

ADN ET TAXONOMIE DES POISSONS

Giacomo Bernardi, Véronique Pizon, Gérard Cuny,
Audrey Haschemeyer & Giorgio Bernardi
Laboratoire de Génétique moléculaire,
Institut Jacques Monod, Tour 43
2, Place Jussieu, 75231 Paris Cédex 05

Mots-clés : ADN, taxonomie, poissons

Key words : DNA, taxonomy, fishes

Résumé

Nous avons analysé par centrifugation en gradient de densité des préparations d'ADN obtenues à partir de 95 espèces de poissons, appartenant à 18 ordres d'Ostéichthyens et à 3 ordres de Chondrichthyens. Nous avons comparé les densités modales de flottaison en gradient de CsCl de ces préparations d'ADN avec la taxonomie proposée par Nelson. Dans la plupart des cas, les densités de flottaison des ADN dérivés d'espèces appartenant au même ordre sont identiques ou très proches. Quelques exceptions soulèvent toutefois des problèmes de taxonomie.

Summary

DNA and fish taxonomy

DNA was prepared from 95 fish species representing 18 Orders of Teleostei and 3 Orders of Chondrichthyes. DNA samples were investigated to determine modal buoyant densities in CsCl density gradients. We compared modal buoyant densities with the taxonomy proposed by Nelson. In most cases DNA buoyant densities of species belonging to the same Order are identical or very close. Some exceptions, however, raise some taxonomical problems.

INTRODUCTION

Depuis de nombreuses années, notre laboratoire est engagé dans une étude du génome nucléaire des vertébrés. L'un des résultats les plus importants obtenus dans ce domaine a été la découverte d'une différence substantielle dans l'organisation des séquences nucléotidiques des vertébrés à sang froid et des vertébrés à sang chaud. En effet, ces derniers présentent une très forte compartimentation compositionnelle de leur génome qui peut être résolu en un petit nombre de composants "légers" (ou pauvres en GC) et "lourds" (ou riches en GC) ; Les composants légers représentent *grosso modo* deux tiers du génome, les composants lourds un tiers du génome. Les vertébrés à sang froid, au contraire, sont caractérisés par des génomes qui sont beaucoup plus homogènes du point de vue de la composition et qui se différencient des génomes de vertébrés à sang chaud surtout par l'absence ou les très faibles quantités de composants lourds. Les hétérogénéités de composition dont nous parlons concernent des longues régions (>> 300 kilobases) d'ADN et vont de pair avec les bandes chromosomiques Giemsa et Reverse. Les verté-

