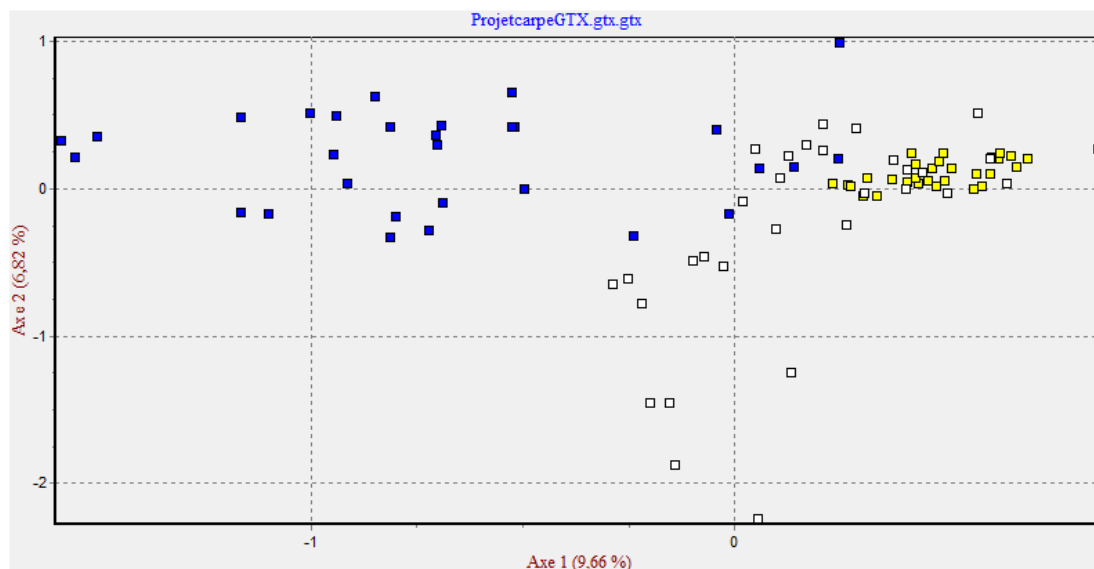
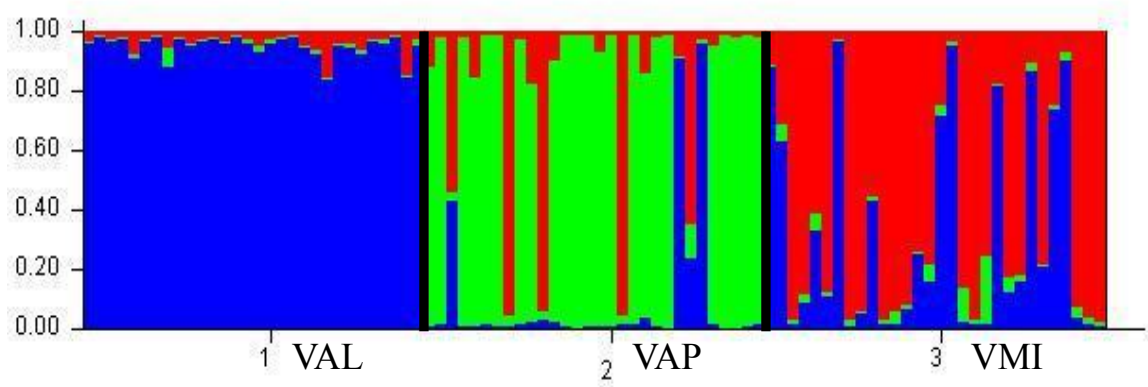


Figure 17: Représentation des populations de carpe selon les deux premiers axes canoniques de l'AFC avec VAL en jaune, VAP en bleue et VMI en blanc

III.4.2.3. Structure de la population

La tentative d'assignation des individus à des groupes suivant leurs données génotypiques a montré qu'il existe bel et bien trois sous-structures bien distinctes. Ces analyses intra-populations montrent une certaine hétérogénéité au sein de la population VMI qui se traduit par un recoupement avec la population VAL. La similarité génotypique observée au niveau de VMI avec VAL suggère que les deux dèmes ont une relative proximité découlant d'une ascendance commune ou d'un mélange récent. Ces résultats sont cohérents avec ceux obtenus par l'analyse factorielle de correspondance. En ce qui concerne la population VAP, une ressemblance avec la population VMI est notée pour certains individus. En effet, l'assignation des individus tend à montrer des génotypes d'origine ancestrale mixtes notamment pour les deux populations. Seule la population VAL demeure plus ou moins homogène avec une très faible contribution des deux autres populations. La figure suivante illustre le regroupement des individus issus des trois populations dans des sous-structures ou « clusters » suivant la similarité de leurs données génotypiques.



K=3 ; Cluster 1 = bleu, cluster 2 = vert et cluster 3 = rouge

Figure 18 : Assignment des individus à des clusters. Chaque individu est représenté par une barre verticale composée de K segments de couleurs différentes dont la longueur représente la probabilité relative d'appartenir aux clusters K.

IV. DISCUSSION

IV.1. Limite de l'étude

Concernant l'étude de l'habitat, les espèces végétales du lac ont été recensées visuellement parce qu'il n'a pas été possible de circuler le long du lac pour des raisons de sécurité. Aussi, des méthodes plus scientifiques comme la mise en place d'un quadrat n'ont pas pu être faites.

Pour le cas des paramètres physico-chimiques, plusieurs données sont manquantes dans certaines stations. Ceci est attribué au fait que les bassins sont déjà mis à sec par les propriétaires lors de la mission.

Pour l'étude biométrique, l'effectif faible de la population provenant du PPA a été un réel handicap pour cette étude. En effet, cela n'a pas permis d'utiliser des tests statistiques sur les données biométriques.

L'utilisation du seuil de Fulton caractéristique des truites dans cette étude pourrait également induire en erreur dans l'interprétation des conditions d'alimentation de la carpe.

Pour la partie génétique, une seule population par type de gestion et de pratique génétique a été étudiée. Cette région abrite quatre lacs et 30 PPA mais aussi 150 PI qui sont plus ou moins différents les uns des autres. Cette étude ne peut donc pas être considérée comme représentative de la région Vakinkaratra.

IV.2. Paramètres physico-chimiques

Les valeurs de pH enregistrées au niveau des stations d'étude sont toutes alcalines variant de 7,6 à 8,14 (ANNEXE V, page IV). Ces valeurs se trouvent encore dans la gamme acceptable parce que les pH les plus favorables pour la pisciculture d'étang sont compris entre 6 et 9 (Billard, 1995).

La température en surface, quant à elle, se trouve dans une fourchette de 18,4 à 38°C. Cette disparité est due aux différentes heures de prise de paramètre qui s'échelonnent sur toute la longueur de la journée (ANNEXE V, page IV). La croissance optimale des cyprinidés se situe dans une gamme allant de 20° à 30°C (Billard, 1995). La valeur extrême 38°C enregistrée au niveau du PPA n'est pas bonne pour une productivité piscicole. Ceci pourrait résulter d'un phénomène de stratification thermique. D'après Billard (1995), dans les étangs, le réchauffement s'effectue au niveau de la surface et des phénomènes de stratifications thermiques peuvent s'établir : soit durant la succession jour-nuit, surtout en étangs peu profonds et région tropicale, soit durant de plus longues périodes en été. Ainsi, des températures considérées comme létales

pour de nombreuses espèces, peuvent apparaître en surface mais la carpe étant un poisson de fond, trouve en zone profonde des températures auxquelles elle pourra survivre.

La turbidité est due à la présence de particules en suspension dans l'eau : plancton, matières organiques mortes ou matières minérales (Billard, 1995). La station « a » est très turbide avec une valeur atteignant 266 NTU. La valeur optimale pour les poissons d'eaux douces est de 25 NTU (Web réf. 2). Toutefois des études sur des poissons d'eaux douces dans la région d'Auckland ont montré que les poissons ne meurent qu'à une valeur de la turbidité supérieure à 10 000 NTU (Rowe & *al.*, 2002).

