



## Techniques & Culture

Revue semestrielle d'anthropologie des techniques

59 | 2012

Itinéraires de coquillages

---

### La « Révolution » ADN

*The DNA "Revolution"*

Nicolas Puillandre

---



#### Édition électronique

URL : <http://journals.openedition.org/tc/6764>

DOI : 10.4000/tc.6764

ISSN : 1952-420X

#### Éditeur

Éditions de l'EHESS

#### Édition imprimée

Date de publication : 15 décembre 2012

Pagination : 338-345

ISBN : 978-2-7351-1534-1

ISSN : 0248-6016

#### Référence électronique

Nicolas Puillandre, « La « Révolution » ADN », *Techniques & Culture* [En ligne], 59 | 2012, mis en ligne le 15 décembre 2015, consulté le 04 mai 2019. URL : <http://journals.openedition.org/tc/6764> ; DOI : 10.4000/tc.6764

---

Tous droits réservés

10 ?

5 ?

2



**Nicolas Puillandre**Muséum National d'Histoire Naturelle  
nicolaspuillandre@gmail.com*Techniques & Culture* 59, 2012/2 : 338-345

# LA « RÉVOLUTION » ADN

## Impact sur les collections des muséums et sur les pratiques en taxonomie

Les années 1990 ont été marquées, pour les taxonomistes en charge d'inventorier l'ensemble des organismes vivants de la planète, par deux changements majeurs dans leur perception de la biodiversité. Tout d'abord, la découverte de nombreuses espèces nouvelles dans des écosystèmes encore peu explorés a amené à réviser à la hausse les estimations : il y aurait vraisemblablement plus de 10 millions d'espèces vivantes dont 2 millions déjà décrites – la grande majorité reste donc à découvrir (Photo d'ouverture). Dans le même temps, les dangers qui menacent actuellement la biodiversité (Figure 1) mettent en péril les espèces avant même qu'elles ne soient décrites et répertoriées. On parle à ce propos de 6<sup>e</sup> crise d'extinction des espèces.

Ces deux constats ont eu un effet moteur sur la taxonomie qui a connu, au cours de la dernière décennie, un renouveau majeur, aux niveaux conceptuel et méthodologique. L'utilisation de plus en plus courante des outils moléculaires, et en particulier du séquençage de l'ADN et de la technique du *barcoding*, est en grande partie responsable de ce renouveau. L'ADN est un outil particulièrement intéressant car il est présent chez tous les organismes vivants, simple à analyser et un fragment d'ADN peut être séquencé aujourd'hui pour un coût minime de 5 à 10 euros.

L'utilisation de l'ADN en taxonomie est certes ancienne mais le principe du *barcoding* n'a été publié qu'en 2003 par un chercheur canadien, Paul Hebert. Le *barcoding* repose sur le séquençage d'un fragment d'ADN bien particulier qui est, pour les animaux, le gène mitochondrial codant pour la sous-unité 1 de la protéine cytochrome oxydase. En comparant cet ADN à une base de données de référence, il est possible de savoir à quelle espèce il appartient. C'est le même principe que les codes-barres alimentaires utilisés pour

identifier entre autres le prix d'une boîte de conserve. La constitution de la base de données de référence repose sur de nombreux projets scientifiques, comme le projet « *International Barcode of Life* » lancé par Paul Hebert en 2010 et dont le budget est comparable à celui du séquençage du génome humain. Le projet *Barcode of Life* s'est donné comme objectif de séquencer au moins un fragment d'ADN, supposé diagnostic, pour chaque espèce vivante sur Terre. L'objectif est loin d'être atteint, mais il a au moins eu le mérite d'attirer l'attention (et des fonds) sur la taxonomie, et d'accélérer le rythme de description d'espèces. À l'heure actuelle, 150 000 espèces ont été séquencées, sur 2 millions d'espèces décrites (Figures 2-4).

Le *barcoding* et, plus globalement la biologie moléculaire, ont permis de répondre à deux types de questions d'ordre taxonomiques et plus généralement à des questions ayant trait à l'évolution des espèces. Les interrogations des taxonomistes cherchent des réponses à, par exemple, « est-ce qu'il y a une seule espèce ou deux? » ; « est-ce que cette famille est plus proche de ce groupe que de cet autre? » Pour illustrer leur démarche, nous nous appuyerons sur l'exemple des recherches qui ont été menées grâce notamment à une approche de type « *barcoding* » sur le groupe des *Conoidea* (Figure 5). Ce groupe inclut environ 4 500 espèces décrites, pour un total estimé de 10 000 à 20 000 espèces. Ce sont des mollusques gastéropodes marins, présents des tropiques aux pôles et à toutes les profondeurs. Ils sont caractérisés par une glande à venin, et produisent un très grand nombre de toxines (environ 200 par espèce). Certaines espèces sont mortelles pour l'homme (Figure 6). Ces mollusques présentent donc un intérêt pour au moins deux domaines de recherche : la taxonomie pour le grand nombre d'espèces nouvelles qui peut être recensé par ce moyen ; et la toxicologie, car les nouvelles espèces de *Conoidea* découvertes à cette occasion sont susceptibles de livrer de nouvelles toxines, et d'enrichir le corpus de celles qui sont déjà connues pour leurs applications thérapeutiques.

