



UNIVERSITE JOSEPH KI-ZERBO

ANNALES

NOUVELLE SERIE VOLUME 020

DECEMBRE 2022

ISSN : 2424 - 7545

Série C
Sciences de la Vie
et de la Terre



Presses Universitaires

© P.U. - 2022

Aux termes de la loi n° 32-99/AN du 22 décembre 1999, « toute reproduction, traduction, adaptation, représentation, diffusion par quelque moyen que ce soit, d'une œuvre de l'esprit en violation des droits de l'auteur constitue un délit de contrefaçon, voire de piraterie, sanctionné comme tel. »

Tous droits réservés pour tous pays.

ISSN : 2424-7545

COMITE SCIENTIFIQUE
ANNALES DE L'UNIVERSITE JOSEPH KI-ZERBO

Série C : Sciences de la Matière et de la Vie

Coordonnateur scientifique :

Gustave B. KABRE, Professeur Titulaire

Coordonnateur adjoint :

Edmond HIEN, Professeur Titulaire

Membres :

Nicolas BARRO, Professeur Titulaire
Joseph I. BOUSSIM, Professeur Titulaire
Mamoudou Hama DICKO, Professeur Titulaire
Martin LOMPO, Maître de Conférences
Aboubacar Sidiki OUATTARA, Professeur Titulaire
Antoine SANON, Professeur Titulaire
Jacques K. SIMPORE, Professeur Titulaire
Adjima THIOMBIANO, Professeur Titulaire
Yves TRAORE, Professeur Titulaire
Mahamadou SAWADOGO, Professeur Titulaire
Aly SAVADOGO, Professeur Titulaire
André Jules ILBOUDO, Professeur Titulaire
Raymond G. BELEMTUGRI, Professeur Titulaire
Urbain WENMENGA, Professeur Titulaire
Olivier GNANKINE, Professeur Titulaire
Ismaël Henri Nestor BASSOLE, Professeur Titulaire
Amadé OUEDRAOGO, Professeur Titulaire.

EQUIPE EDITORIALE

COORDINATION

Directeur de Publication

Sié KAM, Professeur Titulaire

Maquettiste

Alassane W. ILBOUDO, Infographe

*Pour toutes informations relatives aux Annales de l'Université Joseph KI-ZERBO,
s'adresser à :*

Presses universitaires
03 BP 7021 Ouagadougou 03 – Burkina Faso

Tél. Std : (226) 50 30 70 64/65

Ld : (226) 25 31 31 37

Poste du Secrétariat : 2317

Postes du Service Edition : 2315, 2322

URL : <http://www.univ-ouaga.bf/revue>

E-mail : puo1@gmail.com

- Secrétaire
- Chef d'édition
- Communication
- Infographie
- Commerciale
- CSAF

INSTRUCTIONS AUX AUTEURS

Les Annales de l'Université Joseph KI-ZERBO comportent quatre séries :

La Série A : **Lettres, Sciences Humaines et Sociales** - publie des articles originaux dans tous les domaines suivants ; géographie ; histoire, lettres, philosophie, psychologie, sciences de l'éducation, sociologie, etc.

La Série B : **Sciences Juridique, Economique et de Gestion** – publie des articles originaux relatifs à toutes les branches de spécialité en droit, en économie et gestion

La Série C : **Sciences de la Vie et de la Matière** – publie des articles originaux dans tous les domaines des sciences de la nature et des sciences exactes et appliquées : architecture, agronomie, astrologie, biologie, biochimie, biophysique, chimie, Géologie, physique, mathématiques, etc.

La Série D : **Sciences de la Santé** – publie des articles originaux dans tous les domaines de la médecine et de la pharmacie : gynécologie – obstétrique, histologie, physiologie, psychiatrie, séméiologie, chirurgie, anesthésiologie, radiologie, odontologie, ophtalmologie, O.R.L. pédiatrie, pharmacologie, etc.

Dans chacune des quatre séries, des notes brèves de quelques pages, des notes techniques, des analyses de livres récemment parus ainsi que de conférences faites à l'Université Joseph KI-ZERBO sont acceptées si elles présentent un intérêt certain.

INSTRUCTIONS POUR LA PRESENTATION DES ARTICLES SOUMIS A PARUTION

Dactylographie dans le format usuel A4 (21 cm x 29,7 cm) double interligne, papier blanc, recto seulement, marge de 2,5 cm minimum du bas de page. Les Textes sont rédigés en français ou en anglais et ne doivent pas dépasser 25 pages.

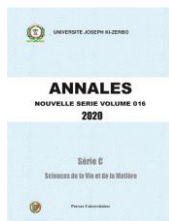
La première page de l'article doit faire apparaître uniquement :

Le titre de l'article, prénom et le nom ainsi que l'adresse professionnelle et l'adresse mail, les grades dans l'enseignement et la recherche de l'auteur ou de chacun des auteurs (dans le second cas, il y a lieu d'indiquer le correspondant) ;

- La suite de l'article comporte le titre, le résumé (en français et en anglais), les mots clés (obligatoires) ainsi que le corps de l'article.
- Les paragraphes Résultats et Discussions, s'ils existent dans l'article, doivent être présentés séparément (c.à.d. ne pas les fondre dans le même paragraphe du genre **Résultats et discussions**).

SOMMAIRE

STRATEGIES D'ADAPTATION DES ELEVEURS TRANSHUMANTS DE LA REGION DU CENTRE-EST AU BURKINA FASO FACE A LA VARIABILITE CLIMATIQUE.....	1
Sidonie Aristide IMA- OUOBA, Aboubacar NEYA, Hadja Oumou SANON	
REPARTITION GEOGRAPHIQUE DES AMPHIBIENS SELON UN GRADIENT CLIMATIQUE AU BURKINA FASO (AFRIQUE DE L'OUEST).....	15
AYORO Halamoussa Joëlle, HEMA Midibayale Emmanuel, SEGNIAGBETO Hoinsoudé Gabriel, OHLER Annemarie, KABRE Boureima Gustave	
DIVERSITE ET STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS DE <i>PARKIA BIGLOBOSA</i> (JACQ.) R. BR. EX G. DON DE TROIS ZONES AGRO-ECOLOGIQUES DU SUD BENIN.....	37
Kourouma KOURA, Blaise ALOWANOU-KELE, Antoine Abel MISSIHOUN, Paulin SEDA, Relique Ignance AGBO, Clément AGBANGLA, Jean Cossi GANGLO	
CARACTERISATION DES PERFORMANCES DE CROISSANCE ET DE REPRODUCTION DE LA SOUCHE LOCALE [<i>CLARIAS ANGUILLARIS</i> (LINNAEUS, 1758)] DU LAC KOU AU BURKINA FASO.....	59
SANTI Saïdou, SOURABIE Aboubacar, SISSAO Rokyatou, BAYILLI D. Constantin, COULIBALY Ibrahim, TAPSOBA Abdoul Aziz, SANOU Estèle Pélagie, TOGUYENI Aboubacar	
EFFICACITÉ INSECTICIDE DES POUDRES DE QUATRE PLANTES DANS LA PROTECTION DES GRAINS DE MAÏS CONTRE <i>PROSTEPHANUS TRUNCATUS</i> Horn (COLEOPTERA : BOSTRICHIDAE) AU BURKINA FASO...	73
OURA Ali, WAONGO Antoine, OUEDRAOGO Yinbyada Théodore, TRAORE Fousséni, DRABO Edouard, ILBOUDO Zakaria, SANON Antoine	



Annales de l'Université Joseph KI-ZERBO
Série C, vol. 020 Décembre 2022
ISSN : 2424-7545



Presses Universitaires

03 BP 7021 Ouagadougou 03 – Burkina Faso
Tél. Std : (226) 25 30 70 64/65 - Ld : (226) 25 31 31 37
URL : <http://www.univ-ouaga.bf/revue>
Site web : www.ujkz.bf

**DIVERSITE ET STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS DE *PARKIA*
BIGLOBOSA (JACQ.) R. BR. EX G. DON DE TROIS ZONES AGRO-
ECOLOGIQUES DU SUD BENIN**

**Kourouma KOURA^{1*}, Blaise ALOWANOU-KELE^{2,3}, Antoine Abel MISSIHOUN^{2,3},
Paulin SEDA^{2,3}, Relique Ignance AGBO^{2,3}, Clément AGBANGLA^{2,3}, Jean Cossi GANGLO¹**

Réception : 14 / 11 / 2022 Révision : 15 / 12 / 2022 Acceptation : 30 / 12 / 2022

¹Laboratoire des Sciences Forestières, Faculté des Sciences Agronomiques, Université d'Abomey-Calavi, 01 BP 526 Cotonou, Bénin

²Laboratoire de Génétique et des Biotechnologies, Université d'Abomey-Calavi

³Laboratoire de Génétique Moléculaire et d'Analyse des Génomes, Université d'Abomey-Calavi