Le taux d'oxygène dissous influe sur la faune ichthyque. La zone optimale pour l'élevage se situe au-delà de 5mg/l. Néanmoins, le poisson peut survivre avec un taux entre 1 et 5mg/l en exposition permanente (Billard, 1995). Les valeurs d'oxygène dissous enregistrées au niveau des stations d'étude rentrent dans cette fourchette et ne semblent pas encore menacer la survie des poissons.

L'azote ammoniacal, sous sa forme non ionisée NH_3 , est très toxique, en passant dans le sang au niveau des branchies et témoigne d'une augmentation en déchets azotés importante (Marcel, 1995). Les valeurs notées étant supérieures à 0, cette situation semble être en relation avec l'alcalinité du pH dans les différentes stations. En effet, toujours d'après Marcel (1991), NH_3 augmente avec une élévation de la température et du pH. Quant aux éléments nitrites (NO_2), la valeur optimale se situe entre 0,05 à 0,2mg/l (Marcel, 1991) mais elle est plus toxique dans les eaux de faible alcalinité (Billard, 1995). Alors pour les stations d'étude, le niveau de nitrite est encore dans la limite de l'acceptable avec 0,25mg/l. Les dégâts irrémédiables n'apparaissent que quand la concentration dépasse 0,5mg (Web réf. 3).

IV.3. Analyse biométrique

Même si le test de différence globale entre mâles et femelles des données métriques et pondérales ne révèle aucune différence significative entre les deux sexes, les données descriptives montrent que les femelles présentent une plus large variété de la taille et du poids par rapport aux mâles (ANNEXE VI, page V). A cet effet, les études de Hollebecq et Haffray (1994) ont montré qu'au niveau de la croissance entre mâles et femelles, il existe une différence notable. Les mâles âgés d'un an pèsent entre 500 à 600 g tandis que les femelles de 18 à 24 mois peuvent déjà atteindre 1,5 à 2 kg. Ceci est, en grande partie, dû à une maturité sexuelle plus tardive pour les femelles par rapport à celle des mâles. En effet, les mâles atteignent la maturité sexuelle dès l'âge d'un an entraînant une altération plus ou moins précoce des performances de croissance.

Les résultats de croissance supportent l'évidence que la carpe en milieu naturel se développe plus rapidement que celle en milieu d'élevage. Les analyses du facteur de Fulton

renforcent ce fait. Il semble que la nourriture est abondante et que les carpes se trouvent en de plus meilleures conditions environnementales en milieu naturel qu'en milieu d'élevage. Comparés aux résultats de Kohinoor & *al.* (2002), la pisciculture au niveau du PPA ne semble pas suivre les normes d'élevage. D'après leur étude, les carpes domestiquées, qui sont génétiquement améliorées (Balon, 2004), deviennent intéressantes ces dernières années en raison de leur croissance rapide en comparaison avec celles qui vivent à l'état sauvage. L'élevage est fait soit pour l'autosuffisance alimentaire soit à des fins commerciales. Dans les deux cas, la clé de la réussite réside en la capacité des espèces à avoir une croissance rapide. L'éleveur mettra alors tout en œuvre (sélection, apports de nourritures, contrôle des paramètres intrinsèques et extrinsèques pouvant influencer sur la croissance) pour avoir un bon rendement. Ce qui ne semble pas être le cas au cours de cette étude. Les carpes au niveau du PPA semblent ne pas avoir été soumises à un régime alimentaire adéquat et à un suivi régulier (Tableau 2, page 32). En outre, les bassins d'élevage de petite taille pourraient favoriser les interactions compétitives surtout au niveau de ceux où l'espèce cohabite avec d'autres taxa (Stations C et D). En plus, les étangs d'études ne sont pas traités avec des fertilisants (Tableau 2, page 32). De très nombreuses observations et expériences ont démontré que l'apport de fertilisants entraîne une augmentation de la productivité des étangs, qui intéresse tous les niveaux trophiques (Billard, 1995). La croissance est essentiellement liée à la productivité de l'étang (Vandeputte, 2009). Elle est également positivement corrélée avec l'abondance des aliments naturels (zooplanctons et phytoplanctons) issus de la fertilisation (Saleem, 1985 ; Rashid, 1985). Seuls les individus juvéniles ont été nourris pendant la première année de leur croissance, même si c'est de façon irrégulière, par apport de riz cuit, des restes alimentaires, ce qui se reflète au niveau des résultats montrant que durant les premières années des carpillons, la croissance en milieu d'élevage est légèrement supérieure à celle en milieu naturel (ANNEXE XI, page VII). Les valeurs du facteur de condition élevées observées sont probablement dues à une grande disponibilité de nourritures en milieu naturel. Une augmentation de la production primaire (Koutrakis & *al.*, 2003) pourrait en être l'origine. La compétition interspécifique pourrait également être minime. En effet, la carpe a une grande capacité de s'alimenter à différents niveaux trophiques : végétaux supérieurs, phytoplancton, zooplancton, zoobenthos et bactéries fixées et même d'autres poissons (Billard, 1995). La nourriture devrait donc abonder parce que tous les niveaux trophiques sont accessibles. En plus d'après la composition ichtyque du lac, les poissons carnassiers, à savoir *Micropterus salmoides* et *Chana maculata*, sont représentés par une faible proportion avec, respectivement, 4% et 1% minimisant ainsi l'effet de prédation (Figure 5, page 27). L'absence de stress engendré par la prédation pourrait avoir un effet positif sur le bien-être de l'animal.

Un autre point à souligner est la valeur de K de la première descente qui est supérieure à celle de la deuxième, au niveau de la population d'élevage (Tableau 1, page 32). D'après Le

Cren (1951), les fluctuations de K pourraient être attribuées au cycle reproductif du poisson. En effet, août-septembre correspond à une phase de pré-reproduction chez les éleveurs durant laquelle les poissons conditionnent leur corps en accumulant des réserves pour se préparer à la reproduction (Koutrakis & *al.*, 2003). En plus, de par les enquêtes, les carpes mises en reproduction étaient nourries du mois de juin au mois d'août, peu avant la période d'échantillonnage expliquant ainsi la valeur du facteur de condition élevé (Tableau 2, page 32). En outre, au niveau de la population naturelle, une augmentation des valeurs du coefficient de Fulton a été notée entre les deux descentes (Tableau 1, page 32). Cette situation témoigne d'une légère amélioration des conditions physiques de l'animal. En milieu naturel, août-septembre coïncide à la fin de la saison sèche avec une température moyenne de 15,6°C (Voir ANNEXE II, page II). La nourriture et le milieu pourrait ne pas encore être bien favorables pour assurer le développement de l'animal. En effet, en dessous de 15°C, les carpes s'alimentent peu (Ranson, 2003). Par contre, le mois de mars (saison humide) pourrait correspondre à l'abondance de nourriture ainsi qu'à une température élevée par rapport à la première mission (20,2°C) (Voir ANNEXE I, page I), propices au développement de la carpe.

IV.4. Niveau de variabilité et structure génotypique des trois populations.

