

Expression de la variabilité à travers l'ADN nucléaire chez *Ferula communis* L. (Umbelliferae)

Autor(en): **Cauwet-Marc, A.M. / Delseny, M.**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Candollea : journal international de botanique systématique = international journal of systematic botany**

Band (Jahr): **41 (1986)**

Heft 1

PDF erstellt am: **22.07.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-879979>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Expression de la variabilité à travers l'ADN nucléaire chez *Ferula communis* L. (Umbelliferae)

A. M. CAUWET-MARC
&
M. DELSENY

RÉSUMÉ

CAUWET-MARC, A. M. & M. DELSENY (1986). Expression de la variabilité à travers l'ADN nucléaire chez *Ferula communis* L. (Umbelliferae). *Candollea* 41: 63-67. En français, résumé anglais.

L'extrême variabilité des caractères observés chez plusieurs populations de *Ferula communis* L. ne se traduisant pas au niveau du nombre chromosomique ($2n = 22$) et du caryogramme, des dosages de l'ADN nucléaire ont été réalisés par cytophotométrie. Les quantités définies permettent de séparer les populations dont certaines se rattachent à des sous-espèces différentes.

ABSTRACT

CAUWET-MARC, A. M. & M. DELSENY (1986). Variability expression through nuclear DNA by *Ferula communis* L. (Umbelliferae). *Candollea* 41: 63-67. In French, English abstract.

The extreme variability of the observed characters in several populations of *Ferula communis* L. does not affect the chromosome number ($2n = 22$), and the karyogram. For that reason analyses of nuclear DNA were performed by cytophotometry. The quantitative results allow to separate the populations some of which belong to different sub-species.

Introduction

La première approche du complexe *Ferula communis* L. dans 22 populations du Midi de la France (CAUWET-MARC, 1981a) nous avait conduit à prendre en considération quatre groupes de caractères: la biométrie des fruits (longueur et largeur mesurées sur 100 fruits de chaque population), leur anatomie (nombre de bandelettes valléculaires dorsales et commissurales, présence ou absence de canaux sécréteurs extra-libériens), la morphologie et l'anatomie des plantules, le nombre et la morphologie des chromosomes.

Alors que le nombre diploïde de chromosomes restait uniformément égal à 22 et que les caryogrammes établis pour chaque population étaient identiques, les autres caractères présentaient une grande variabilité sans qu'il soit possible pour autant de noter une réelle discontinuité. Seuls quelques-uns d'entre eux se distinguaient par des différences qualitatives; c'est ainsi qu'il était possible d'ajouter aux caractères déjà utilisés dans les diagnoses, la forme des ailes du méricarpe, le degré de découpe de la première feuille adulte stérile, les caractères de l'épiderme et des stomates des cotylédons, pour définir chacune des sous-espèces *communis* et *glauca* (L.) Rouy et Camus dont nous pouvions ainsi affiner la description.

Face à cette situation particulièrement complexe de nombreux points de vue, il pouvait paraître paradoxal que le nombre chromosomique et le caryogramme soient les seuls caractères à demeurer apparemment invariables. C'est la raison pour laquelle il a semblé intéressant d'examiner pour chaque population d'autres caractères du noyau: dans un premier temps le dosage de la quantité totale de DNA nucléaire a été retenu.

Dans cet article nous rapportons la détermination de la quantité totale de DNA nucléaire dans quatre populations. Ces résultats sont discutés à la lumière d'observations réalisées en parallèle sur les gènes nucléaires codant pour les ARN ribosomiques (OLMEDILLA & al., 1985).

Matériel et méthodes

Quatre populations de *Ferula communis* L. ont été étudiées:

- 82 102 Anduze (France — Gard)
- 83 09 La Clape (France — Aude)
- 82 106 Moyen Atlas (Maroc)
- 82 100 Saint Mandrier (France — Var)

Les trois premières populations se rattachent jusqu'ici à la subsp. *communis*, la quatrième appartient à la subsp. *glauca*.