Résumé

Parkia biglobosa, est une espèce typique des parcs agroforestiers répandue dans la savane soudanienne. Elle présente de multiples fonctions et constitue une source inestimable de biens et de services pour les communautés locales en Afrique de l'Ouest. La présente étude a eu pour but d'évaluer la diversité et la structure génétiques des populations de *Parkia biglobosa* des zones agro-écologiques des terres de barre, de la dépression et des pêcheries, du Bénin. Vingt-et-un accessions correspondantes à vingt-et-un placeaux, ont été collectées dans les trois zones. Respectivement, huit, six et sept individus de l'espèce en étude, ont été prélevés dans les zones agro-écologiques des terres de barre, de la dépression et des pêcheries. Au total, huit marqueurs microsatellites SSRs spécifiques à l'espèce *Parkia biglobosa* ont été testés. Les huit marqueurs utilisés sont polymorphes et ont révélé en tout, cinquante-huit allèles sur l'ensemble des morphotypes considérés. Le taux de polymorphisme est évalué donc à 100 %. Le nombre d'allèles varie de 5 à 14 selon les loci avec un nombre moyen de 7,25 allèles par marqueur. Les allèles rares (fréquence < 5 %) représentent 24,13 % de l'ensemble, soit 14 allèles rares sur les 58 allèles. La diversité génétique de Nei (ou hétérozygotie attendue) de l'ensemble de la collection est de 0,83 et varie de 0,72 (pour le locus PbL04) à 0,95 (pour le locus PbL09). La valeur moyenne par locus du taux d'hétérozygotie observée, est de 0,81. Ce taux par locus est inférieur à 1, pour tous les loci sauf, pour les loci PbL09 et PbL11 qui, ont un taux d'hétérozygotie observée, égal à 1. Seul le locus PbL21, a un taux d'hétérozygotie inférieur à 0,50. Concernant l'écart à la panmixie (F), $F > 0$ (positif) pour deux des huit loci. Il s'agit des loci spécifiques PbL21 et PbL22. Par déduction, les populations présentant de tels indices, connaissent un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre

* Correspondance : Kourouma KOURA

E-mail : kourakourouma@gmail.com; Tél : +229 96716130

panmictique. $F < 0$ (négatif) dans le cas des six autres loci. Donc, les populations ici ne présentent pas un déficit mais plutôt un excès, en hétérozygotes par rapport à l'équilibre panmictique. Par ailleurs, le dendrogramme réalisé révèle que les 21 accessions de *Parkia biglobosa*, sont organisées en trois groupes comportant respectivement 17, 2 et 2 individus. D'où l'existence d'une diversité intra et inter populations des morphotypes de *Parkia biglobosa* des zones agro-écologiques, en étude. Ces résultats ont le mérite de fournir des détails très utiles, pour la conservation de cette espèce, en voie de disparition, malgré les multiples biens et services, qu'elle rend.

Mots clés : *Parkia biglobosa*, Diversité génétique, Structure génétique, SSR, Zone agro-écologique, Bénin.

Abstract

Parkia biglobosa is a typical species of agroforester park extend in the savanna of Sudan. It presents multiple functions and constitutes an inestimable source of goods and services for the local community in West Africa. The goal of the present study realized in Benin is to determine the diversity and the genetic structure of people of *Parkia biglobosa* of the agro-ecological zones of earth of bar, depression and fishery. Twenty-one accessions corresponding to twenty-one plateau have been collected in the three zones. In fact, eight, six and seven individus of the study species have been taken away respectively in the agro-ecological zone of bar earth, depression and fishery. In total, eight specific microsatellite-markers SSRs to species *Parkia biglobosa* have been tested. These markers are polymorphic and have been revealed fifty-eight alleles in the whole considered morphotypes. So the morphism rate is evaluated to 100 %. The allele number varies from 5 to 14 according to the loci with average number of 7.25 alleles by markers. The rare alleles (frequency $< 5\%$) represent near 24.13 % of the whole, either 14 rares alleles of 58 alleles. The genetic diversity of Nei (or expected heterozygote) of whole of the collection is 0.83 and vary from 0.72 (for the PbL04 locus) to 0.95 (for PbL09 locus). The average value per locus of rate observed heterozygote is 0.81. This rate per locus is inferior to 1, for all loci except PbL09 and PbL11 loci having as rate observed heterozygote equal to 1. Better only the PbL21 locus has a heterozygote rate inferior to 0.50. With regard to the panmixia difference (F), we have: $F > 0$ for two of the eight loci, then by deduction, the populations presenting such fixation indices know a deficit in heterozygotes compared to panmictic balance. The values of the positive fixation indices vary between 0.35 for the PbL22 locus and 0.40 for the PbL21 locus. In addition, $F < 0$ (negative) for the other six loci. So the populations here have an excess, in heterozygotes compared to panmictique equilibrium. Additionally these genetic structuration and diversity work in *Parkia biglobosa* morphotypes in the three zones reveal that the 21 *Parkia biglobosa* accessions are organised in three groups, including respectively 17; 2 and 2 individus. To sum up, we notice the existence of intra and inter diversity of population of morphotype of *Parkia biglobosa*. These finding results have the value to supply useful details for the conservation of this extinguishing species despite the multiple goods and services it gives back.

Keywords: *Parkia biglobosa*, Genetic diversity, Genetic structure, SSR, Agro-ecological zone.

1- INTRODUCTION

Parkia biglobosa est l'une des plus importantes plantes génératrices de Produits Forestiers Non Ligneux [1 ; 2]. Répandue dans la savane soudanienne, *Parkia*

biglobosa est une espèce qui rend d'énormes biens et services à une bonne partie de la population rurale, car elle est considérée le plus souvent, comme principale source de revenus et moyen efficace de lutte contre la pauvreté [3].

Ainsi, l'importance économique de l'espèce justifie dans certaines zones les initiatives de nombreux agriculteurs qui développent et entretiennent ces plantations. Les arbres de *Parkia biglobosa* font partie intégrante du paysage agricole du Bénin [4].

En dépit des multiples avantages que procure *Parkia biglobosa* aux communautés locales, elle subit à l'instar des autres espèces de la savane de sérieuses menaces liées aux pressions anthropiques et aux aléas climatiques, ceci se manifeste par le vieillissement de nombreux parcs, caractérisés par une absence de régénération et la dégradation de certains de ces parcs [5 ; 6]. Cette situation préoccupante commande que des mesures visant à préserver l'espèce, soient prises et ceci est d'autant plus urgent que *Parkia biglobosa* figure parmi les espèces dont la biologie et l'organisation génétique sont encore relativement inconnues. Différents travaux ont été effectués sur *Parkia biglobosa* en Afrique de l'Ouest en général et au Bénin en particulier.

Les places et rôles de *Parkia biglobosa* dans la vie quotidienne des communautés rurales d'Afrique de l'Ouest [5] et du Bénin [6 ; 7 ; 8] ont été précisés. Il s'y découle que l'espèce de par ses multiples propriétés, possède beaucoup de vertus, utiles aux populations. [4] a réalisé la caractérisation morphologique et structurale et l'étude de la production des fruits des arbres de *Parkia biglobosa* dans les parcs des régions de Bohicon, Savè, Parakou, Bembérékè et Kandi. Pour y parvenir, il s'est fondé sur des relevés floristiques, des inventaires forestiers et des mesures des dimensions des organes de reproduction. Au terme de ces travaux, Gbédji a conclu que les arbres de *Parkia biglobosa*, au sein de tous ces parcs, se

répartissent de manière agrégative. Quelques années après les travaux de [4], [10] réalisa la modélisation de la production fruitière de *Parkia biglobosa* autour de la forêt classée de N'Dali. Pour elle, le type de formation végétale et les paramètres dendrométriques que sont la hauteur totale et le diamètre à 1,30 m du sol, influencent significativement la fructification de l'arbre. Mieux, il ressort desdits travaux de [10] que le meilleur modèle de prédiction de la production en gousse dépend aussi bien, du diamètre du houppier, du diamètre à 1,30 m du sol que de la hauteur totale et du type de sol en présence.

Du point de vue de la biologie de la reproduction, *Parkia biglobosa*, comme la plupart des espèces de la savane soudanienne, a un profil de type saisonnier qui se déroule surtout en saison sèche [11]. L'examen des taux d'allofécondation tant au niveau population qu'au niveau famille, dont la majorité des valeurs sont proches de 1 ; permet de supposer que cette espèce présente un système d'auto-incompatibilité partielle, caractéristique répandue chez la plupart des espèces hermaphrodites [11]. Toujours à la même année, [11] réalisa une étude sur la diversité génétique de *Parkia biglobosa* au moyen de l'électrophorèse enzymatique. Cette recherche a permis de déterminer la diversité intra et inter-population, la structure et les distances génétiques entre 64 populations naturelles réparties à travers 11 pays d'Afrique de l'Ouest et du Centre. Remarquons que, les marqueurs biochimiques sont soumis à l'influence de l'environnement. Pour [5], en 1995, le système de reproduction de l'espèce est préférentiellement allogame avec toutefois la possibilité d'autogamie, quoique limitée par un système d'auto incompatibilité. La fructification de même

que la structuration de la diversité intra- et interpopulation sont influencées par les pollinisateurs. Par rapport à la détermination du niveau et de la structure de la diversité existante chez *Parkia biglobosa*, différentes observations morphométriques et phénologiques couplées avec des études sur les systèmes de reproduction ont été utilisées [5]. La variation intrapopulation est grande alors que celle interpopulation est relativement petite et assez comparable à la variation inter-pays. Les facteurs environnementaux et génétiques sont entre autres les facteurs qui impliquent la nature, le niveau et la structure de la diversité phénotypique observée chez *Parkia biglobosa*. Concernant les aspects microbiologique et physicochimique de la fermentation des graines de *Parkia biglobosa*; plusieurs travaux ont été réalisés [12; 13; 14; 15].