Plusieurs locus présentent un écart par rapport aux proportions attendues sous l'hypothèse de conformité à la loi de Hardy-Weinberg. Ces écarts peuvent avoir plusieurs origines. Une première hypothèse avancée dans le cas des génotypages avec marqueurs microsatellites est la présence d'allèles nuls couplée à d'éventuels artéfacts de lecture de gels. Une analyse préliminaire de la qualité des données brutes a conduit à privilégier ce cas pour le locus MFW3. Lorsque ce locus est retiré de l'analyse, les deux populations VAL et VMI sont à l'équilibre tandis que la population VAP conserve un déficit fortement significatif. Il ne peut être exclu que le locus MFW9 soit aussi dans ce cas. Lorsque ces deux locus sont écartés, les trois populations sont alors à l'équilibre. Si l'hypothèse d'un allèle nul est écartée dans le cas du locus MFW9, l'écart à l'EHW peut refléter soit l'effet d'une sélection, soit un mode de gestion des géniteurs (dans le cas des élevages). S'il s'agit d'un déficit significatif d'hétérozygote, celui-ci reflète probablement un mélange de populations initiales génétiquement différentes : soit par échange de poissons entre écloséries, soit par une utilisation compartimentée du cheptel de géniteurs au sein d'une éclosérie. S'il s'agit d'un excès significatif d'hétérozygotes, cela signifie qu'un faible nombre de géniteurs a été utilisé pour produire la (les) cohorte (s) étudiée (s). Les deux derniers cas peuvent conduire à une reproduction systématique à partir d'un petit nombre de géniteurs de plus en plus apparentés, situation qui risque de déboucher sur des baisses de performances dues à la consanguinité.

Il ne peut pas être exclu que le déficit enregistré au niveau de VAP reflète une utilisation compartimentée de géniteurs au sein d'un cheptel de taille modeste ou un mélange d'origine diverses (Effet Wahlund). En effet, de par les enquêtes avec le producteur, bon nombre de ses géniteurs proviennent de différentes localités. Les premiers géniteurs utilisés ont été fournis par la FAO. Puis après le désengagement de l'état, une autre partie des géniteurs a été ramenée récemment d'Ambatolampy, d'autres de Fianarantsoa et de l'étranger. Ces différents spécimens ayant différentes origines, couplés avec ceux introduits récemment, pourraient éventuellement former des sous-groupes différenciés et qui, reproduits séparément, pourraient créer un effet Wahlund. Dans ce cas-là, la structure non-panmictique sera retrouvée dans la descendance. Quoiqu'il en soit, le risque de consanguinité à plus long terme dans cette éclosérie n'y est pas plus élevé que dans les autres sites puisque cette population présente un taux de variabilité correct par rapport aux deux autres dèmes (Voir A et He, Paragraphe III.4.1.2., page 34). L'utilisation panmictique des géniteurs, en incorporant éventuellement des géniteurs d'autres écloséries, devrait normalement s'accompagner d'un retour à l'équilibre d'Hardy-Weinberg et écarter les risques de consanguinité. A cet égard, il faut noter que la constitution d'une souche synthétique par mélange des populations malgaches actuellement génotypées aboutirait à la constitution d'une souche ayant un nombre moyen d'allèles de 5,01, pour un échantillon de 30 individus (Guyomard, communication personnelle) ; comparé à celui observé actuellement dans les souches VAL et VMI, il s'agit d'une très faible différence.

IV.5. Diversité allélique et taux d'hétérozygotie

Les populations d'élevage VAP et VMI présentent une diversité allélique supérieure à celle de la population naturelle VAL avec respectivement un nombre moyen d'allèle de 4,5 et 4,75 contre 3,75 pour tous les locus. Les résultats obtenus en comparant le nombre moyen d'hétérozygotie observée entre population d'élevage et naturelle concordent à ceux observés avec la diversité allélique. En effet, en se basant sur cette comparaison, VAP et VMI détiennent le plus grand nombre moyen d'hétérozygotes avec respectivement 12,25 et 14,87 contre 11,75 pour VAL. L'explication la plus plausible serait en effet que les populations d'élevage partaient à l'origine d'une population de base suffisamment variable par rapport à celle du milieu naturel.

Pour VAP, le fait que cette population ait diverses origines peut également concourir à augmenter la variabilité et pour VMI, la diversité allélique et hétérozygotique pourrait être le fruit d'un entretien de lignées de génération en génération. En supposant que la population fondatrice est suffisamment variable, les pratiques d'élevage tendaient à préserver cette variabilité de génération en génération. L'analyse factorielle de correspondances illustre de façon marquante cette hypothèse. En effet, VAP et VMI forment des groupes hétérogènes en

comparaison à VAL, les individus sont plus ou moins différenciés entre eux et forment un groupe éparé témoignant de cette variabilité intrapopulation.

Quant à la population VAL, le manque de données disponibles sur le mode de gestion génétique du lac (repeuplement) ne permet pas de déboucher sur d'explication concluante sur la faible variabilité de la population. Toutefois, il faut savoir que le niveau de variabilité de la population finale repeuplée, s'il y a repeuplement, est dépendant de celui de la population introduite couplée avec celui de la population déjà en place. Une baisse ou une hausse de la variabilité sera observée dans la population finale repeuplée selon le taux d'hétérozygotie, la distance génétique relatifs aux deux dèmes (introduite et déjà en place) et la proportion de chacune des deux populations dans la population finale.

IV.6. Distance génétique entre les populations

Les études de génétique des populations suggèrent que la distribution de gènes neutres peut être affectée principalement par la dérive et le flux génique (Nauta & Weissing, 1996). Une autre force indissociable de l'outil moléculaire utilisé est la mutation. Le jeu des forces s'oppose. Le flux génique conduit à une homogénéisation entre populations. A l'inverse, la mutation et la dérive mènent à l'hétérogénéité génétique. La population VAP montre une différenciation plus prononcée par rapport aux deux autres populations. Plusieurs scénarios évolutifs semblent avoir touchés cette population. La dérive génétique qui est une fluctuation stochastique des fréquences alléliques pourraient bien en être la cause vu que la population est une population d'écloserie privée de petite taille. Cette hypothèse n'est pas à exclure pour expliquer cette hétérogénéité. La mutation peut également avoir une forte influence sur la divergence entre populations. Ceci est dû au fort taux mutationnel présent chez les marqueurs microsatellites (Huvet, 1997). Mais l'hypothèse la plus vraisemblable serait le fait que VAP est initialement constituée d'origines diversifiées et « lointaines » géographiquement qui tendraient à l'éloigner des deux autres. Il s'agit d'un effet fondateur éventuellement multiple.

Le positionnement de la population VMI avec la population VAL est observé grâce à l'arbre phénétique. Il soulève plusieurs hypothèses:

- flux génique bidirectionnel (de VAL à VMI et parallèlement de VMI à VAL),
- flux génique unidirectionnel.

La première hypothèse est peu probable parce que les tests d'assignation par STRUCTURE auraient montré une proportion importante d'individus de VMI dans le groupe où est assigné VAL (Figure 18, page 42). Alors que VAL est plus ou moins homogène et ne présente que très peu d'interférence avec les deux autres populations. L'hypothèse soutenue est alors l'existence d'un flux génique unidirectionnel. En se référant toujours aux résultats de STRUCTURE, VMI présente une partie d'individus dont le génome est spécifique à la

population VAL. La question est alors de comprendre comment une telle situation a pu se produire? Le lac Andranobe se trouve à 59 km à vol d'oiseau de l'écloserie informelle. Le fait observé est que plusieurs alevins, futurs géniteurs de VMI, ont été achetés du côté de Betafo. Ce dernier est apparu comme l'un des trois lieux d'apparition de la rizi-pisciculture à Madagascar (Kiener, 1963). Il est connu que des producteurs d'alevins de Betafo se sont procurés des géniteurs dans le lac Andranobe (APDRA, communication personnelle). Ces deux zones font 15 km à vol d'oiseau, cette éventualité semble ainsi plus probante. L'hypothèse émise, quoique non-exclusive, est alors que les alevins achetés du côté de Betafo (VMI) proviennent des descendances de ceux rapportés d'Andranobe (VAL). En effet, parmi les facteurs influençant la distribution des taxons, les activités anthropiques sont connues pour faciliter l'apparition de nouvelles zones de contact (Sinama, 2009). Cependant, les résultats de l'analyse par STRUCTURE montrent qu'une partie de VMI se différencie. Cela s'explique par le fait que cette population est également formée par d'autres géniteurs provenant d'Ankazomirihotra (indirectement de la FAO), de par les enquêtes avec le propriétaire (Tableau 2, page 32).

