



LA CLASSIFICATION DE LA VIE : DE LA TAXONOMIE LINNÉENNE AU CODE-BARRES GÉNÉTIQUE

Depuis des siècles, les gens cherchent à nommer et à classer les êtres vivants mais, avec un nombre estimé de 10 à 100 millions d'espèces différentes sur Terre, ce n'est pas une mince tâche. La **taxonomie** traditionnelle (l'identification, la dénomination et la classification des êtres vivants), basée sur des caractéristiques physiques comme la taille, la forme, la couleur et la structure anatomique, a identifié un peu moins de 2 millions des espèces de notre planète. Les nouvelles technologies moléculaires, telles que le code-barres génétique, aident les scientifiques à augmenter ce nombre. C'est l'histoire de deux révolutions, à 250 ans d'écart, qui, ensemble, donnent les clés de la compréhension de la biodiversité terrestre.

La naissance de la taxonomie moderne

Déjà au XVIII^e siècle, Carl Linnaeus (1707-1778) est une vedette suédoise parmi les scientifiques. Ses travaux ont révolutionné la taxonomie, et son système taxonomique est encore utilisé aujourd'hui.

Avant que Linnaeus laisse sa marque, la nomenclature de classification utilisait de longues séquences encombrantes de descripteurs latins. Par exemple, le nom latin complet de l'abeille à miel était *Apis pubescens, thorace subgriseo, abdomine fusco, pedibus posticus glabris, untrinque margine ciliatus*. Facile à prononcer, n'est-ce pas? Linnaeus a simplifié et normalisé cette nomenclature en un **système binomial** (à deux noms) rendant compte du **genre** et de l'**espèce**, avec lequel nous, les *Homo sapiens*, sommes à l'aise aujourd'hui. Selon le système linnéen, l'abeille s'appelle beaucoup plus simplement *Apis mellifera*. Les noms valides de plantes et d'animaux les plus anciens sont dérivés de publications de Linnaeus, *Species Plantarum* (1753) et *Systema Naturae* (10^e éd., 1758).

Les termes *genre* et *espèce* sont empruntés à Aristote (384-322 avant notre ère), un philosophe et zoologiste grec de l'Antiquité. Il avait observé et classé les animaux présentant des caractéristiques semblables dans de larges groupes qu'il avait appelés *genera*, puis avait défini des espèces dans ces genres. Le premier système de classification d'Aristote était le plus complet et le plus perspicace. En particulier, sa distinction entre les animaux à sang (rouge) et les animaux qui n'en ont pas correspond à notre distinction entre vertébrés et invertébrés.

Linnaeus a également modifié la façon dont ces organismes, en particulier les plantes, étaient classés. Comme ses prédécesseurs taxonomistes, il a regroupé les plantes selon les caractéristiques physiques qu'elles partagent mais, au lieu de prendre en compte toute la plante, il s'est concentré sur l'anatomie de son système reproducteur. En simplifiant les critères de classification, Linnaeus a rendu la taxonomie botanique beaucoup plus facile à utiliser.

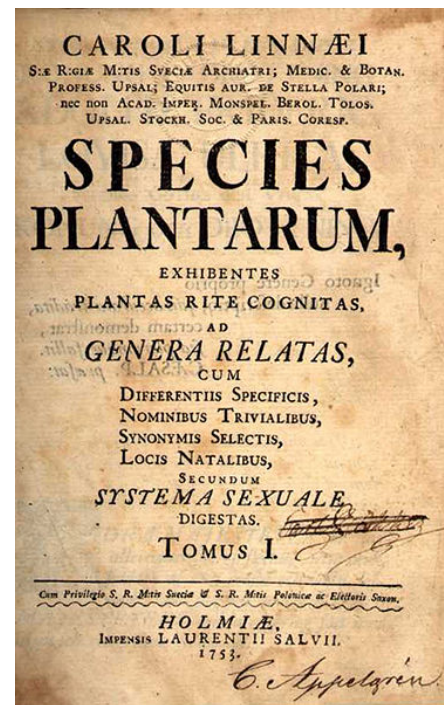


Figure 1 : *Species Plantarum* (1753) de Carl Linnaeus.

