

## L'inventaire s'accélère

**Après trois siècles d'exploration de la biodiversité, 1,8 million d'espèces ont déjà été décrites et nommées.**

Impressionnant! Mais insuffisant. Au moins dix fois plus resteraient à découvrir et, au rythme des extinctions, la plupart auront disparu avant. À moins que des techniques de biologie moléculaire, venant au secours de l'approche classique, ne donnent un grand coup d'accélérateur à l'inventaire.

Jusqu'à présent, les taxonomistes (spécialistes de la classification des êtres vivants) distinguaient les espèces par des critères morphologiques ou comportementaux, étayés, depuis peu, par des critères génétiques. Lancé en 2003 par des chercheurs canadiens, le projet « code barre de la vie »<sup>1</sup> est une nouvelle approche : elle repose sur l'idée que les espèces peuvent se distinguer uniquement par l'examen d'une ou deux séquences de leur ADN. « *Hormis l'exploration de la diversité du vivant, cela laisse entrevoir de multiples applications* », estime Jérôme Chave, du

laboratoire Évolution et diversité biologique<sup>2</sup>, qui étudie la faisabilité de l'identification moléculaire des plantes tropicales. Les gestionnaires d'espaces naturels pourraient, par exemple, cartographier la biodiversité des espaces naturels, pour décider lesquels protéger en priorité, sans avoir à convoquer des spécialistes de tous les groupes d'êtres vivants qui s'y trouvent. Les douaniers lutteraient plus efficacement contre le trafic d'espèces.

Autre approche récente, la métagénomique consiste à étudier directement l'ADN d'une communauté d'organismes.

Concrètement, il s'agit de prendre un petit échantillon de sol ou un petit volume d'eau de mer, par exemple, et d'aller « à la pêche aux gènes », sans chercher à individualiser les êtres vivants se trouvant dans l'échantillon. Une technique prometteuse pour explorer la diversité génétique des micro-organismes et, à travers elle, découvrir de nouveaux antibiotiques, des antifongiques et de nouveaux traitements de dépollution. « *De quoi participer à la préservation*

*de la biodiversité des macro-organismes* »,

estime Pascal Simonet, chercheur au Laboratoire Ampère<sup>3</sup> et spécialiste de la métagénomique des sols. Or, comme il est impossible de cultiver la plupart des cellules bactériennes, cette approche moléculaire globale est la plus pertinente pour lever le voile sur ce qui est peut-être la majorité invisible de la biodiversité de la planète. **ML**

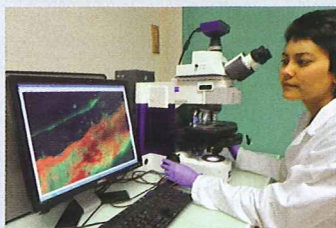
1. [www.barcodeoflife.org/](http://www.barcodeoflife.org/)
2. Unité CNRS / Université Toulouse-III / École nationale de formation agronomique.
3. Unité CNRS / École centrale de Lyon / Insa / Université Lyon-I.

→ **Pascal Simonet,**  
pascal.simonet@ec-lyon.fr

Préparation d'un échantillon d'ADN d'une communauté d'organismes. On parle de métagénomique.



© Photos : B. Rajau/CNRS Photothèque



Localisation et quantification des bactéries actives et inactives au sein d'une communauté microbienne.