Les résultats obtenus par STRUCTURE suggèrent également que certains individus de VAP montrent une ressemblance avec VMI. Ce recoupement signifierait que les populations ont partiellement une relative proximité. En effet, que ce soit dans la pisciculture privée ou informelle, certains de leurs géniteurs proviennent des souches de la FAO de façon directe ou indirecte (enquête) et pourrait expliquer cette similarité génotypique. Toutefois, ces résultats ne sont qu'à titre informatifs. En effet, il faudra échantillonner plus de populations pour pouvoir observer d'intéressants regroupements.

CONCLUSION ET RECOMMANDATIONS

Le présent travail a permis d'une part, de donner un aperçu sur l'état génétique des populations de *Cyprinus carpio* dans la région de Vakinankaratra et d'autre part, d'apporter des éléments biologiques pour caractériser chaque population étudiée.

Pour l'analyse de la variabilité génétique, trois populations à savoir VAL, VAP et VMI ont été choisies. En tout, 90 carpes ont été capturées comprenant 45 mâles et 45 femelles. L'analyse des 7 marqueurs microsatellites a indiqué que deux populations (VAL et VMI) sur trois, se trouvent proches de l'équilibre panmictique de Hardy-Weinberg ($p > 0,05$). VAP est la seule à s'écarter significativement des attentes d'EHW. Pour cette dernière, l'hypothèse avancée était la présence de l'effet « Wahlund » puisqu'il y a eu recouvrement, au sein d'une même population apparente, de deux ou plusieurs groupes d'individus issus de différentes origines. Quant à la diversité allélique, celle de VAP et de VMI (nombre moyen d'allèles multilocus = 4,5 et 4,75) est légèrement supérieure à celle de VAL (3,75). Du point de vue distance génétique, deux sous-structures se dessinent en considérant les données comme provenant d'un échantillon unique. D'une part, il y a VAL et VMI qui semblent être les plus proches et d'autre part, VAP qui forme une structure à part. L'hypothèse d'un flux génique unidirectionnel a été soumise pour expliquer l'homogénéité tandis que la présence d'allèles provenant de diverses origines a été abordée pour justifier l'écart.

Deux populations types, à savoir : naturelle, représentée par VAL et d'élevage, illustré par VAP, ont été caractérisées. En somme, l'étude a été faite sur 53 individus de carpes dont 26 issues de VAP et 27 de VAL. Les variations de certains paramètres, longueur standard et poids en fonction de l'âge, ont montré que la population naturelle devance l'autre dème en matière de croissance. Les valeurs du facteur de Fulton intrapopulation ont montré qu'il existe pour VAP une légère diminution entre les deux périodes d'études. Le scénario envisagé était que la première descente coïncidait avec la période de pré-reproduction et que les carpes entraient en phase de grossissement. L'analyse des valeurs de **K** interpopulation concorde avec les résultats de la première étude. En effet, la population naturelle encore une fois présente un léger avantage par rapport à celle du milieu d'élevage. Cette situation soumet à de nombreuses conjonctures. L'idée d'une grande disponibilité alimentaire, la compétition interspécifique minime, la versatilité du régime alimentaire de la carpe en milieu naturel, des lacunes ou défaillance au niveau du suivi des carpes en milieu d'élevage ont tous été mentionnés pour expliquer cette différence.

De par cette étude, quelques mesures correctrices peuvent être appliquées dans le but d'améliorer la gestion génétique et la pratique d'élevage. Les deux populations d'élevage étudiées ont des niveaux de variabilité équivalents et très proches du maximum attendu compte-tenu de la connaissance actuelle sur la variabilité des souches malgaches. Des échanges entre écloséries ne permettraient pas d'accroître de façon notable le niveau de variabilité intra-éclosérie. Ils restent toutefois souhaitables à faible intensité, selon un rythme (un ou deux géniteurs, pas nécessairement à chaque génération, pourrait être plus que suffisant) et un plan d'échange et de reproduction qui restent à définir, pour s'affranchir du risque d'apparition de phénomènes de consanguinité et si cela n'introduit pas de risque sanitaire.

Il est à noter que la population provenant du producteur informel possède un bon niveau de variabilité et ne montre aucun signe de gestion et utilisation anormales du stock de reproducteurs utilisés.

En ce qui concerne la pisciculture privée, la cause de « l'écart à Hardy-Weinberg » restent à élucider. Elle pourrait provenir du mode d'approvisionnement et de gestion des géniteurs mais cet écart ne constitue en aucun cas un problème majeur compte tenu du niveau de variabilité observé. Toutefois, un mélange de population ou de géniteurs seraient souhaitables dans le but de s'affranchir de l'effet Whalund et de rétablir l'équilibre. En outre, vu le potentiel génétique au niveau du producteur privé, les conditions d'alimentation des carpes devraient être suivies et respecter les normes d'élevage pour une bonne productivité piscicole.

Ces résultats sont encore parcellaires et nécessitent la confirmation par l'extension de l'étude à de nouvelles écloséries et populations naturelles et à un plus grand nombre de marqueurs. D'ailleurs, le projet final prévoit l'utilisation d'un nombre double de marqueurs (14) qui permettra d'obtenir une description plus précise des niveaux de variabilité intra et interpopulations

Lors de la reproduction, la sex-ratio :1 femelle pour 3 mâles devrait-être respectée pour perpétuer la variabilité génétique de base de la population fondatrice. Un ré-empoissonnement du lac serait également envisageable dans la mesure où les individus apportent de nouveaux allèles (c'est-à-dire n'ayant pas de liens génétiques avec la population du lac).

En définitive, ce travail n'est qu'un prélude dans la mise en place d'un mode de gestion unifiée des ressources génétiques à l'échelle nationale. Une étude de plus grande ampleur prévoyant le génotypage d'un millier d'individus (provenant d'une vaste aire géographique recouvrant les régions : Analamanga, Itasy, Haute-Matsiatra, Fianarantsoa et Toamasina) avec 14 microsattellites permettra d'affiner et éventuellement de réviser les conclusions émises ici.

LISTE BIBLIOGRAPHIQUE

1. **Abowei, J. F. N. & Davies, A. O., 2009.** Some population parameters of *Clarotes laticeps* (Rupell, 1829) from the freshwater reaches of the Lower River, Niger Delta, Nigeria, *AM. J. Sc. Res.*, 2 : 15-19.
2. **Anonyme, 2009.** Plan de développement écotouristique des lacs d'Andranobe-Est, d'Andranobe-Ouest de Tatamarina et d'Andraikibakely, 60p.
3. **Apdra-Madagascar, 2009.** Formation sélection des géniteurs, 4p.
4. **Arnoult, J. 1959.** *Poisons des eaux douces. Faune de Madagascar*, 10 : 1-169.
5. **Aqualytic, 2007.** Manuel d'utilisation d'un turbidimètre, 46p.
6. **Balon, E. K., 2004.** About the oldest domesticates among fishes. *J. Fish. Biol.*, 65 : 1-27.
7. **Barnham, C. & Baxter, A. 1998.** Condition Factor, K, for Salmonid Fish. *Fish. Notes.*, pp : 1-3pp.
8. **Belkhir, K., Borsa, P., Goudet, J., Chiki, L. & Bonhomme, F. 2000.** *Genetix, logiciel sous windowsTM pour la génétique des populations, version 4.0.1.* University of Montpellier II, Montpellier.
9. **Billard, R. 1995.** *Les carpes: biologie et élevage.* INRA. Paris, 387p.
10. **Bolger, P. T. & Connoly, P. L. 1989.** Selection of suitable indices for measurement and analysis of fish conditions. *J. Fish. Biol.*, 34 : 171-182.
11. **Cavalli-Sforza, L. L. & Edwards, A. W. F. 1967.** Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Amer. J. Hum. Genet.*, 19 : 233-257.
12. **Crooijmans, R. P. M. A., Bierbooms, V. A. F., Komen, J., Van Der Poel, J. J. & Groenen, M. A. M. 1997.** Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Anim. Genet.*, 28 : 129-134.
13. **Estoup, A., Largiadèr, C. R., Perrot, E. & Chourrout, D. 1996.** One-tube rapid DNA extraction for reliable PCR detection of fish polymorphic markers and transgenes. *Mol. Mar. Biol. Biotech.*, 5 : 295-298.
14. **FAO, 2004.** Aquaculture extension in sub-Saharan Africa. *FAO Fish. Circ.*, n°: 1002, Rome. FAO, 55p.
15. **Froese, R. 2006.** Cube law, condition factor and weight-length relationships: history, meta-analysis and recommendations. *J. Appl. Ichthyol.*, 22 : 241-253.
16. **Fulton, T. W. 1904.** The rate of growth of fishes. Twenty-second Annual Report, Part III. *Fish. Board. Scot.*, Edinburgh, pp : 141-241.
17. **Goudet, J. 1995.** FSTAT, version 1.2 : a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.*, 86: 485-486.