Chez les Conoidea, les méthodes de la biologie moléculaire, basées sur l'utilisation d'une approche *barcoding* et sur la comparaison de séquences d'ADN ont donc été une véritable « révolution » : elles ont permis d'identifier de nouvelles espèces là où l'analyse de la coquille, caractère traditionnellement utilisé chez les gastéropodes, ne permettait pas d'aller plus loin dans l'identification (Figures 7-9). L'ADN a également permis de proposer une classification des familles au sein de ce groupe qui, jusqu'à présent, restait un point de désaccord majeur entre spécialistes. Depuis un siècle, en effet, les spécialistes des *Conoidea* essayaient, en vain, de proposer une classification de ce taxon. Avec une approche moléculaire, cinq ans auront été suffisants pour proposer une classification des Conoidea plus stable que les précédentes (Bouchet, Kantor, Sysoev, Puillandre 2011). Au-delà de la classification, d'autres résultats ont été obtenus : il a été montré qu'au cours de l'évolution, la glande à venin qui caractérise les *Conoidea* a été perdue indépendamment, plusieurs fois. Autrement dit, la présence d'une glande à venin ne pouvait plus être utilisée pour classer les *Conoidea* : cela aurait revu à placer dans un même groupe des espèces qui en fait appartiennent à des lignées évolutives différentes. Les approches moléculaires ont également eu des conséquences en biologie de la conservation. Seules les unités taxonomiques (espèces, sous-espèces) nommées peuvent bénéficier d'un statut de protection. À l'inverse, ce qui n'est pas connu, décrit et nommé, ne peut pas être protégé. Chez les moules d'eau douce française, une approche moléculaire a permis de montrer que certaines sous-espèces n'étaient pas valides, et donc n'avaient plus de raison de bénéficier d'un statut de conservation particulier ; au contraire de populations isolées génétiquement qui n'ont pas été détectées sur la base de caractères morphologiques et mériteraient d'être protégées.

De manière générale, les mollusques constituent un taxon méconnu pour lequel le fragment « barcode » COI fonctionne très bien. Dans le domaine de la malacologie, la biologie

moléculaire, dont le *barcoding* n'est qu'une des méthodes, a profondément changé les pratiques de recherche et de mise en collection des Muséums d'Histoire Naturelle comme celui de Paris. Aujourd'hui, plusieurs types de collections sont gérés en même temps : la collection de coquilles, la collection de tissus (prélevés sur les organismes vivants sur le terrain) et la collection d'ADN conservée au congélateur. La facilité du séquençage et son moindre coût ont également modifié profondément les pratiques de recherche. On peut, à présent, avoir une approche *barcoding*, c'est-à-dire séquencer un très grand nombre de spécimens pour un seul marqueur, même sur des taxons très mal connus. Cela constitue un outil de discrimination rapide et efficace pour débroussailler le terrain, identifier les unités taxonomiques comme les espèces, avant de s'attaquer aux questionnements scientifiques liés à l'évolution.