[16] dans ses travaux a montré des différences ethniques dans les valeurs et les formes d'usage de *Parkia biglobosa*. Ces études ont prouvé entre autres que, les connaissances locales sur *Parkia biglobosa* sont diversifiées et varient non seulement selon le groupe ethnique mais aussi selon l'âge et le sexe des individus. Egalement, les études de la transférabilité des microsatellites de *Parkia panurensis*, sur *Parkia biglobosa*, furent conduites par [16] en 2014. Il ressort de ces travaux que les loci : Parpan3, Parpan4, Parpan9, Parpan13 et Parpan15, tous spécifiques au *Parkia panurensis*, pourraient être utilisés pour amplifier aussi des séquences spécifiques de *Parkia biglobosa*, vu que les loci spécifiques à cette dernière n'étaient pas encore connus à ce moment-là.

[17] ont prouvé la diversité des populations de *Parkia biglobosa* des zones agro-écologiques du Nigéria, au moyen des

marqueurs RAPD. Aussi, en 2014, [18] ont développé avec succès des microsatellites sur *Parkia biglobosa* dans ses travaux. Onze marqueurs microsatellites spécifiques au *Parkia biglobosa* (PbL02, PbL03, PbL04, PbL05, PbL09, PbL11, PbL12, PbL15, PbL18, PbL21 et PbL22) ont été définis. Il faut noter que les microsatellites sont des marqueurs co-dominants. Ce sont de courtes séquences répétées en tandem. Ainsi, leur polymorphisme peut être détecté par PCR à partir des amorces qui s'hybrident aux régions flanquantes.

Certes, remarquons à juste titre, qu'il y a eu de nombreux travaux réalisés sur *Parkia biglobosa* dont la majorité, prouve qu'elle est une espèce de grande importance. Cependant, de persistantes pressions multiformes continuent, de menacer la survie des parcs à *Parkia biglobosa* dans de nombreuses zones de l'Afrique de l'Ouest en général et du Bénin en particulier. C'est pourquoi, des mesures visant à préserver l'espèce pour une utilisation durable s'avèrent une nécessité. Or, en vue de développer une stratégie appropriée de conservation (*in situ* et conservation *ex-situ*) à long terme de *Parkia biglobosa*, il est indispensable de disposer de données sur la génétique et la biologie de l'espèce. D'où l'importance de la présente étude qui, aux côtés de celles déjà effectuées sur la diversité génétique de l'espèce, majoritairement au moyen de marqueurs influençables par l'environnement, apportera beaucoup plus de précisions sur la structuration de l'espèce, car utilisera les microsatellites définies par [18].

L'objectif général de ce travail est d'évaluer la diversité génétique des populations de *Parkia biglobosa*, situées dans les zones agro-écologiques de

dépression, de terre de barre, et des pêcheries.

Spécifiquement, il s'est agi de :

- Déterminer la diversité génétique des populations de *Parkia biglobosa* de trois zones agro-écologiques du Bénin;
- Déterminer la structure génétique de cette diversité génétique en vue d'une amélioration des ressources génétiques de *Parkia biglobosa*.

Les hypothèses formulées pour cette étude sont les suivantes :

- Il existe une variation génétique intra et/ou inter population entre les individus de *Parkia biglobosa* des différentes zones agro-écologiques du Sud Bénin en étude ;
- La connaissance de la structure génétique de cette diversité génétique permet l'amélioration ou la conservation des ressources génétiques de *Parkia biglobosa*.

2- CADRE D'ETUDE, MATERIEL ET METHODES

2.1- Milieu d'étude

Le Bénin est un pays de l'Afrique de l'Ouest présentant des caractéristiques majoritairement différentes d'une région à une autre. Sur la base des facteurs pédoclimatiques et des différentes cultures pratiquées, on y distingue au total huit zones agro-écologiques. La présente étude a porté sur trois zones agro-écologiques (**Figure 1**) à savoir : zone agro-écologique des terres de barre, zone agro-écologique de la dépression et zone agro-écologique des pêcheries.

2.1.1- Zone des terres de barre (ZTB)

Les terres de barre (barro = argile sableuse à l'état humide en portugais) représentent 7 % de la superficie du Bénin. Plusieurs communes couvrent la zone agro-écologique des terres de barre au Bénin. Il s'agit de : Djakotomè, Adjarra, Klouékanmè, Avrankou, Akpro-Misséréfé, Toviklin, Ifangni, Abomey, Porto-Novo, Agbangnizoun, Bohicon, Za-Kpota, Covè, Zogbodomè, Zè, Bopa, Allada, Sakété, Houéyogbé, Kpomassè, Tori-Bossito, Adjara, Zangnanado. La zone agro-écologique des terres de barre se localise entre 6°20' et 7°20' de latitude-Nord puis 1°40' de longitude-Est et couvre une superficie d'environ 10500 Km². Le climat est de type soudano-guinéen ou de type subéquatorial comportant deux saisons de pluies alternées par deux saisons sèches. La pluviométrie généralement enregistrée dans la zone varie entre 800 mm et 1400 mm. L'humidité relative est de 55 % à 95 % avec une température moyenne de 25,3 °C à 29,7 °C. Dans la zone agro-écologique des terres de barre, le relief varie entre 20 et 200 m, constituée de deux séries de plateaux séparés par la dépression argileuse de la Lama : il s'agit des plateaux de Sakété, d'Allada et de Comé au Sud et des plateaux de Kétou, Zangnanado, Abomey et Aplahoué au Nord. On observe aussi un relief presque plat appartenant à l'ensemble géomorphologique du plateau d'Abomey et la présence de pente douce vers le Couffo (cas de la commune d'Agbangnizoun). Pour ce qui concerne les caractéristiques physiques et chimiques des sols, notons que ce sont des sols rouges appelés sols ferrallitiques résultant de l'altération poussée du Continental Terminal. Ils sont sablo-limoneux en surface. De nature

argilo-sableux à structure stable et de faible capacité de rétention en eau, elle présente des risques de stress hydrique pour les cultures annuelles dont la majorité des racines reste confinée dans les horizons de surface. Ils présentent une potentialité de fertilité moyenne qu'ils perdent lorsqu'ils sont beaucoup exploités. Notons que le matériau originel de ce type de sol est un sédiment argilo-sableux très évolué où ne subsistent plus que la kaolinite, le quartz et la goethite (3 à 8 % de fer).

2.1.2- Zone de la dépression (ZD)

La zone de la dépression, de par sa situation géographique se trouve dans la zone climatique de type subéquatorial caractérisée par la succession annuelle de 4 saisons par alternance :

- Deux saisons sèches (une grande, allant de Décembre à mi-Mars et une petite allant de mi-Juillet à Août) ;
- Deux saisons des pluies (une grande, allant de mi-Mars à mi-Juillet et une petite allant de Septembre à Novembre). Le niveau moyen des précipitations est de 1100 mm pour la grande saison et 800 mm pour la petite saison.

Les températures moyennes mensuelles varient entre 27 et 31 °C. L'humidité relative de l'air varie selon les mois entre 65 % (Janvier - Mars) et 97 % (Juin et Juillet). La

zone de la dépression couvre les communes de : Zogbodomey, Toffo, Lalo, Adja-Ouèrè, Pobè. Ces communes sont réparties en 4 départements que sont : l'Atlantique, le Couffo, le Plateau, et le Zou.

2.1.3- Zone des pêcheries (ZP)

La zone agro-écologique des pêcheries couvre 3.280 Km² et regroupe la bande sableuse côtière et les alluvions fluviales et lacustres du Mono, de l'Ouémé et de l'Atlantique. Elle jouit d'un climat de type subéquatorial. La pluviométrie annuelle (1400 mm à l'Est et 900 mm à l'Ouest) et sa répartition autorise une période de croissance des végétaux de 240 j/an. Les températures varient peu (25 à 30 °C). Le relief est uniforme et peu marqué. La bande sableuse est une plaine alors que les vallées se présentent sous forme de dépressions ouvertes ou encaissées. On y retrouve des sols d'origine alluviale ou colluviale. Les sols hydromorphes sont fertiles mais inondables par les crues des fleuves, tandis que les sols sableux sont peu fertiles et favorables aux plantations de cocotiers et de filao. Les principales formations végétales sont la savane herbeuse, le fourré arbustif et les prairies. La densité de population rurale par km² de superficie cultivable est de 174 habitants/Km². Les communes de Sèmé-Podji, Adjohoun, Grand-Popo et la commune de Cotonou abritent la zone agro-écologique des pêcheries.