18. **Guyomard, R., Launay, A. & Vandeputte, M. 2008.** Analyse de la variabilité et de la structure génétique de populations de carpe commune de Madagascar et du Cameroun. Etude APDRA-F 2007-2008, APDRA-F, Massy, 13 p.
19. **Hamada, H., Petrino, M. G. & Kakunaga, T. 1982.** A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionary diverse eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 79, 6465-9.
20. **Hollebecq, M. G. & Haffray, P. 1994.** L'amélioration génétique de la carpe commune *Cyprinus carpio* L.: état des connaissances. *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, 333 : 93-124.
21. **Huvet, A. 1997.** Différenciation Génétique de deux Huîtres Creuses *Crassostrea gigas* et *Crassostrea angulata*. Mémoire de DEA. Biologie des Populations, Génétique et Eco-Ethologie, 30p.
22. **Kiener, A. 1963.** *Poissons, pêche et pisciculture à Madagascar*. PUBL. 24 VOIRTT. Nogent sur Marne, 244p.
23. **Kirpichnikov, V. S., 1981.** *Genetic bases of fish selection*. Berlin: Springer-Verlag, Berlin, Germany, 410p.
24. **Kirpichnikov, V.S., 1999.** Genetics and breeding of common carp. Revised by Billard, R., Reperant, J., Rio, J., P. and Ward, R. INRA Editions, France, 97p.
25. **Kohinoor, A. H. M., Islam, M. Y., Mia, M. A., Rahman & Hussain, M. G. 2002.** Evaluation of different stocks of Chinese carp in Bangladesh : Design and preliminary results. *Proceedings of a workshop on Genetic Management and Improvement Strategies for Exotics Carp in Asia*, Feb. 12-14, Dhaka, Bangladesh, pp : 59-67.
26. **Koutrakis, E. T., Kokkinakis, A. C., Tsikliras, A. C. & Eleftheriadis, E. A. 2003.** Characteristics of the European Bitterling *Rhodeus merus* (Cyprinidae) in the Rihios River, Greece. *J. Freshw. Ecol.*, Vol. 18, n°4, 615-624.
27. **Le Cren, E. D., 1951.** The length-weight relationship and seasonal cycle in gonad weight and condition in perch (*Perca fluviatilis*). *J. Anim. Ecol.*, 20 : 201-219.
28. **Le Gall, J., 1931.** La scalimétrie et son importance en ichtyologie appliquée. *Rev. Trav. Instit. Pêch. Mar.*, Tome IV, Fasc. 4, 381-395.
29. **Linnaeus, C. 1758.** *Systema naturea per regna tria naturea, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locuss*. Tomus I, Editio decima, reformata. Holmiae. (Laurentii Salvii) : [1-4] : 1-824.
30. **Marcel, J. 1991.** Problème des pH élevés en étang de pisciculture. *Echo-Système*, ITAVI Paris. 17 : 9-10.
31. **Mullis, K. 1990.** Target amplification for DNA analysis by the polymerase chain reaction. *Ann Biol Clin (Paris)*, 48 (8) : 579-82.

32. **Nauta, M. J. & Weissing, F. J. 1996.** Constraints on allele size at microsatellite locus: implications for genetic differentiation. *Genetics*, 143 : 1021-1032.
33. **PRDR Vakinankaratra, 2007.** Programme Régional de Développement Rural de la region Vakinankaratra, 99p.
34. **Pritchard, J. K., Stephens, P. & Donnelly, P., 2000.** Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155 : 945-959.
35. **Ranson, P. S. 2003.** L'alimentation de la carpe (*Cyprinus carpio*) dans son biotope et en élevage. Thèse pour le Doctorat Vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort 119p.
36. **Rashid, R. 1985.** Effect of cowdung manure on the growth of *Catla*. M Sc. Thesis, Deptt. Of Zoology and Fisheries, Univ. of Agri., Faisalabad, 54p.
37. **Rousset, F. 2008.** Genepop'007 : a complete reimplement of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resources*, 8 : 103-106.
38. **Rowe, D. K., Suren, A. M., Martin, M., Smith, J. P. & Williams, E. 2002.** Lethal turbidity levels for common freshwater fish and invertebrates in Auckland streams. *Auck. Reg. Counc.* n° 337. 36p.
39. **Saleem, F. 1985.** Effect of cowdung manure on the growth of *Labeo rohita*. M Sc. Thesis, Deptt. Of Zoology and Fisheries, Univ. of Agri., Faisalabad, 55p.
40. **Sinama, M. 2009.** Utilisation de l'ADN mitochondrial et nucléaire dans la mise en évidence de structure génétique et de dynamique populationnelle chez *Chondrostoma toxostoma toxostoma* et *Chondrostoma nasus nasus* (Cyprinidae). Master en Science de l'environnement terrestre. Biodiversité et Ecologie continentale, Université Paul Cézanne-Aix Marseille III, 36p.
41. **Smith, P. 2007.** Formation herbeuse – formation herbeuse boisée de plateau in *Atlas de la Végétation de Madagascar*. Edts J. Moat & P.Smith. Royal Botanic Gardens, Kew. Richmond, Surrey, UK, pp 36-37.
42. **Tesh, F. W. 1968.** Age and growth in methods for assessment of fish production in freshwaters. W. E. Ricker (Ed.). *Black. Sc. Publ.*, Oxford, pp : 93-123.
43. **Vandeputte, M. 2009.** L'amélioration génétique de la carpe commune (*Cyprinus carpio* L.). *Cah. Agr.* Vol. 18, n° 2-3, 256-261.
44. **Weber, J. L. & May, P. E. 1989.** Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am. J. Hum. Genet.*, 44, 388-396.
45. **Weir, B. S. & Cockerham, C. C. 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.
46. **Wright, S. 1969.** *Evolution and the genetics of populations*. Vol. 2. The theory of gene frequencies. University of Chicago Press, Chicago 520p.