Afin de mieux cerner les limites de la variabilité à l'intérieur d'une même population, les fruits ont été prélevés sur l'ombelle terminale de deux pieds différents et semés en serre.

Les plantules issues de ces germinations ont été fixées au F.A.A. 75° pendant 24 heures. Les coupes de 8 µm d'épaisseur sont colorées selon la méthode de Feulgen. Les quantités d'ADN sont déterminées selon la méthode de la double longueur d'onde d'ORNSTEIN (1952) et PATAU (1952). Pour la coloration réalisée, les longueurs d'onde d'analyse étaient 510 nm et 575 nm. Les masses d'ADN et les calculs statistiques sont établis à l'aide d'un ordinateur Hewlett Packard HP85A. Les quantités d'ADN ainsi calculées sont exprimées en UAF (Unités Arbitraires Feulgen). La conversion en picogrammes a été réalisée à la suite d'un étalonnage avec des préparations d'*Al-lium cepa* pour lequel la valeur 2C a été évaluée à 33.5 pg (VAN'T HOF, 1965).

Dans tous les cas et afin de ne pas introduire de variations dues à la nature des noyaux (BENNETT & SMITH, 1976) les mesures ont été réalisées sur des noyaux en interphase localisés dans des cotylédons âgés de 48 heures. Trente noyaux ont été retenus dans chaque cas.

Résultats

Les résultats sont consignés dans le tableau 1. La prise en compte de ces données permet de constater que, dans chacune des populations, les deux moyennes obtenues pour chaque pied sont différentes. Il convient donc d'estimer les chances pour que cette différence:

- ou bien reflète une différence vraie dans les populations d'origine; la différence est dite significative
- ou bien reflète les simples fluctuations d'échantillonnage (différence non significative).

Nous avons donc comparé ces moyennes en calculant l'écart-standard de la distribution des différences des moyennes (symbolisé par Sd) à partir des variances (carré de l'écart-type) et du nombre d'échantillons mesurés selon la formule

$$Sd = \sqrt{\frac{\delta_1^2}{n_1} + \frac{\delta_2^2}{n_2}}$$

dans laquelle δ_1 est l'écart-type de l'individu I, δ_2 , l'écart-type de l'individu II, n_1 , l'effectif de I et n_2 l'effectif de II.

Nous avons ensuite calculé d c'est-à-dire la différence entre les deux moyennes et comparé la valeur obtenue à $2 Sd$ ou à $2.6 Sd$.

- Si $d < 2 Sd$ la différence n'est pas significative
- Si $d > 2 Sd$ la différence est significative au seuil de 0.05
- Si $d > 2.6 Sd$ la différence est significative au seuil de 0.01.

Les différentes relations établies sont données dans le tableau 1.

	82.102 I	82.102 II	83.09 I	83.09 II	82.106 I	82.106 II	82.100 I	82.100 II
QDNA(UAF)	315,62 ⁺ -30,50	300,43 ⁺ -31,09	265,80 ⁺ -18,90	253,07 ⁺ -14,94	226,75 ⁺ -23,21	240,20 ⁺ -17,43	245,82 ⁺ -22,84	231,60 ⁺ -18,80
Ecart type	74,72	83,78	68,02	50,14	59,19	62,66	61,56	46,83
2C (pg)	4,10	3,90	3,33	3,29	2,95	3,12	3,16	2,90
82.102 I		NS	S 0,01	S 0,01	S 0,01	S 0,01	S 0,01	S 0,01
82.102 II			NS	S 0,01	S 0,01	S 0,01	S 0,01	S 0,01
83.09 I				NS	S 0,05	NS	NS	S 0,05
83.09 II					NS	NS	NS	NS
82.106 I						NS	NS	NS
82.106 II							S 0,01	S 0,01
82.100 I								NS
82.100 II								

Tableau 1. — Comparaison des quantités de DNA nucléaire des populations de *Ferula communis* L. Dans chaque cadre sont donnés, au-dessous du numéro de la population (82 102 I), la quantité de DNA en U.A.F. avec son intervalle de confiance (315.62 ± 30.50), l'écart-type (74.72) et la quantité de DNA correspondant à une valeur 2C en picogrammes (4.10 pg). Dans tous les cas, le nombre de noyaux mesurés est de 30. (NS = différence non significative; S 0.01 = différence significative à 0.01; S 0.05 = différence significative à 0.05).