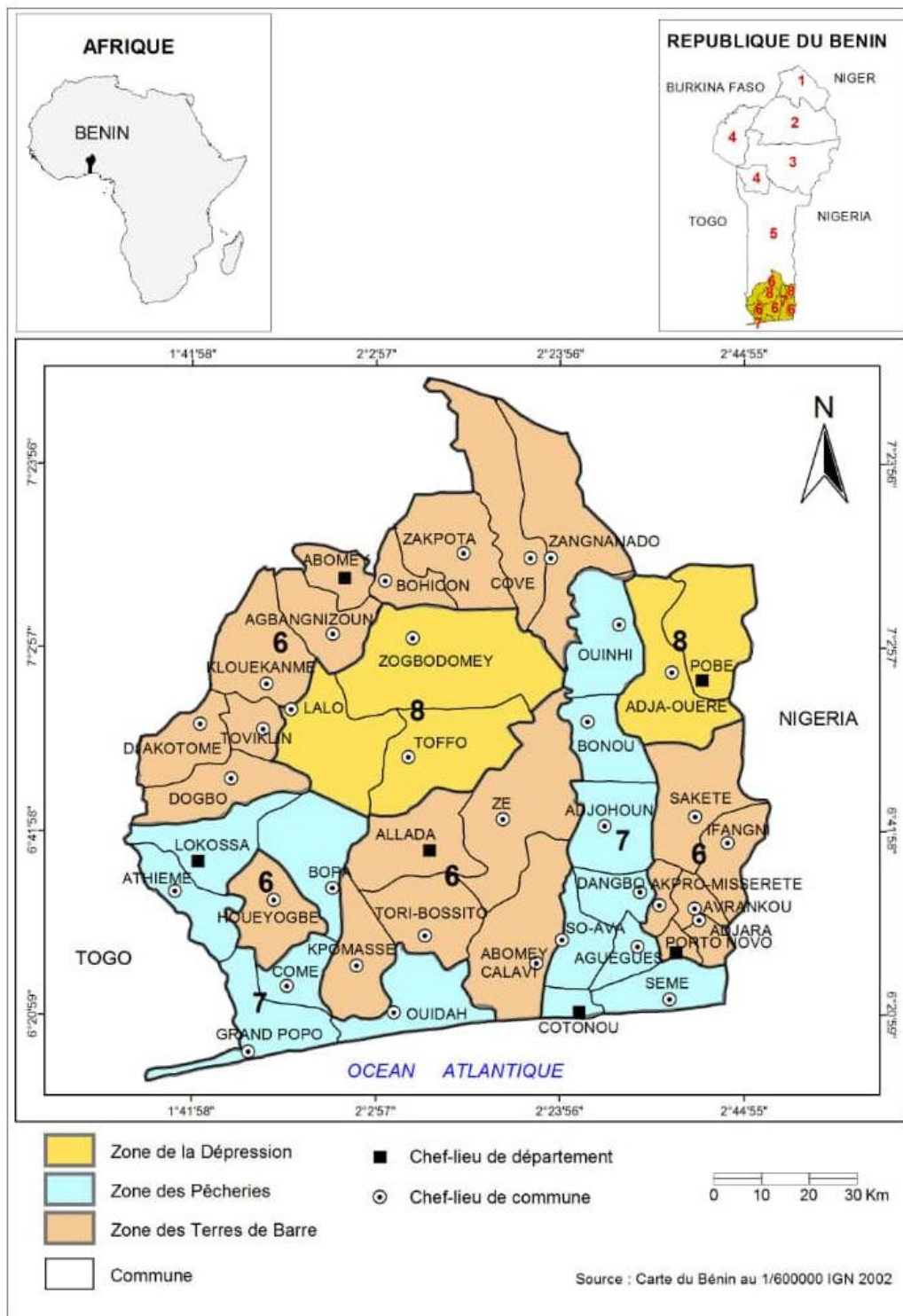


Figure 1 : Localisation géographique des zones agro-écologiques en étude

2.2- Matériel végétal

Le matériel végétal est composé de vingt-et-un accessions de *Parkia biglobosa* provenant des trois zones agro-écologiques en étude. La méthode utilisée pour identifier les populations de *Parkia biglobosa*, a

consisté en un premier temps au choix d'un certain nombre de communes dont les peuplements de *Parkia biglobosa* sont les plus représentatifs, ceci en se basant sur les critères suivants : effectif assez élevé en pieds de *Parkia biglobosa* [au moins 10

pieds de *Parkia biglobosa* de diamètre à hauteur de poitrine (1,30 m du sol) supérieur ou égal à 10 cm] [19] et station accessible en toutes saisons [5 ; 20]. Les parcelles agroforestières sont de formes et de superficies variables (entre 0,1 ha et 4,5 ha).

2.3- Analyse génétique moléculaire au moyen des microsatellites nucléaires (SSRs)

L'analyse génétique moléculaire des accessions de *Parkia biglobosa* a été déroulée au Laboratoire de Génétique Moléculaire et d'Analyse des Génomes (LGMAG) du Département de Génétique et des Biotechnologies de la Faculté des Sciences et Techniques (FAST) de l'Université d'Abomey - Calavi (UAC).

2.4.1- Extraction et dosage d'ADN

L'extraction de l'ADN s'est faite sur des échantillons de jeunes feuilles de *Parkia biglobosa* selon le protocole décrit par [21] utilisant le MATAB (Mixed Alkyl Triméthyl Ammonium Bromide) comme tampon de lyse.

En résumé, 0,15 g de jeunes feuilles de chaque échantillon a été prélevé et broyé dans un mortier en porcelaine avec 2 ml de tampon d'extraction Tris-EDTA-Sorbitol (TES). Le broyat est recueilli dans un tube Eppendorf de 2 ml puis centrifugé à 10.000 rpm pendant 10 minutes à 4 °C. Après centrifugation, le surnageant est éliminé. Au culot sont ajoutés 800 µl du tampon de lyse MATAB à 4 % préchauffé à 65 °C. L'ensemble est correctement homogénéisé puis mis au bain-marie à 65 °C pendant 1 h 30 minutes avec agitation douce par retournement inversion-réversion toutes les 10 minutes. Ensuite, les échantillons sont refroidis à la température ambiante et

additionnés chacun de 800 µl de Chloroforme Isoamylique Alcool (CIAA) 24 :1. Le mélange est agité délicatement par retournement inversion-réversion pendant 2 minutes puis centrifugé à 10.000 rpm pendant 15 minutes à 4 °C. Cette centrifugation permet de séparer le mélange contenu dans chaque tube en trois phases. La phase supérieure aqueuse contenant l'ADN est récupérée transvasée dans de nouveaux tubes Eppendorf. Un volume égal d'Isopropanol très froid est ajouté au contenu de chaque nouveau tube. Le tout est mélangé délicatement afin de permettre la précipitation de l'ADN sous forme de pelote. Après centrifugation, le surnageant est éliminé de façon délicate. 800 µl d'éthanol à 70 ° est ajouté à la pelote contenue dans chaque tube. Chaque tube est retourné afin de faire décoller la pelote du fond du tube. L'ensemble est ensuite centrifugé à 10.000 rpm pendant 15 minutes à 4 °C. A la fin de la centrifugation, le surnageant est jeté et la pelote d'ADN purifié est séchée à l'air libre. La pelote sèche est reprise dans la Tris-EDTA (TE).

Pour s'assurer du succès des opérations d'extraction d'ADN, des prélèvements de 2 µl d'ADN génomique extraits sont visualisés par électrophorèse sur un gel d'agarose à 1 %. Cette électrophorèse permet d'évaluer la qualité de l'ADN et la concentration en ADN des extraits obtenus. Après cette vérification, les échantillons d'ADN extraits sont par la suite conservés au froid à -20 °C pour la suite des analyses.

2.4.2- Amplification par la réaction en chaîne de la polymérase (PCR)

Dans un second temps, des dilutions des extraits d'ADN conservés ont été effectuées pour obtenir des concentrations de l'ordre de 10 ng/µl nécessaires pour les

amplifications. Pour la réalisation des amplifications, le milieu réactionnel de 25 µl doit contenir 10 à 30 ng d'ADN, 1 X du tampon PCR (10 X), 0,2 µM de chaque marqueur (R et F), 0,2 mM de chaque dNTP, 2,0 mM et MgCl₂, 1 Unité / µl de Taq polymérase et 0,5 % de BSA (20 mg / ml) et de l'eau ultra pure. La PCR est réalisée à l'aide d'un thermocycleur (PTC-100™ Programmable Thermal Controller MJ Research, Inc).

Le cycle d'amplification comporte une pré-dénaturation à 95 °C pendant 4 min suivi de 33 cycles, composés chacun d'une dénaturation à 95 °C pendant 30 s, d'une hybridation à 51 °C pendant 1 min et d'une élongation à 72 °C pendant 1 min. Une

incubation finale à 72 °C pendant 8 min met fin au programme. Les produits PCR sont vérifiés sur gel d'agarose à 2 %. Une migration des produits d'amplification par électrophorèse a été réalisée sur un gel de polyacrylamide dénaturant à 5 %. Le temps de migration est de 1 h 30 min à 2 h. Après migration, la révélation des électrophorégrammes est faite au nitrate d'argent.

Huit des marqueurs microsatellites, révélés polymorphes chez *Parkia biglobosa* et publiés par [17], ont été utilisés pour caractériser la diversité génétique des accessions collectées. Les noms de ces marqueurs et leurs caractéristiques sont présentés dans le *tableau 1*.