Adresses des sites internet

- (Web réf. 1)** http://www.edu.upmc.fr/sdv/masselot_05001/polymorphisme/microsatellites.html
Université de Pierre et Marie Curie, La Science à Paris (2007).
- (Web réf. 2)** http://www.tarim.gov.tr/Files/en_files/investors/water_quality_criteria.pdf (2005)
- (Web réf. 3)** <http://www.loasis-mag.com/test-nitrite-nitrate-bassin-jardin.htm> Test nitrite/nitrate
(1997)

ANNEXE I : Sites d'étude (a) : lac Andranobe-Est, (b) : Ambohitrimanjato et (c) : Marovano ©2012 Andriambelomanana



(a)

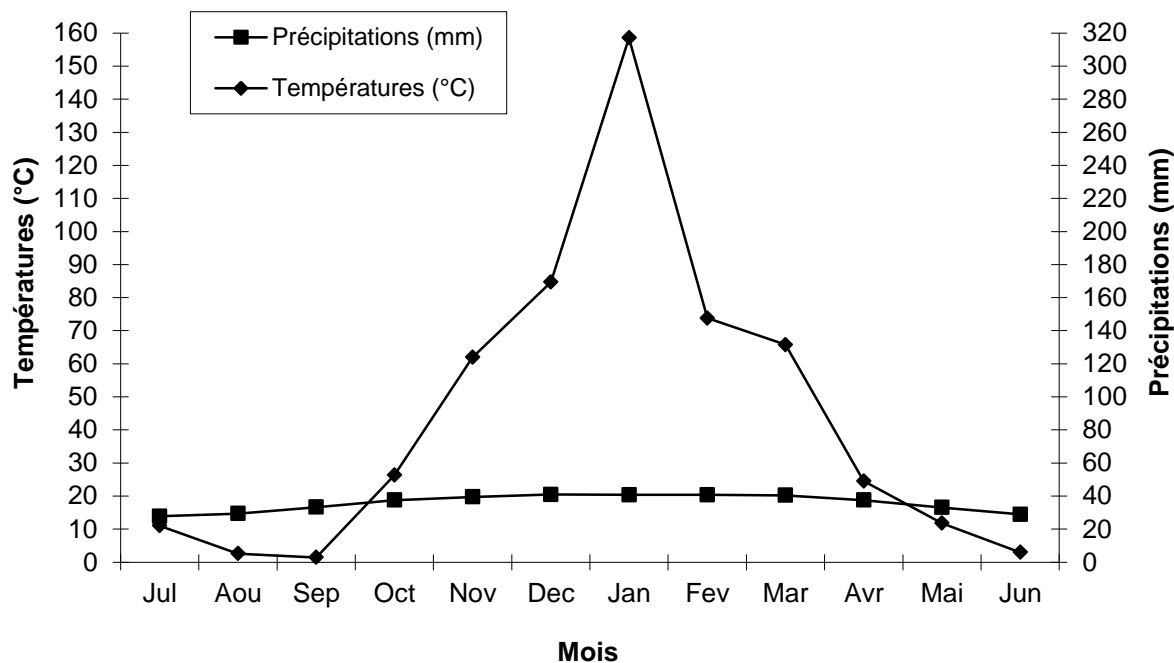


(b)



(c)

ANNEXE II : Courbe ombrothermique de Gaussen dans la région de Vakinankaratra

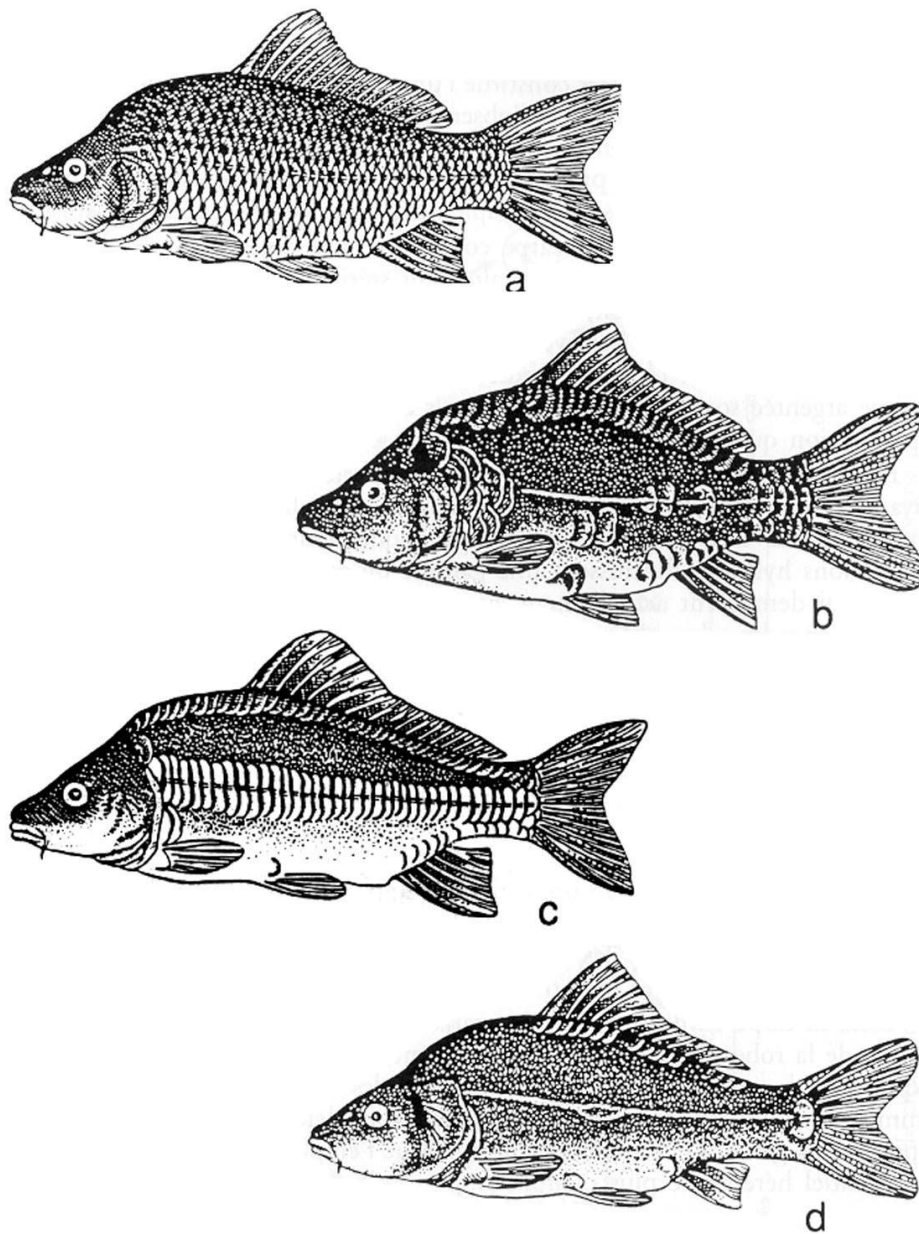


Données climatiques de la région du Vakinankaratra de 2006 à 2010

	Jul	Aou	Sep	Oct	Nov	Dec	Jan	Fev	Mar	Avr	Mai	Jun
Température (°C)	13,88	14,7	16,64	18,79	19,76	20,5	20,38	20,37	20,2	18,8	16,56	14,5
Précipitation (mm)	22,1	5,175	2,88	52,6	123,9	169	317,1	147,6	131,5	49	23,56	6,02

(Source : Direction Nationale de la Météorologie Ampandrianomby, Antananarivo)

ANNEXE III : Variation des écaillures chez *Cyprinus carpio* selon Kirpichnikov (1981)



- (a) SSnn et Ssnn : carpe écaille
- (b) ssnn : carpe miroir
- (c) SSNn and SsNn : écaillage linéaire
- (d) ssNn : carpe cuir ou nue.

