

# KEAFish

## La biodiversité, la biogéographie et l'histoire évolutive des bassins septentrionaux des Grands Lacs Africains: les énigmatiques ichtyo-faunes des lacs Kivu, Edward et Albert revisités

DURÉE  
15/12/2020 - 15/03/2025

BUDGET  
487 668€

### DESCRIPTION DU PROJET

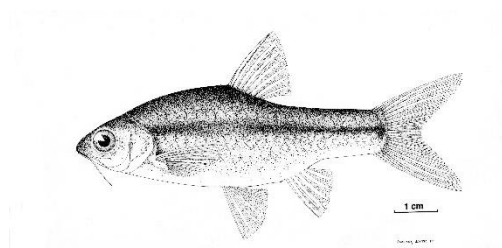
La région des lacs Kivu, Edward et Albert (KEA) de la vallée du rift septentrional en l'Afrique de l'Est est l'une des régions les plus énigmatiques en termes de biogéographie. La région est située à l'intersection de trois grandes provinces ichtyo-géographiques (Nilo-Soudanienne, Orientale et Congolaise), présente une histoire tectonique turbulente. Elle a probablement agi comme un réservoir d'espèces lors des changements climatiques, comme la grande sécheresse d'il y a environ 15000 ans, qui a abouti à une dessiccation presque complète du lac Victoria. Récemment, nous avons étudié la taxonomie de plusieurs groupes de poissons et avons produit des check-listes pour des parties de la région KEA et des zones adjacentes. Il est devenu clair qu'il est nécessaire de réviser le puzzle biogéographique décrit ci-dessus. Puisqu'une base taxonomique solide est cruciale pour interférer des scénarios biogéographiques, nous réviserons certains groupes clés.

Nous combinerons la taxonomie classique avec des méthodes de séquençage standard et des techniques génomiques récentes pour fournir une caractérisation complète de l'ichtyo-faune de cette région. Ce travail fournira de l'information clé sur l'histoire biogéographique de la région, évaluera son rôle en tant que refuge et testera son rôle en tant qu'origine de quelques 600 espèces de la radiation des haplochromines du lac Victoria. Notre hypothèse est qu'une origine hors Kivu pour les cichlidés et non-cichlidés, et le rôle des refuges des lacs KEA ont façonné dans une large mesure l'ichtyodiversité de la région.

(1) Nous effectuerons un COI-scan de tous les groupes de poissons de la région, à l'exception des haplochromines et compléterons cela avec des marqueurs nucléaires si nécessaire. Toutes les données génétiques seront mises à disposition sur GenBank. Nous résoudrons ensuite les problèmes taxonomiques révélés, pour créer la base solide pour formuler des scénarios évolutifs et biogéographiques. Les données de collecte seront disponibles dans GBIF et de nouvelles données biologiques seront introduites dans FishBase.

(2) En raison de la nature non-informative pour des haplochromines des résultats des techniques de séquençage standard, nous nous concentrerons sur le séquençage du génome entier pour ce groupe. Nous nous concentrerons particulièrement sur le lac Albert et les habitats fluviaux, car le lac Édouard fait déjà partie d'un programme FWO-PhD en cours. Pour cela, les échantillons doivent être correctement identifiés. Ainsi, une révision morphométrique des espèces du lac Albert est incluse.

(3) Nous utiliserons le séquençage du génome entier pour les non-haplochromines sélectionnées afin d'acquérir les détails nécessaires pour affiner les scénarios évolutifs et ichtyo-géographiques. Ceux-ci comprennent le genre de cyprinidés *Enteromius*, riche en espèces, le cichlidé répandu, *Oreochromis niloticus*, et les espèces de poisson-chat *Clarias liocephalus* et *C. gariepinus*. Pour ce dernier, une publication récente a suggéré le rôle possible des Grands Lacs, et en particulier du lac Kivu, comme centre de diversification à partir duquel l'espèce s'est répandue en Afrique. Si cela vaudrait également pour *O. niloticus*, le lac Kivu serait le berceau de deux des espèces de poissons tropicaux les plus cultivées au monde. Les lectures de séquençage brutes seront déposées dans le NCBI Sequence Read Archive.



# KEAFish

Le projet est principalement un projet scientifique. Par conséquent, la valorisation cible principalement un public scientifique, via des publications et des présentations. Cependant, l'impact du projet va au-delà de cela. La région étudiée est soumise à un stress anthropique considérable. Les poissons non-indigènes sont introduits partout et constituent une menace croissante et la surpêche est omniprésente. Un inventaire de la diversité des espèces indigènes et de leur intégrité génétique est nécessaire pour la conservation et la gestion durable des pêches. Les résultats du génome entier pour les deux espèces commerciales, *C. gariepinus* et *O. niloticus*, peuvent révéler de l'information importante sur la divergence génétique des différentes populations. En outre, des signaux d'hybridation éventuelle par introduction humaine, deviendront disponibles comme information de base pour la gestion des pêches et de l'aquaculture.

Le projet valorisera les importantes collections historiques et récentes du MRAC et, en même temps, ces collections constituent une condition préalable essentielle à la réussite du programme de recherche. Il contribuera considérablement au rôle du MRAC comme l'un des principaux acteurs de l'initiative de codage à barres sur les poissons africains et pour les analyses du génome entier de ces poissons. Le projet complétera un programme de doctorat FWO en cours et une collaboration avec le 'Joint Experimental Molecular Unit' (JEMU) et le laboratoire Svardal de l'Université d'Anvers.

Nous valorisons le projet en termes de renforcement des capacités en formant un membre de l'équipe ougandaise et congolaise à l'identification des poissons et à la taxonomie. De plus, nous établirons un lien avec le volet formation du projet FishBase-for-Africa en proposant des études de cas guidées, liées aux espèces étudiées dans le cadre du projet. Cette situation gagnant-gagnant fournira une formation supplémentaire et une sensibilisation des scientifiques africains qui ne sont pas directement impliqués dans le projet.



## COORDONNEES

### Coordinateur

#### **Jos Snoeks**

Musée royal de l'Afrique Centrale (MRAC)  
Département Biologie  
[jos.snoeks@africamuseum.be](mailto:jos.snoeks@africamuseum.be)

### Partenaires

#### **Eva Decru**

Katholieke Universiteit Leuven (KU Leuven)  
Biology Department  
[eva.decru@kuleuven.be](mailto:eva.decru@kuleuven.be)

#### **Hannes Svardal**

Universiteit Antwerpen (UAntwerpen)  
Department of Biology  
[hannes.svardal@uantwerpen.be](mailto:hannes.svardal@uantwerpen.be)

#### **Maarten Van Steenberge**

Institut royal des Sciences Naturelles de Belgique (IRSNB)  
DO Taxonomie et Phylogénie  
[m.vansteenberge@naturalsciences.be](mailto:m.vansteenberge@naturalsciences.be)

#### **Kisikelwa Tchalondawa**

Institut Supérieur Pédagogique de Bukavu (ISP)  
Sciences exactes  
[kisengoia@yahoo.fr](mailto:kisengoia@yahoo.fr)

#### **William Okello**

National Fisheries Resources Research Institute (NaFIRRI)  
Capture Fisheries and Biodiversity Conservation Programme  
[wokello@gmail.com](mailto:wokello@gmail.com)