Tableau 1 : Marqueurs microsatellites utilisés dans la présente étude

Locus		Primer sequences	Repeat motif	Allele size range (bp) ^b	GenBank accession no.
PbL02	F :	CGAAATAAGAACTCGGACCAAA	(GA) ₁₇	180-205	KJ475533
	R :	ATGCCGTGTTCTGTTTCACC			
PbL04	F :	GAAGCCTTGGAATGAAGTTGA	(CA) ₁₇	161-181	KJ475535
	R :	GAAAACGGAAGGCATGGTTA			
PbL05	F :	GAATCAGAGAAGCCCTTAGGTT	(AC) ₁₇	183-259	KJ475536
	R :	GCCGCTTGTTTTCTTGTA			
PbL09	F :	TGACGTATTTGAGTGTCTTTTACACA	(AG) ₁₈	126-170	KJ475537
	R :	GCAGAAAATCACAAATGCAGA			
PbL11	F :	TCACGGCAATAGAACTCATCA	(CCT) ₁₈	170-206	KJ475538
	R :	ACGGAGCAGGATGAAGTCAG			
PbL12	F :	ATCTAGGCATCCATGCAAATG	(TG) ₁₉	108-137	KJ475539
	R :	CAGAAGTTGTTAGACAATTATGGTGA			
PbL21	F :	TGTTGCTTTTGCTTTTGCTG	(CA) ₂₁	269-305	KJ475542
	R :	CCCTCTGCAGAATTGAGTCC			
PbL22	F :	TTGCGAATAGGATATGGGTTG	(AC) ₂₂	164-218	KJ475543
	R :	GAAGACGACAGGCTGCTACA			

2.4.3- Analyse statistique des données

Les bandes obtenues à chaque locus ont été enregistrées sous forme de compositions alléliques. Après visualisation sur le gel d'électrophorèse, l'absence ou la présence de bande est codée respectivement 0 et 1 [22 et 23]. Les données obtenues sont enregistrées dans une feuille Excel et constituent une matrice de données binaires d'analyse, par utilisation du logiciel NTSYS version 2.11a [24].

Des paramètres de diversité intra-populations et inter-populations ont été déterminés en tenant compte du fait que le marqueur soit codominant.

2.4.3.1- Paramètres de diversité intra-populations

- Taux de polymorphisme (P)

Il indique la proportion de loci polymorphes par rapport au nombre total de loci étudié. Il a été calculé par la formule qui suit :

$$\text{Taux de polymorphisme} = \frac{\text{Marqueur polymorphe}}{\text{Nombre total de marqueurs}}$$

- Nombre moyen d'allèles par locus (A)

Ce nombre s'obtient, à partir du rapport du nombre total d'allèles sur le nombre de loci étudiés. Par ailleurs, le taux d'allèles rares, a été estimé sachant qu'un allèle est rare lorsque sa fréquence est inférieure à 0,05 soit 5 %.

- Contenu en Information du Polymorphisme (PIC)

Les valeurs du PIC ont été calculées selon la formule : $PIC = 1 - \sum f_i^2$ avec f_i , la fréquence de chaque allèle. Les valeurs du

PIC varient de 0 (locus monomorphe et non discriminant) à 1 (locus hautement discriminant, avec plusieurs allèles chacun en faible et égale fréquence).

- Hétérozygotie

* Taux d'hétérozygotie attendue (H_e)

L'hétérozygotie attendue pour chaque locus selon [25], a été calculé grâce à la formule :

$$H_e = \frac{n}{n-1} (1 - \sum f_i^2)$$

avec f_i représentant la fréquence de chaque allèle i au locus considéré et n le nombre d'accessions.

La diversité génétique moyenne par locus, a ensuite été déterminée par la formule :

$$\frac{1}{N} \sum H_e \text{ avec } N, \text{ le nombre de loci.}$$

* Hétérozygotie observée (H_o)

L'hétérozygotie observée (H_o), indiquant la proportion des individus hétérozygotes observés à un locus dans l'ensemble de la population, a été calculée. Ainsi, pour chaque locus on a :

$$H_o = \frac{\text{Nombre d'individus hétérozygotes}}{\text{Nombre total d'individus}}$$

En outre, la somme des H_o par locus sur le nombre total de loci, correspondant à l'hétérozygotie moyenne observée par locus, a été estimée.

- Ecart à la panmixie (F)

L'écart entre la proportion d'individus trouvés à l'état hétérozygote (H_o) et le taux d'hétérozygotie attendue (H_e) a été mesuré par le paramètre (F) appelé indice de fixation.

$$\text{On a : } F = 1 - (H_o/H_e).$$

L'indice de fixation est une mesure de l'écart à la structure de Hardy-Weinberg. Il varie de -1 à +1 et permet de connaître le déficit en hétérozygotes par population, par locus et pour l'ensemble des locus. F est positif quand la population présente un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre panmictique et négatif dans le cas contraire. Un certain nombre de facteurs contribuent à cet écart : consanguinité, homogamie, dérive, sélection, différenciation génétique locale, etc.

2.4.3.2- Paramètres de diversité inter-populations

- Distances génétiques

Le degré de ressemblance ou de dissemblance génétique des populations a été estimé par des distances génétiques calculées ici par pairwise (comparaison des individus deux à deux). Elles sont une estimation des temps de séparation des différentes populations [26].

- Dendrogramme

Les distances ont été calculées pour chaque couple de populations. La matrice de distances ainsi obtenues a été représentée sous forme de dendrogramme. Les populations ont été agrégées de telle sorte que les plus proches génétiquement soient aussi les plus proches sur le dendrogramme. Le dendrogramme a été construit selon la méthode UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using the Arithmetic average) en suivant la procédure SAHN (Sequential Agglomerative Hierarchical Nested method) du logiciel NTSYS version 2.11a [24]. En plus, pour accéder à la structure au sein de la collection, et pour confirmer les possibles regroupements des accessions analysées, les procédures DCENTER et EIGEN de ce logiciel ont été aussi utilisées pour réaliser une Analyse en Coordonnées

Principales (PCoA) en se basant sur la matrice de coordonnées génétiques afin de mieux apprécier la différenciation génétique entre les groupes obtenus.

3- RESULTATS

3.1- Diversité génétique au sein des populations de *Parkia biglobosa* analysées

Les huit marqueurs microsatellites utilisés dans cette présente étude, ont tous amplifié et sont tous polymorphes donnant ainsi un taux de polymorphisme estimé à 100 %. Ces marqueurs polymorphes, ont permis de détecter cinquante-huit allèles avec un nombre moyen de 7,25 allèles par locus. Le nombre d'allèles varie de 5 à 14 allèles selon les loci (**Tableau 2**). De l'analyse de ce tableau, il ressort que le marqueur le plus polymorphe est le marqueur PbL09 avec 14 allèles et les marqueurs les moins polymorphes sont les marqueurs, PbL02 et PbL04 avec 5 allèles chacun. Les allèles rares (fréquence < 5 %) représentent 24,13 % de l'ensemble, soit 14 allèles rares sur les 58. Le marqueur le plus discriminant est le marqueur PbL09 avec un PIC de 0,90 tandis que le marqueur le moins discriminant est le marqueur PbL04 avec un PIC de 0,69. La diversité génétique de Nei (ou hétérozygotie attendue H_e) de l'ensemble de la collection est de 0,83 et varie de 0,72 (pour le locus PbL04) à 0,95 (pour le locus PbL09). Elle est supérieure à 0,50 pour tous les huit loci polymorphes (**Tableau 2**). Le taux d'hétérozygotie observée (H_o) par locus, est égal à 1 (valeur maximale de l'ensemble des H_o) pour les marqueurs spécifiques PbL09 et PbL11 mais, est de 0,48 (valeur la plus faible de l'ensemble des H_o) pour le marqueur PbL21. Ajoutons que sa valeur moyenne par locus ici est de 0,81, pour l'ensemble de la collection. Par ailleurs, par

rapport à l'écart à la panmixie (F), $F > 0$ (positif) pour deux (2) des huit (8) loci. Par déduction, les populations présentant de tels indices, connaissent un déficit en hétérozygotes par rapport à l'équilibre panmictique. Notons que les valeurs 0,40 et 0,35, sont les indices de fixations positives,

correspondant respectivement aux loci spécifiques PbL21 et PbL22 (**Tableau 2**). $F < 0$ (négatif) dans le cas des six (6) autres loci (**Tableau 2**). Donc les populations dans ce cas ne présentent pas un déficit mais plutôt un excès, en hétérozygotes par rapport à l'équilibre panmictique.

Tableau 2 : Paramètres de diversité intra-populations

Loci	Nombre d'allèles	PIC	He	Ho	F
PbL02	5	0,76	0,80	0,86	-0,07
PbL04	5	0,69	0,72	0,76	-0,06
PbL05	6	0,77	0,81	0,86	-0,06
PbL09	14	0,90	0,95	1	-0,05
PbL11	7	0,79	0,83	1	-0,20
PbL12	6	0,79	0,83	0,95	-0,15
PbL21	6	0,76	0,80	0,48	0,40
PbL22	9	0,83	0,87	0,57	0,35
Moyenne	7,25	0,79	0,83	0,81	0,02

3.2- Diversité inter-populations et structuration génétique

Le dendrogramme (**Figure 2**) est obtenu par l'analyse UPGMA, méthode de SAHN et a permis de montrer le niveau de diversité génétique des accessions collectées. Les distances génétiques qui ont permis de construire ce dendrogramme sont inscrites dans le **tableau 3**. La distance la plus faible est 0,31 tandis que la distance la plus élevée est 1,00. Le dendrogramme construit à partir des 58 allèles générés par les huit (8) loci polymorphes, a permis de classer les vingt-et-un accessions, en trois groupes.