ANNEXE IV : Fiche d'enquête sommaire sur la typologie génétique et d'élevage des différentes productions

Date

Village

Commune

	PPA	PI
Gestion génétique	Provenance des géniteurs Sex-ratio durant la reproduction	
Pratique d'élevage	Type d'alimentation Fréquence d'approvisionnement Utilisation de fumier	

ANNEXE V : Récapitulatifs des paramètres physico-chimiques des trois sites d'étude

Sites	Heure de prise de paramètre	Station	pH	Température (°C)	Conductivité (µS)	Turbidité (NTU)	O ₂ dissous (mg/l)	NH ₃ (mg/l)	NO ₂ (mg/l)
Andra-nobe	14h10	-	8,28	18,4	118	10,4	6,03	0,2	0,25
PPA		Station A	-	-	-	-	-	-	-
	11h30	Station B	8,14	20	55	40	4,89	0,2	0
	16h20	Station C	7,76	23,5	60	29	5,21	0	0
	13h30	Station D	7,39	38	156	38	3,36	0	0,25
PI	9h30	Station a	7,63	18,3	41	266	3,49	0,2	0
		Station b	-	-	-	-	-	-	-
		Station c	-	-	-	-	-	-	-
		Station d	-	-	-	-	-	-	-
		Station e	-	-	-	-	-	-	-

ANNEXE VI: Analyse descriptive des données métriques et pondérales

Sexe	Mensurations	Range	Minimum	Maximum	Moyenne \pm Ecart-type (N)
Femelles	LT (cm)	40,25	23,97	64,22	38,4827 \pm 11,03 (44)
	LS (cm)	36,1	18,9	55	31,548 \pm 9,45 (44)
	HM (cm)	13,1	5,9	19	9,902 \pm 3,09 (44)
	TRC (cm)	20,37	8,37	28,74	15,4209 \pm 5,36 (44)
	Hm (cm)	7,5	2,18	9,68	3,9311 \pm 1,35 (44)
	Pds (g)	4595	180	4775	1082,33 \pm 1020,02 (44)
Mâles	LT (cm)	30,24	19,27	49,51	34,8413 \pm 10,17 (45)
	LS (cm)	27	15,6	42,6	28,39 \pm 8,87 (45)
	HM (cm)	8,87	4,92	13,79	9,0551 \pm 2,53 (45)
	TRC (cm)	14,85	6,59	21,44	13,6158 \pm 4,83 (45)
	Hm (cm)	3,44	1,85	5,29	3,5049 \pm 1,07 (45)
	Pds (g)	1700	125	1825	764,97 \pm 557,38 (45)

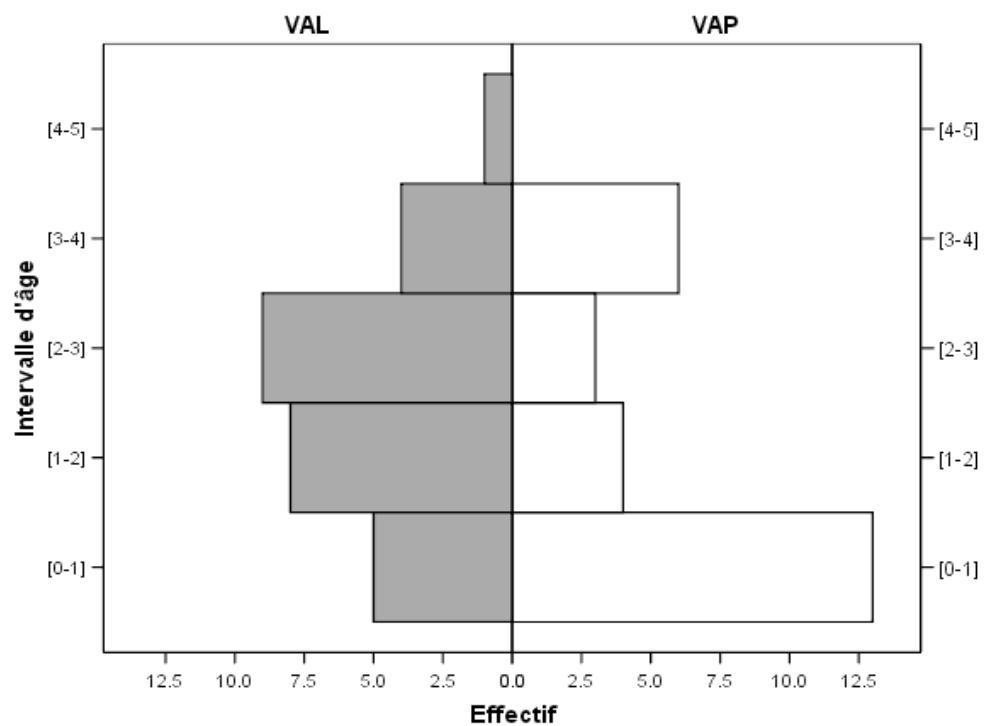
ANNEXE VII : Test de différence globale des données métriques entre mâles et femelles des trois populations assemblées

		F	Sig.	t	ddl	Sig. (2-tailed)
LT	Différence significative des variances	0,002	0,968	1,619	87	0,109
	Différence non-significative des variances			1,617	86,081	0,109
LS	Différence significative des variances	0,090	0,765	1,626	87	0,108
	Différence non-significative des variances			1,625	86,362	0,108
TRC	Différence significative des variances	0,142	0,707	1,668	87	0,099
	Différence non-significative des variances			1,666	85,622	0,099
HM	Différence significative des variances	0,138	0,711	1,412	87	0,161
	Différence non-significative des variances			1,409	82,952	0,162
Hm	Différence significative des variances	0,059	0,809	1,647	87	0,103
	Différence non-significative des variances			1,643	82,093	0,104

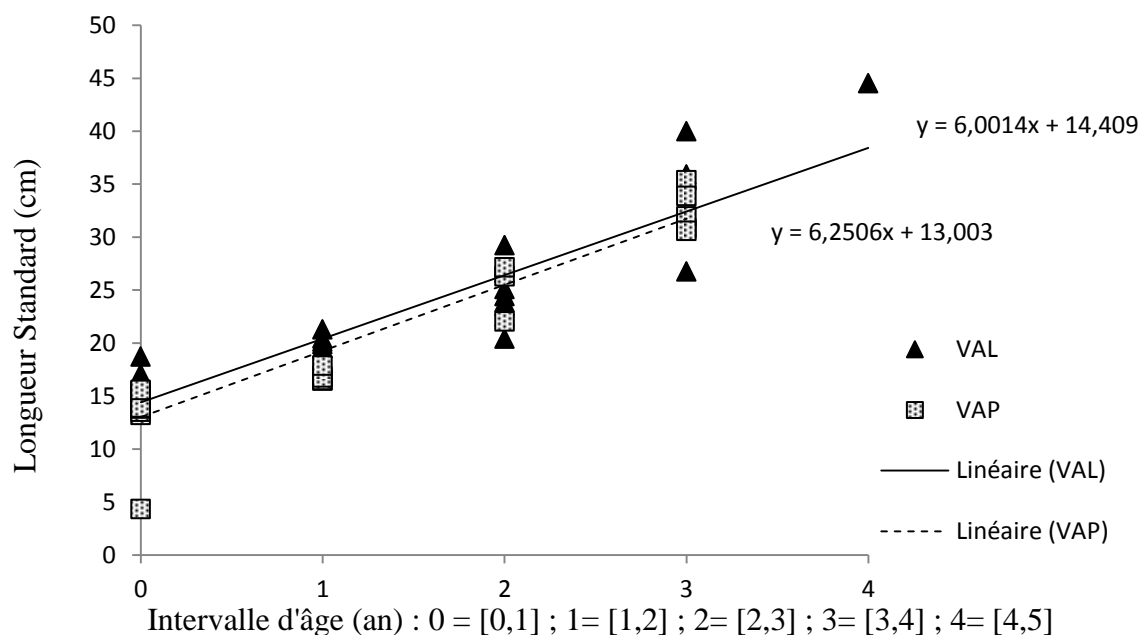
ANNEXE VIII : Test de différence globale des données pondérales entre mâles et femelles des trois populations assemblées