Comparaison des quantités de DNA à l'intérieur d'une même population

Dans les quatre populations étudiées, la comparaison des moyennes obtenues pour chacun des deux pieds origine permet de constater qu'à l'intérieur d'une même population d est toujours inférieur à Sd : la différence n'est pas significative. Les variations observées sont dues uniquement aux fluctuations d'échantillonnage.

Dès lors chaque population peut être considérée comme un clone et il est possible de comparer entre elles, sans ambiguïté, les différentes récoltes, ce qui n'aurait pas pu être réalisé si une différence significative entre deux pieds d'une même population avait été observée.

Comparaison des quantités de DNA entre les différentes populations

La comparaison des quantités mesurées permet de constater que seule la population 82 102 est significativement différente des trois autres, à une exception près sur douze combinaisons possibles (82 102 II et 83 09 I). Par contre, dans la majorité des cas, la différence est non significative lorsqu'on compare entre elles les trois autres populations. On peut donc admettre globalement que 82 102 est plus éloignée de 83 09, 82 100 et 82 106 que ces trois dernières ne le sont entre elles.

De fait, lorsque l'on compare celles-ci deux à deux on constate que les différences dans les quantités de DNA ne sont pas significatives sauf dans un nombre limité de cas. Ainsi, l'un des pieds de 83 09 (83 09 I) diffère de 82 106 I et de 82 100 II; de même 82 106 II est significativement différent de 82 100. Bien que le mot "population" n'ait pas le même sens en statistique et en biologie (COMBES, 1980) et que la différence observée puisse résulter de facteurs extérieurs (âge des individus, saison des récoltes, changements dans la technique de fixation...), il apparaît que la standardisation de notre type d'approche nous permet d'écarter ces différents facteurs et que, en conséquence les différences observées traduisent bien une tentative d'isolement génétique.

Un certain nombre d'auteurs parmi lesquels GUERVIN & al. (1975) pour le genre *Callisia* (Commelinacées), GREILHUBER & al. (1981) pour *Scilla* (Liliacées) considèrent que, dans un microphyllum donné regroupant des espèces par ailleurs très proches, un taxon est d'autant plus primitif qu'il possède une quantité de DNA plus élevée. Si l'on admet ce point de vue, on doit considérer que 82 102 est la plus primitive des quatre populations étudiées.

Si cette hypothèse corrobore parfaitement les conclusions déjà émises sur des données morphologiques et paléogéographiques (CAUWET-MARC, 1981b), elle est par contre en désaccord avec les études réalisées précédemment sur les gènes ribosomiques de ces mêmes populations (OLMEDILLA & al., 1985). En effet sur les quatre populations étudiées, deux (82 100 et 83 09) ont un seul type d'unité ribosomique, les deux autres en ont deux pour 82 102 et sans doute trois pour 82 106. Or il paraît peu concevable qu'un taxon à deux types d'unités (82 102) soit plus primitif, du point de vue de ce caractère, qu'un taxon à une seule unité (82 100 ou 83 09).

Par ailleurs le nombre de copies de gènes ribosomiques a été établi pour chaque population (OLMEDILLA & al., 1985). Il est respectivement de 1210 chez 82 102, 1460 chez 82 100, 2290 chez 83 09 et 3900 chez 82 106.

Il convient donc de se poser un certain nombre de questions sur la possibilité d'utiliser simultanément ces différents types de caractères dans une étude phylétique. Il s'agit là d'un problème général et l'on peut concevoir que l'évolution des gènes ribosomiques se soit faite à une vitesse différente et en partie indépendante de celle de la quantité de DNA.