D'abord, le groupe I renferme dix-sept (17) individus au total. Ces individus sont codés : P7B4 de la ZP, P5B3 de la ZP, P8A4 de la ZD, P7A4 de la ZTB, P4B11 de la ZP, P5A1 de la ZD, P7A4 de la ZD, P7A9 de la ZTB, P6A1 de la ZD, P9A3 de la ZTB, P8B10 de la ZP, P10A5 de la ZTB, P9B6 de

la ZP, P1B1 de la ZP, P3A19 de la ZTB, P10B5 de la ZP et P10A3 de la ZD. Ainsi, 41,18 % des individus du groupe I, sont de la ZP alors que 29,41 % de ces individus sont de la ZTB et de la ZD, chacune.

Ensuite, le groupe II est constitué des deux (2) individus qui sont : P5A3 et P2A6. Tous ces deux (2) individus du groupe II, sont de la ZTB. Donc le groupe II renferme 100 % d'individus de la ZTB.

Enfin, le groupe III comporte aussi deux (2) individus : P4A9 de la ZTB et P5A4 de la ZD. Ce groupe dispose de 50 % d'individus de la ZTB et 50 % de la ZD.

Cette classification des vingt-et-un accessions en trois groupes est globalement confirmée par l'analyse en Coordonnées Principales (PCoA) avec l'accession P2A6 du groupe 2, mal classée (**Figure 3**). Les deux axes du repère expriment 72,58 % de la diversité génétique avec 41,80 % pour l'axe 1 et 30,78 % pour l'axe 2.

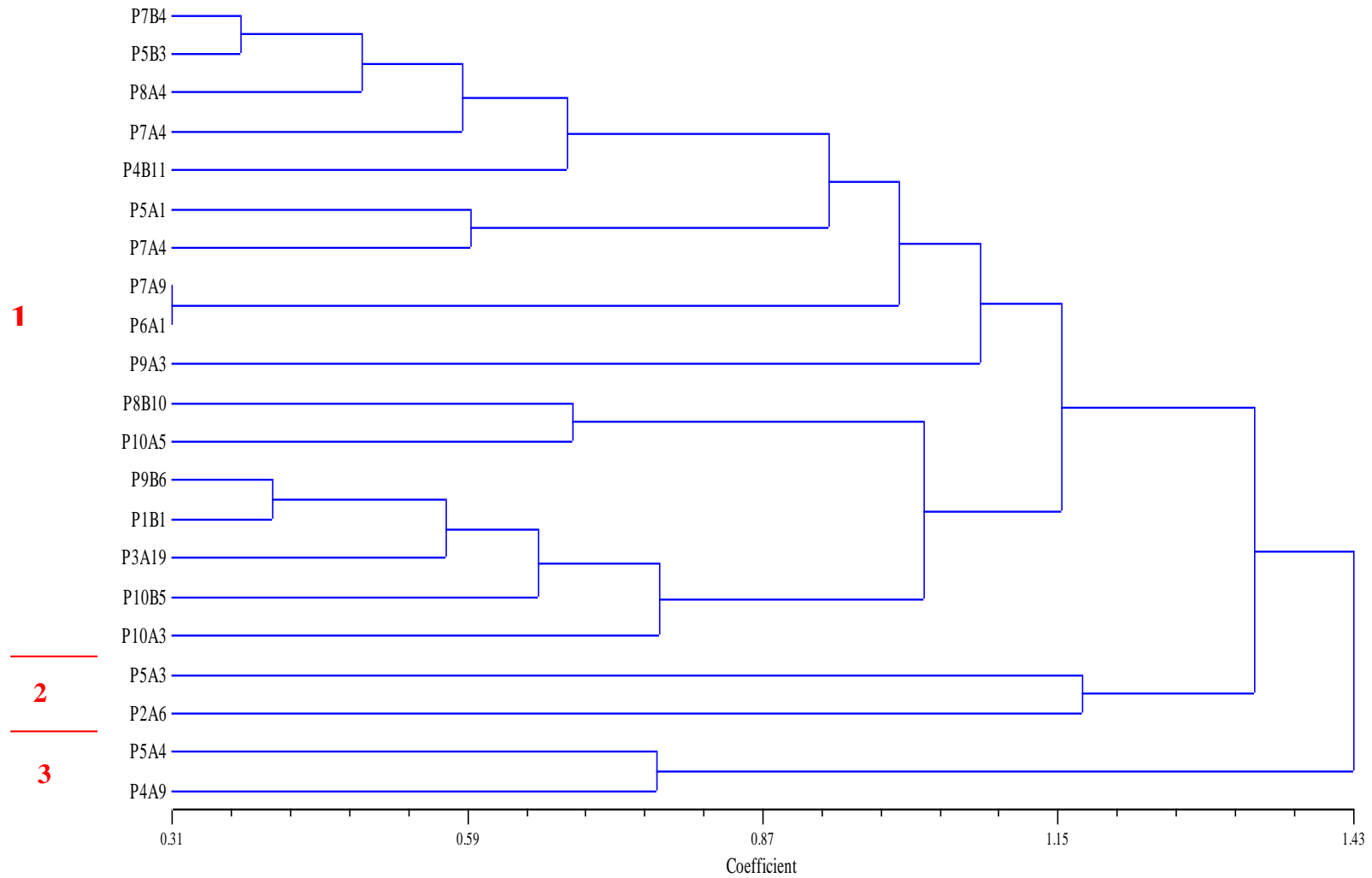


Figure 2 : Dendrogramme montrant les relations génétiques entre les accessions de *Parkia biglobosa* par analyse UPGMA, méthode SAHN utilisant le coefficient de [27]

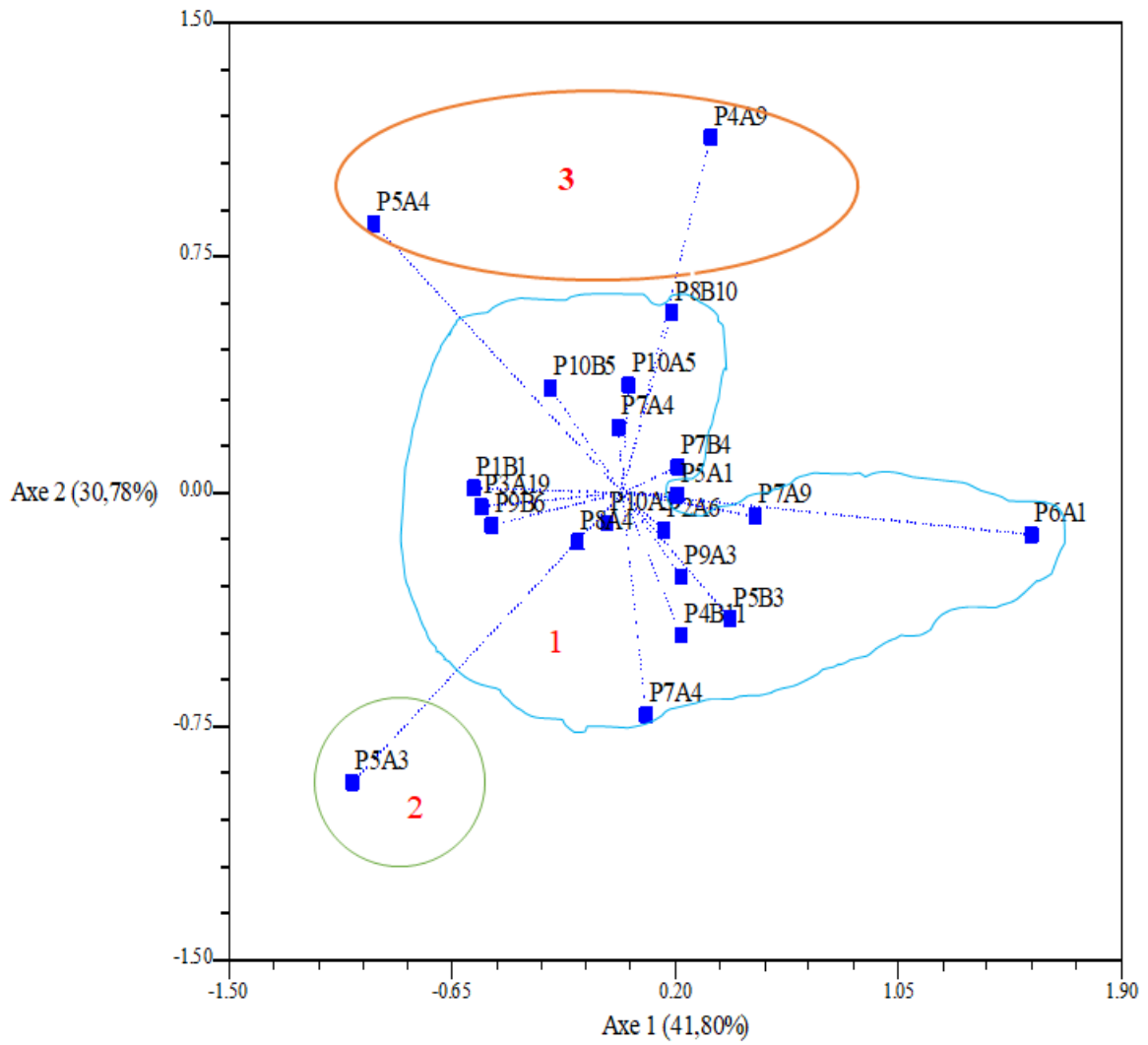


Figure 3 : Diagramme d'Analyse en Coordonnées Principales (PCoA)