(http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Species_plantarum_001.jpg) Image du domaine public – Wikimedia Commons)



Il a classé à la fois les plantes et les animaux en **règnes** vastes, qu'il a subdivisés en **classes**, en **ordres**, en genres et, finalement, en espèces. Cela semble familier? Ce système est devenu la norme pour des générations de biologistes et est demeuré le squelette de notre système de classification moderne qui est constamment raffiné. Pour consulter un exemple de la façon dont les taxonomistes identifient les différentes espèces de vers de terre à l'aide de la **clé taxonomique**, cliquez [ici](#).

Un coup d'œil (ou trois) dans la cuisine taxonomique

Même si le système de classification linnéen est encore utilisé aujourd'hui, il présente certaines difficultés. Premièrement, tout système de classification basé sur la morphologie (caractéristiques physiques), qu'il soit nuancé ou pas, aboutit à des problèmes quand les spécimens sont endommagés ou incomplets. Si les définisseurs morphologiques d'une plante ou d'un animal ne sont pas intacts, l'identification peut être impossible.

Deuxièmement, beaucoup d'espèces présentent des morphologies radicalement différentes lors de leurs divers **stades de développement**. Un exemple connu est celui d'une chenille qui se transforme en papillon – la même espèce, mais avec une apparence totalement différente (voir Figure 2A et 1B ci-dessous).



Figure 2A : Chenille de monarque.

http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Monarch_caterpillar_on_swan_plant_branchlet.jpg Image du domaine public – Wikimedia Commons)

Figure 2B : Monarque adulte.

http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Monarch_In_June_6787d.jpg Image du domaine public – Wikimedia Commons)

La chenille du monarque (Figure 2A, gauche) et le monarque (Figure 2B, droite) constituent deux stades morphologiques distincts dans le développement de la même espèce (*Danaus plexippus*).

Troisièmement, le problème inverse survient avec les **espèces cryptiques**, ou des espèces différentes qui sont morphologiquement indifférenciables. Les [espèces cryptiques](#) se trouvent parmi les oiseaux, les papillons, les poissons, les grenouilles, les éléphants, les moustiques, les plantes et beaucoup d'autres groupes animaux. Les figures 3A et 3B sont un bon exemple d'espèces cryptiques – la grenouille léopard du Nord et du Sud.

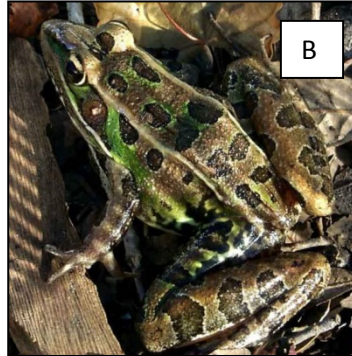


Figure 3A : Grenouille léopard du Nord (*Rana pipiens*)

([http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Northern_Leopard_Frog_\(Lithobates_pipiens\).jpg](http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Northern_Leopard_Frog_(Lithobates_pipiens).jpg) Image du domaine public – Wikimedia Commons)

Figure 3B : Grenouille léopard du Sud (*Rana sphenocephala*)

(http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Rana_sphenocephala.jpg Image du domaine public – Wikimedia Commons)

Comme vous pouvez l'imaginer, une identification linnéenne fiable des espèces exige un taxonomiste ayant suivi une formation d'expert, et même dans ces circonstances, il y a une limite pratique au nombre d'espèces qu'une personne peut discriminer!

La seconde révolution taxonomique – Code-barres génétique

En 2003, Paul Hebert, un scientifique de l'Université de Guelph, a mis au point une nouvelle technique d'identification des espèces basée sur le séquençage d'ADN (pour plus d'information sur le séquençage d'ADN, voir la [documentation sur le séquençage de Sanger](#)). Le code-barres génétique ressemble au code de produit universel (CPU) qui utilise la variation dans un groupe de barres noires afin de créer des identificateurs uniques pour les produits de consommation. Le code-barres génétique utilise les variations génétiques au niveau moléculaire existant dans l'ADN d'un organisme pour discriminer différentes espèces.

Le livre de recettes pour tous les êtres vivants est écrit en code-barres génétique, en particulier les bases azotées appelées adénine (A), cytosine (C), thymine (T) et guanine (G), qui s'unissent en **paires de bases** (A+T et C+G) pour relier deux brins d'ADN et constituer la célèbre structure en double hélice. La séquence des molécules A, C, T et G dans certains gènes varie d'une espèce à l'autre, mais pas entre les individus appartenant aux **mêmes** espèces. Le code-barres des espèces est simplement la séquence de molécules A, C, T et G pour une chaîne d'ADN normalisée. Il fournit une **identification moléculaire** unique.