Conclusion

A la suite de cette étude permettant d'apprécier chez *Ferula communis*, la quantité totale de DNA dans les noyaux au repos nous sommes amenés à constater les faits suivants:

1. La différence entre les quantités de DNA n'est jamais significative lorsque l'on s'adresse à des noyaux appartenant à deux individus prélevés dans une même population. Chacune d'entre elles peut donc être caractérisée par son taux de DNA nucléaire.
2. La quantité de DNA la plus importante a été observée dans la subsp. *communis* (pour la population 82 102), elle est de 4.0 pg (2C) en moyenne pour soixante noyaux mesurés.

3. Compte-tenu des résultats précédemment acquis il apparaît que 82 106 est de tous les points de vue la population qui a le plus fortement divergé; il conviendra donc de rechercher si les différences observées se traduisent actuellement au niveau morphologique, anatomique ou physiologique et si elles sont suffisantes pour justifier son rattachement à une nouvelle sous-espèce.

REMERCIEMENTS

Nous remercions vivement M. le Professeur Hamel, Muséum national d'histoire naturelle de Paris, ainsi que M. Guervin et Le Coq pour l'aide bienveillante qu'ils nous ont apportée dans la réalisation de ce travail.

Nous remercions également très amicalement M. Joël Mathez de l'Institut de botanique de Montpellier qui a récolté pour nous les *Ferules* marocaines ainsi que M. le Professeur Paul Penon avec lequel nous avons toujours eu de fructueuses discussions.

Ce travail a été réalisé avec l'aide financière du Ministère de l'éducation nationale dans le cadre de l'appel d'offre "Aide à la biologie".

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BENNETT, M. D. & J. B. SMITH (1976). Nuclear DNA amounts in Angiosperms. *Phil. Trans. Roy. Soc. (London)* b 274: 227-274.
- CAUWET-MARC, A. M. (1981a). Le complexe *Ferula communis* dans ses populations du sud de la France et de la Corse. *Biol. Ecol. Médit.* 8(3-4): 101-118.
- CAUWET-MARC, A. M. (1981b). Le genre *Ferula* L. sur le pourtour du Bassin méditerranéen. *106^e Congrès Nat. Soc. Sav. Perpignan Sci.* 2: 77-87.
- COMBES, C. (1980). *ABC de parasitologie statistique*. 52 pages, ronéoté. Université de Perpignan.
- GUERVIN, C., C. LE COQ & J. LAROCHE (1975). Etude de la garniture chromosomique et des quantités d'ADN nucléaire; application à l'évolution du genre *Callisia* (Commelinacées). *Caryologia* 28(1): 45-56.
- GREILHUBER, J., B. DEUMLING & F. SPETA (1981). Evolutionary aspects of chromosome banding, heterochromatin, satellite DNA and genome size in *Scilla* (Liliaceae). *Ber. Deutsch. Bot. Ges.* 94: 249-266.
- OLMEDILLA, A., D. DELCASSO, M. DELSENY & A. M. CAUWET-MARC (1985). Variability in giant fennel (*Ferula communis* L. Umbelliferae) ribosomal RNA nuclear genes. *Plant. Syst. Evol.* 150: 263-274.
- ORNSTEIN, L. (1952). The distributional error in microspectrophotometry. *Lab. Invest.* 1: 250-256.
- PATAU, K. (1952). Absorption microphotometry of irregular shaped objects. *Chromosoma (Berlin)* 5: 341-362.
- VAN'T HOF, J. (1965). Relationships between mitotic cycle duration, S period duration and the average rate of DNA synthesis in the root meristem cells of several plants. *Expl. Cell Res.* 39: 48-58.

Adresses des auteurs: A. M. C.-M., Laboratoire de biologie végétale, Université, Avenue de Villeneuve, F-66025 Perpignan Cedex.

M. D., Laboratoire de physiologie végétale, Université, Avenue de Villeneuve, F-66025 Perpignan Cedex.