Tableau 3 : Matrice de distances génétiques

	7B4	8B10	10A5	5A3	9B6	4B11	5B3	3A19	9A3	1B1	2A6	7A9	10A3	8A4	5A4	5A1	6A1	7A4	4A9	7A4	10B5
7B4	,00																				
8B10	,88	,00																			
10A5	,91	,69	,00																		
5A3	,95	,98	,99	,00																	
9B6	,79	,90	,91	,80	,00																
4B11	,95	,90	,91	,99	,76	,00															
5B3	,37	,91	,91	,95	,66	,44	,00														
3A19	,91	,90	,93	,92	,63	,92	,95	,00													
9A3	,92	,94	,94	,97	,94	,94	,98	,99	,00												
1B1	,91	,90	,91	,99	,41	,92	,91	,51	,92	,00											
2A6	,91	,81	,96	,92	,93	,91	,96	,93	,98	,88	,00										
7A9	,91	,90	,93	,95	,91	,91	,79	,96	,92	,93	,93	,00									
10A3	,96	,90	,76	,92	,76	,92	,95	,76	,92	,63	,93	,76	,00								
8A4	,54	,90	,63	,80	,63	,76	,44	,93	,76	,92	,00	,91	,76	,00							

5A4	,93	,95	,73	,95	,93	,00	,99	,96	,98	,93	,99	,96	,96	,88	,00							
5A1	,95	,93	,93	,92	,92	,92	,66	,96	,92	,96	,93	,93	,92	,51	,91	,00						
6A1	,95	,93	,93	,00	,99	,92	,66	,99	,95	,00	,91	,31	,93	,93	,00	,76	,00					
7A4	,91	,99	,91	,95	,73	,96	,63	,91	,91	,91	,90	,91	,88	,88	,90	,59	,93	,00				
4A9	,90	,92	,95	,99	,92	,92	,95	,95	,97	,92	,95	,99	,92	,95	,77	,92	,92	,92	,00			
7A4	,63	,99	,91	,95	,88	,59	,40	,91	,91	,91	,90	,88	,88	,73	,95	,93	,73	,90	,99	,00		
10B5	,98	,69	,92	,97	,76	,94	,98	,61	,93	,61	,91	,99	,94	,92	,94	,95	,99	,91	,83	,91	,00	

4. DISCUSSION

Parkia biglobosa est une espèce de grande importance socio-économique dont les graines sont d'une grande consommation et font l'objet d'un commerce régional par les communautés locales dans son aire de distribution en Afrique de l'Ouest. Cependant des pressions multiformes menacent la survie des parcs de l'espèce dans de nombreuses zones à travers l'Afrique de l'Ouest en général et dans les zones agro-écologiques du Bénin en particulier. Dès lors, des mesures visant à préserver l'espèce pour une utilisation durable s'avèrent une nécessité. La présente étude sur la variation génétique des populations de *Parkia biglobosa* de trois zones agro-écologiques du Sud Bénin, a mis en évidence une forte diversité génétique de l'espèce. Par ailleurs, la différenciation génétique entre populations s'est révélée faible et conforme à la biologie de la reproduction et à la distribution géographique de l'espèce. Il est à noter que l'étendue de l'aire de répartition, le système de reproduction, le mode de dispersion des semences et la densité des populations peuvent constituer des facteurs déterminants du niveau de diversité génétique de *Parkia biglobosa* [11].

En effet, toutes les collections des trois zones agro-écologiques en étude que sont : zone agro-écologique des terres de barre, zone agro-écologique de la dépression et zone agro-écologique des pêcheries, sont riches en individus hétérozygotes, avec un taux moyen d'hétérozygotie observé estimé à 0,81. Cela peut s'expliquer en partie par le système de reproduction du *Parkia biglobosa* qui est préférentiellement allogame avec toutefois

la possibilité d'autogamie, quoique limitée par un système d'auto incompatibilité. Ainsi le système de reproduction pourrait expliquer à juste titre, le niveau de diversité génétique élevé chez *Parkia biglobosa* car par exemple, [28] établissent que les espèces allogames, pollinisées par les animaux présentent un niveau de diversité génétique plus élevé que les autres catégories d'espèces. Les valeurs de l'hétérozygotie attendue ($H_e = 0,83$), du taux de polymorphisme (100 %) et de la richesse allélique moyenne ($A = 7,25$ allèles par locus) traduisent une diversité génétique notable des morphotypes de *Parkia biglobosa* des zones d'étude. Le marqueur le plus discriminant est le marqueur PbL09 avec un PIC de 0,90 tandis que le marqueur le moins discriminant est le marqueur PbL04 avec un PIC de 0,69. La valeur moyenne du PIC est estimée à 0,79. Trois groupes ont été identifiés avec une distance génétique comprise entre 0,31 et 1,00 et un taux d'allèles rares estimé à 24,13 % de l'ensemble. Remarquons que le taux de polymorphisme (P), le taux moyen d'hétérozygotie attendue (H_e), obtenus dans cette présente étude, sont respectivement plus grands que ceux estimés pour les espèces tropicales qui sont généralement de $P = 60,9$ % et $H_e = 0,21$ [29]. Mieux, en dehors du taux de polymorphisme maintenu à 100 %, le nombre moyen d'allèles (A) et le taux moyen d'hétérozygotie attendu (H_e), sont également plus grands dans notre étude que ceux obtenus par [11] en 2006 dans ses travaux de recherches sur la diversité de l'espèce au moyen de l'électrophorèse enzymatique, où il a plutôt trouvé $A = 4,13$ et $H_e = 0,34$. En comparaison avec les études antérieures, faites par [17] sur la diversité génétique au moyen de dix (10)

marqueurs RAPD, montrant au total 53 allèles, un PIC moyenne de 8,1 et un pourcentage de ressemblance génétique intra-populations estimé à 99,51, on conclut qu'il existe ici, une large diversité génétique des populations de *Parkia biglobosa*. Signalons que cette large variance génétique intra et inter populations observée dans la présente étude, provient de l'utilisation des marqueurs microsatellites SSRs, qui sont des marqueurs moléculaires co-dominants, hautement polymorphes, à locus spécifique par rapport aux systèmes d'électrophorèse enzymatique et aux RAPD.

Par ailleurs, la comparaison avec des espèces de zones tempérées dont la moyenne du taux d'hétérozygotie est de 0,15 [29] indique un niveau d'hétérozygotie attendue chez *Parkia biglobosa* plus élevé quand bien même quelques espèces exhibent une diversité génétique plus importante. Ce sont notamment *Faidherbia albida* avec $He = 0,45$ [30] et *Picea sitchensis* (Bong) avec $He = 0,580$ [31]. Le niveau et la répartition de la diversité génétique d'une espèce sont déterminés par une série de caractéristiques génétiques, écologiques et par l'histoire évolutive de cette espèce [28 ; 29 ; 32]. L'importance relative des facteurs écologiques et historiques dépend de l'échelle spatiale et temporelle des études menées [33]. L'étendue de l'aire de répartition, le système de reproduction et la densité des populations peuvent constituer des facteurs déterminants du niveau de diversité génétique élevée de *Parkia biglobosa* dans les zones agro-écologiques en étude. En effet, l'étendue de l'aire de répartition est en effet considérée comme le principal prédicteur de la diversité génétique intra-populations, les grandes étendues continues

facilitant le maintien d'un niveau de diversité génétique élevée chez les plantes. En effet, elles sont moins soumises aux effets de la dérive génétique (fixation de gènes), exhibant de ce fait une plus grande variation génétique [34]. En outre, l'implication active de chauve-souris et d'insectes, principalement les abeilles dans la pollinisation de *Parkia biglobosa*, favorise un échange de gènes entre individus d'une population et contribue ainsi à maintenir élevé le niveau de diversité génétique. Dans les populations naturelles d'espèces végétales, la plus forte diversité est attendue au centre de l'origine et cette diversité tend à décroître au fur et à mesure qu'on s'éloigne du centre d'origine.

5- CONCLUSION

La présente étude sur la variation génétique des populations de *Parkia biglobosa* des trois zones agro-écologiques du sud Bénin, en étude, a permis, au moyen de huit (8) marqueurs microsatellites SSRs, de révéler une diversité intra et inter populations. La collection étudiée est globalement structurée en trois groupes génétiques. Ces résultats obtenus, permettront l'amélioration ou la conservation des ressources génétiques de l'espèce.

Au vu des multiples biens et services rendus dans différents domaines, aux populations africaines en général, et celles béninoises en particulier, par l'espèce, nous suggérons surtout :

- d'étendre ce travail dans toutes les autres zones agro-écologiques du Bénin afin d'évaluer la diversité génétique de cette espèce de grande importance sur le plan national ;

- de mettre en place un programme de conservation *in situ* et de conservation *ex situ* de *Parkia biglobosa* pour empêcher sa disparition ;
- d'approfondir ce travail en prenant en compte les éventuelles influences engendrées par les types de sols en présence dans les zones agro-écologiques cibles ;
- d'approfondir également ce travail en prenant en compte les éventuelles influences climatiques caractéristiques des diverses zones agro-écologiques en étude ;
- de sensibiliser les populations en général et celles rurales en particulier, sur les pratiques adéquates à adopter désormais vis-à-vis de l'espèce dans son milieu de vie.

6- REMERCIEMENTS

Sincères remerciements à la Fondation Internationale pour la Science (FIS) pour le financement de ce travail.

7- CONFLITS D'INTERÊTS

Les auteurs déclarent qu'ils n'ont pas d'intérêts concurrents.