Pour les codes-barres d'animaux, les scientifiques utilisent une région de 648 paires de bases du gène cytochrome c oxydase (CO1), qui est encodé en ADN mitochondrial. Cette région est facile à amplifier par **réaction en chaîne de la polymérase** (RCP), assez courte pour être séquencée rapidement et à faible coût et assez longue pour détecter de façon fiable des variations entre environ 98 % des espèces animales et, par conséquent, de les identifier. Pour plus d'information sur la RCP, voir la [documentation sur la RCP](#).

La situation est plus délicate pour le code-barres des plantes, parce que le CO1 ne montre pas assez de variations entre les différentes espèces de plante pour obtenir un code-barres discriminant. Après plusieurs années d'expérimentation et de discussion, les scientifiques ont décidé d'utiliser des régions de deux gènes chloroplastiques différents, matK et rbcL. MatK a un bon niveau de variation interspécifique, mais il est techniquement difficile à séquencer. RbcL a un faible niveau de variation interspécifique, mais il est facile à séquencer. L'utilisation des deux séquences permet d'identifier environ 70 % des



spécimens de plante, ce qui n'est pas autant que le CO1 pour les animaux, mais les scientifiques travaillent chaque jour à améliorer le code-barres des plantes.

Le code-barres génétique améliore la taxonomie traditionnelle parce qu'il permet d'éviter les pièges de l'identification morphologique. L'ADN est une molécule très robuste et peut être prélevé de spécimens endommagés, dégradés ou incomplets. Le code génétique des espèces ne change jamais au cours de leur développement ou de leur cycle de vie, peu importe les changements de leur morphologie. Inversement, quelle que soit l'apparence des espèces cryptiques, elles auront toujours des variations au niveau de l'ADN.

La vue d'ensemble

Le Consortium for the Barcode of Life (CBOL), installé à la Smithsonian Institution aux États-Unis, est à la tête d'une communauté de code-barres internationale qui a pour objectif de créer une bibliothèque de référence rassemblant 5 millions de séquences de codes-barres génétiques normalisés qui permettront d'identifier 500 000 espèces différentes – le tout d'ici fin 2015!

L'Université de Guelph, où est né le code-barres génétique, héberge le cœur de l'initiative International Barcode of Life ([iBOL](#)). Le Biodiversity Research Institute of Ontario de l'Université de Guelph élabore des outils utiles pour le codage des codes-barres, analyse des spécimens et maintient à jour une bibliothèque de référence publique de barres-codes nommée la Barcode of Life Database ([BOLD](#)). BOLD comprend actuellement les données moléculaires et morphologiques de plus de 1,6 million de spécimens qui représentent plus de 150 000 espèces désignées.

Les utilisations des codes-barres génétiques sont très étendues. En octobre 2011, la Food and Drug Administration des États-Unis a approuvé les codes-barres pour les applications industrielles telles que l'évaluation des fruits de mer et des plantes médicinales pour prévenir la fraude à la consommation. Ils permettent également d'identifier les prédateurs du doryphore de la pomme de terre, qui est extrêmement nuisible pour les cultures de pomme de terre, de tomate et de poivron. En codant le contenu des intestins des prédateurs candidats pour voir lesquels digèrent un grand nom de doryphore, les scientifiques peuvent choisir les insectes à utiliser pour le contrôle biologique.

Peut-être que ce qui compte le plus, c'est l'utilisation de la taxonomie traditionnelle et du barre-code génétique pour approfondir notre compréhension de la biodiversité de la Terre. Il ne s'agit pas simplement d'une « collection de timbres » scientifique. Les écosystèmes menacés par le changement climatique, la pollution et le développement sont tellement nombreux qu'il devient crucial d'identifier nos cohabitants et de comprendre à la fois la répartition des êtres vivant et les liens qu'ils entretiennent. La protection de la biodiversité serait une victoire scientifique, et ferait sûrement la fierté de Linnaeus.



Figure 4 : Diversité végétale.
http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Diversity_of_plants_image_version_3.png Image du domaine public – Wikimedia Commons)