	Poids
Mann-Whitney U	832,5
Wilcoxon W	1867,5
Z	-1,293
p	0,196

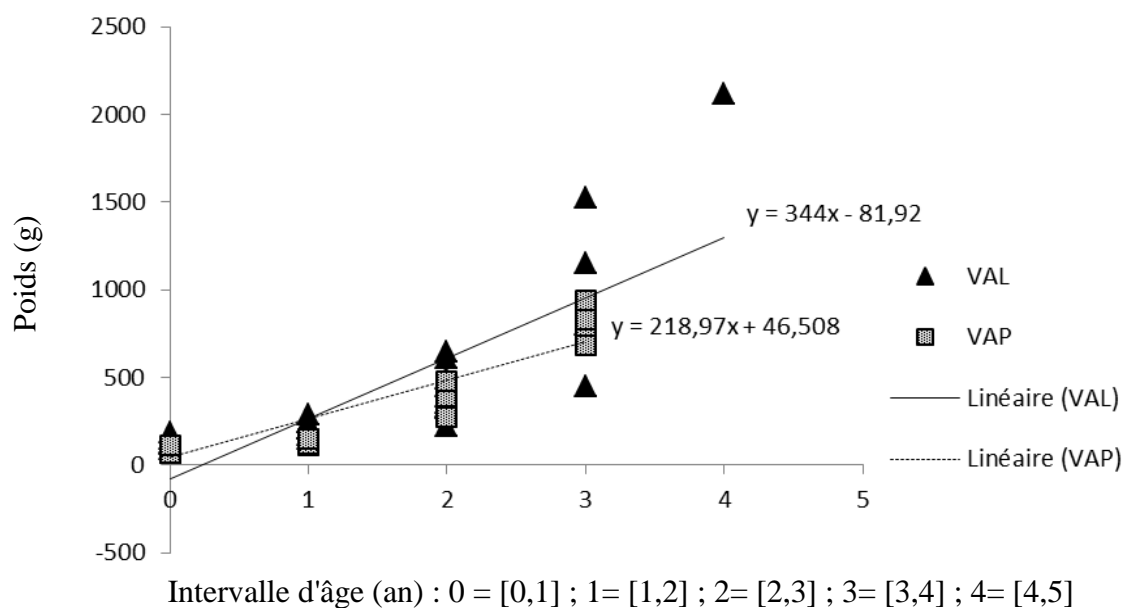
ANNEXE IX: Répartition des individus par classe d'âge



ANNEXE X: Variation de la longueur standard (LS) en fonction de l'âge dans les deux populations



ANNEXE XI: Variation du poids en fonction de l'âge dans les deux populations



ANNEXE XII : Valeurs des probabilités pour le test d'écart d'EHW par locus et par population

Locus	Total	p-value VAL	p-value VAP	p-value VMI
MFW3	0.0000	0.2359	0.0000	0.0055
MFW7	0.2618	0.1558	0.6091	0.3283
MFW9	0.0000	0.0072	0.0000	0.0001
MFW11	0.7400	0.2286	0.9834	0.6190
MFW12	0.0061	0.0440	0.0638	1.0000
MFW16	0.8255	0.6655	0.9159	0.7087
MFW29	0.9260	1.0000	0.5851	1.0000
MFW40	0.0680	0.8356	0.0006	0.9588
P-value Total		0.0715	0.0000	0.0291

ANNEXE XIII: Valeurs des probabilités pour le test d'écart d'EHW par population sans les deux marqueurs MFW3 et MFW9

Locus	P-value total VAL	P-value total VAP	p-value total VMI
Sans MFW3 et MFW9	0.15	0.20	0.98

ANNEXE XIV: Matrice de distance génétique entre les trois populations obtenue à partir des méthodes de calcul de Cavalli-Sforza et Edwards (1967)

	VAL	VAP	VMI
VAL	0		
VAP	0.191	0	
VMI	0.086	0.137	0

Titre : Etude biométrique et génétique de trois populations de *Cyprinus carpio* (Linnaeus, 1758) dans la région de Vakinankaratra-Madagascar.

RESUME

Les variations au niveau de huit locus microsatellites de l'ADN de la carpe commune « *Cyprinus carpio* » ont été étudiées pour déterminer la diversité génétique au sein de trois populations, dont une naturelle (VAL, n = 30) et deux autres vivants en élevage (VAP, n = 30 et VMI, n = 30) dans la région de Vakinankaratra. Les relations mettant en jeu la taille, le poids et l'âge combinées avec les coefficients de Fulton de 27 spécimens provenant de VAL et 26 autres de VAP ont aussi été suivies durant les mois d'août et septembre 2011 et le mois de mars 2012. La comparaison des deux types de populations, sauvage et domestiquée, suivant les relations entre la taille et les poids combinés avec l'âge indiquent que les spécimens vivant en captivité ont un taux de croissance relativement faible, comparés aux individus sauvages. En parallèle, l'analyse des coefficients de Fulton K révèlent que les carpes se trouvent en meilleures conditions en milieu naturel qu'en captivité. L'analyse multilocus des marqueurs microsatellites a permis de définir une richesse allélique moyenne allant de 3,75 à 4,75 pour l'ensemble des trois dèmes. La population sauvage montre une plus faible diversité allélique comparée à celles vivant en captivité. Seule VAP dévie de l'équilibre de Hardy-Weinberg ($p < 0,05$) et cet écart pourrait être dû à l'effet « Wahlund ». L'analyse des différenciations génétiques, en se basant sur la distance de Cavalli-Sforza et Edwards (1967), révèle une grande distance entre VAP et VAL contrairement à VAL et VMI qui démontrent des liens génétiques forts. Toutefois, ces résultats restent encore parcellaires et nécessitent d'être confirmés par l'extension de l'étude à de nouvelles éclosures et populations naturelles et à un plus grand nombre de marqueurs.

Mots clés : *Cyprinus carpio*, population, caractérisation génétique, microsatellites, croissance, bien-être, coefficient de Fulton, Vakinankaratra, Madagascar.

ABSTRACT

Variation in eight microsatellites DNA loci was assessed to determine the genetic diversity of one wild (VAL, n = 30) and two domesticated populations (VAP, n = 30 and VMI, n = 30) of common carp "*Cyprinus carpio*" in Vakinankaratra. Then, relationship between basic morphometric measurements and growth pattern combined with Fulton coefficient from VAL (n = 27) and VAP (n = 26) populations was also investigated from August till September 2011 and in March 2012. A trend line graph is applied to compare standard length and weight variation with age combined with comparison of Fulton coefficient: K factor between wild (VAL) and domesticated (VAP) common carps. Results indicate declining growth condition within the domesticated population in comparison to the wild one and common carps seem to have a better life condition in wild habitat than in fish farms. Genetic results show that the average allelic richness across all locus in the analyzed population rose from 3,75 to 4,75. Feral varieties display less genetic diversity than the domesticated one in terms of allelic diversity. Significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium is observed for only one population: VAP ($p < 0, 05$) which is hypothetically attributed to "Wahlund effect". Genetic differentiation analysis using Cavalli-Sforza and Edwards (1967) pairwise distance was undertaken. The largest distance is between VAP scattered mirror carp and VAL wild carp and the smallest distance is between VAL and VMI domesticated common carp. However, those results are still fragmental and need to be extended to other domesticated and wild populations and for a larger number of microsatellites.

Keywords: *Cyprinus carpio*, population, genetic characterization, microsatellites, growth, well-being, Fulton coefficient, Vakinankaratra, Madagascar.

Encadreur :

Pr RAMINOSOA RASOAMAMPIONONA
Noromalala

Impétrante :

Noms et prénoms : ANDRIAMBELOMANANA
ANDRITSOA Fetra Vololona

Adresse: Lot FM 08 Ter Ambohibao Antananarivo

Tél: 032 64 675 88

e-mail: af_andritsoa@yahoo.fr