8- CONTRIBUTION DES AUTEURS

Ce travail a été réalisé en collaboration entre tous les auteurs. L'auteur KK a conçu l'étude, collecté et analysé les données et rédigé le manuscrit. Les auteurs BA et RIA ont contribué à l'analyse des données et à la rédaction du manuscrit. L'auteur AAM a lu le protocole et amélioré le manuscrit rédigé. L'auteur PS a aidé à l'analyse moléculaire. Les auteurs CA et JCG ont validé le projet de recherche et ont contribué de manière significative au manuscrit. Tous les auteurs ont lu et approuvé le manuscrit final.

9- REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- [1]- **Eyog-Matig O, Adjanohoun E, de Souza S, Sinsin B. (eds) (1999).** Réseau « Espèces Ligneuses Médicinales ». Compte rendu de la première réunion du Réseau, tenue les 15-17 décembre 1999 à la Station IITA Cotonou, Bénin. Institut International des Ressources Phytogénétiques, 141 p.
- [2]- **Eyog-Matig O, Gaoué OG, Dossou B. (eds) (2002).** Réseau « Espèces Ligneuses Alimentaires ». Compte rendu de la première réunion du Réseau tenue les 11-13 décembre 2000 au CNSF Ouagadougou, Burkina Faso. Institut International des Ressources Phytogénétiques, 235 p. + annexe.
- [3]- **Gutierrez ML (2000).** Production et commercialisation de l'Afitin fon dans la région d'Abomey-Bohicon au Bénin. CERNA, CNEARC, CIRAD, 114 p. + annexes.
- [4]- **Gbédji EKY (2003).** Caractérisation morphologique et structurale des parcs à néré (*Parkia biglobosa* (Jack.) R. Br. Ex. G. Don.) au Bénin. Thèse d'Ingénieur Agronome, Université d'Abomey-Calavi, Faculté des Sciences Agronomiques, 109 p. + annexes.
- [5]- **Ouédraogo AS (1995).** *Parkia biglobosa* (Leguminosae) en Afrique de l'Ouest : biosystématique et amélioration. Thèse de Doctorat. Université Agronomique de Wageningen, Institute for Forestry and Nature Research, IBNDLO, Wageningen, Netherlands, 205 p.
- [6]- **Hall JB, Thomlinson HF, Oni PI, Buchy M, Aebischer DP (1997).** A monograph of *Parkia biglobosa*. School of Agricultural and Forest Sciences Publication N°9, Bangor, University of Wales, 107 p.

- [7]- **Fandohan S (1983)**. Une étude sur l'importance socio-économique de quelques produits de cueillette (*Parkia biglobosa* Benth, et *Irvingia gabonensis* Baill) en République Populaire du Bénin. Thèse d'Ingénieur Agronome. Université Nationale du Bénin, Faculté des Sciences Agronomiques.
- [8]- **Gutierrez ML, Juhé-Beaulaton D (2002)**. Histoire du parc à néré (*Parkia biglobosa* Jacq. Benth.) sur le plateau d'Abomey (Bénin) : de sa conservation pour la production et la commercialisation d'un condiment, l'afitin. *Cahiers d'Outre-mer*, 220: 453-474.
- [9]- **Koura K (2003)**. Contribution à l'étude ethnobotanique du néré [*Parkia biglobosa* (Jacq.) R. Br. ex G. Don] dans les départements de l'Atacora et de la Donga : Aspects socioculturels. Mémoire de DESS en Aménagement et Gestion des Ressources Naturelles option Sciences et Techniques Forestières, Université d'Abomey-Calavi, Faculté des Sciences Agronomiques, 94 p. + annexes.
- [10]- **Dotchamou OFT (2012)**. Modélisation de la production fruitière du *Parkia biglobosa* [(jack.) R. Br. Ex. G. Don.] (nééré) autour de la forêt classée de N'Dali. Mémoire Master, Université de Parakou. 57 p. + Annexes.
- [11]- **Sina S (2006)**. Reproduction et diversité génétique chez *Parkia biglobosa* (Jacq.) G. Don. PhD thesis Wageningen University, 102 p.
- [12]- **Odunfa SA (1985)**. Biochemical changes in fermentation African locust bean (*Parkia biglobosa*) during iru fermentation. *International Journal of Food Science and Technology*, 20 (3) 295-303.
- [13]- **Beaumont M (2002)**. Flavouring composition prepared by fermentation with *Bacillus* spp., *Int J Food Microbiol* 75, 189–196.
- [14]- **Azokpota P (2005)**. Etude de la dynamique physico-chimique et microbiologique de la fermentation des graines de néré (*Parkia biglobosa*) pour la production de l'afitin, de l'iru et du sonru. Thèse de Doctorat unique. Université d'Abomey-Calavi (Bénin) - Université Royale, Agricole et Vétérinaire de Copenhague (Danemark), 171 p.
- [15]- **Azokpota P, Houngbo HY, Akissoé NH (2011)**. Aptitude stabilisatrice des conservateurs traditionnels de l'afitin, condiment africain à base de graines de néré (*Parkia biglobosa* Jack. P. Br). *Cahiers Agricultures*. Volume 20, Numéro 6, 494-9.
- [16]- **Koura K (2014)**. Gestion durable des parcs à *Parkia biglobosa* (Jacq.) R. Br. du Nord-Bénin (Afrique de l'Ouest) : ethnobotanique, structure, caractéristiques physico-chimique et génétique. Thèse de Doctorat Unique en Sciences Agronomiques / EDSAE / FSA / UAC. Dépôt légal N°10985 du 08 janvier 2019, 1^{er} trimestre 2019, Bibliothèque Nationale (BN), ISBN 978 – 99982 – 910 – 1 – 0. 204 p. + annexes.
- [17]- **Amusa O, Adenubi A, Adeboyo O, Ojobo O, Olumayowa O, Solomon O, Taiwo O (2014)**. Caractérisation moléculaire de *P. biglobosa* dans différentes zones agro-économiques du Nigéria au moyen des RAPD (Research article).
- [18]- **Lassen KM, Kjaer ED, Ouédraogo M (2014)**. Microsatellite Primer for

- Parkia biglobosa* Application in plant Sciences 2014 2(6); 1400024: <http://WWW.BIOONE.OAG/loi/apps>
- [19]- **Duplat P, Perrote G (1981)**. Inventaire et estimation de l'accroissement des peuplements forestiers. Office National des Forêts. Section technique, 432 p.
- [20]- **Frankie GW, Baker HG, Opler PA (1974)**. Tropical Plant Phenology: Applications for study in community ecology. In: Lieth H, ed. Phenology and seasonality modeling. Springer-Verlag, Berlin: 287-296.
- [21]- **Gawel NJ, Jarret RL (1991)**. A modified CTAB in MATAB: DNA extraction procedure for Musa and Ipomoea. Plant. Mol. Rep. 9: 262-266.
- [22]- Biodiversity International : utilisation des marqueurs moléculaires dans les études de diversité génétique des plantes : module d'enseignement, https://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/user_upload/online_library/publications/pdfs/Molecular_Markers_Volume_1_fr.pdf Page 264.
- [23]- **Agbo RI, Missihoun AA, Montcho D, Dagba RA, Sédah P, Agbangla C (2022)**. Spatial Scale Patterns of Genetic Diversity and Gene Flow in Populations of Sweet Detar (*Detarium microcarpum* Guill. & Perr.; Fabaceae). Annual Research & Review in Biology 37(5): 44-61.
- [24]- **Rohlf, FJ (2000)**. NTSYS- pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, vs 2.11a. Exeter Publication, New York, USA.
- [25]- **Nei M (1987)**. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.
- [26]- **Slatkin M (1975)**. Gene flow and selection in a two-locus system, *Genetics*, Volume 81, Issue 4, 1. Pages 787–802, <https://doi.org/10.1093/genetics/81.4.787>
- [27]- **Nei M (1972)**. Genetic distance between populations. Am. Nat. 106: 283–292.
- [28]- **Hamrick JL, Godt MJ, Sherman-Brolles SL (1992)**. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. New Forests 6: 95-124.
- [29]- **Loveless MD (1992)**. Isozymes variation in tropical trees: patterns of genetic organisation. New Forests 6: 67-94.
- [30]- **Joly HI, Zeh-Nlo M, Danthu P, Aygalent C (1992)**. Population genetics of an African Acacia: *Acacia albida*. I. Genetic diversity of populations from West Africa. Australian Journal of Botany 40: 59-73.
- [31]- **Gapare WJ, Aitken SN, Ritland CE (2005)**. Genetic diversity of core and peripheral Sitka spruce (*Picea sitchensis* (Bong) Carr) populations: implications for conservation of widespread species. Biological Conservation 123: 113-123.
- [32]- **Yeh FC (2000)**. Population genetics. In: Young A, Boshier D & Boyle T (eds) Forest Conservation Genetics: Principle and practice, pp 21-37.
- [33]- **Rivera-Ocasio E, Aide MT, McMillan WO (2002)**. Patterns of genetic diversity and biogeographical history of the tropical wetland tree, *Pterocarpus officinalis* (Jacq.), in the Caribbean basin. Molecular Ecology 11: 675-683.
- [34]- **Mitton JB (1983)**. Conifers. In: Tanksley SD & Orton TJ (eds) Isozymes in plant genetics and breeding Part B. Elsevier, pp 443-472.