## Des dangers qui menacent la biodiversité



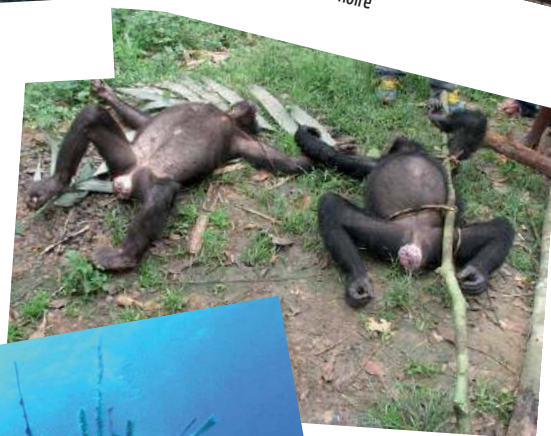
Pêche à la dynamite



Marée noire



Abattage illégal



Viande de brousse

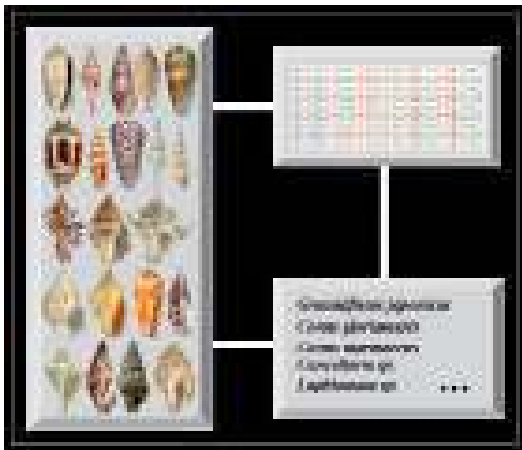


*Caulerpa taxifolia* en Méditerranée

Figure 1

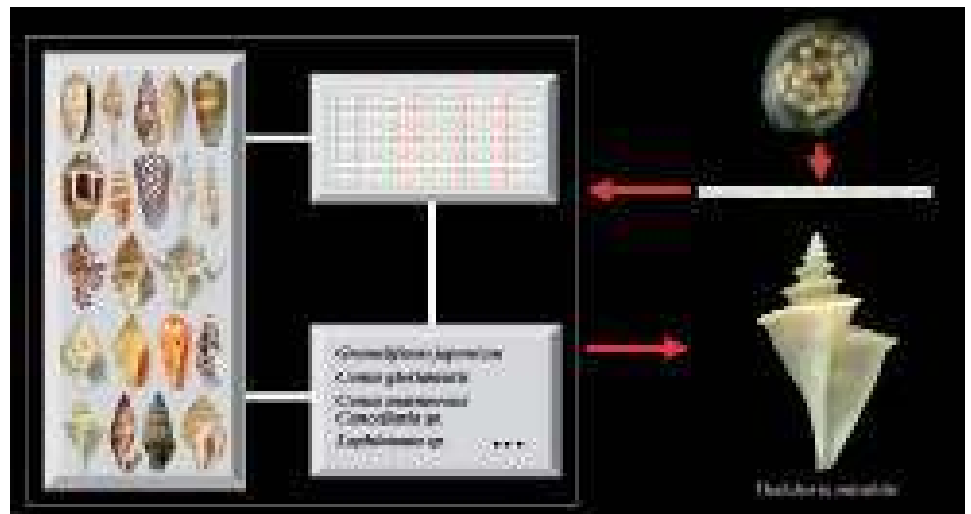
## Le *barcoding* s'appuie sur le séquençage de fragments d'ADN

Figures 2-4



### Principe du Barcoding

La première étape consiste à construire une base de données de référence qui contient les séquences d'ADN, les spécimens dont elles sont issues et les identifications taxonomiques.



Une fois cette base constituée, il est possible de comparer la séquence ADN d'un spécimen inconnu avec la base afin de proposer un nom d'espèce. Ci-dessus figuré l'exemple d'une ponte de gastéropode marin.



Un exemple de ce que pourrait être un *barcoder portable*, projet qui n'a pas encore vu le jour.

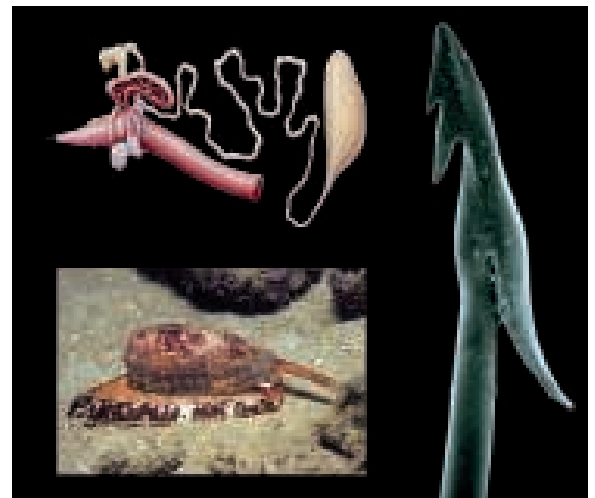
Comparer les fragments d'ADN à une base de données de référence permet d'identifier les espèces

Figures 5-6



Diversité des Conoidea

En haut à gauche, une représentation schématique d'un appareil venimeux de cônes.  
En bas à droite, *Conus geographus*, une espèce mortelle pour l'homme.  
À droite, la *radula* (dent de gastéropode) d'un cône, spécialisée en harpon pour injecter le venin dans la proie.

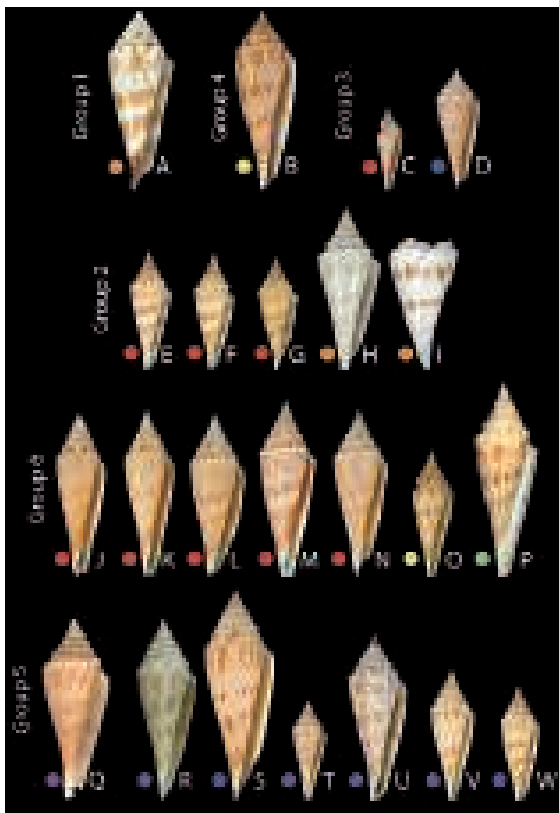
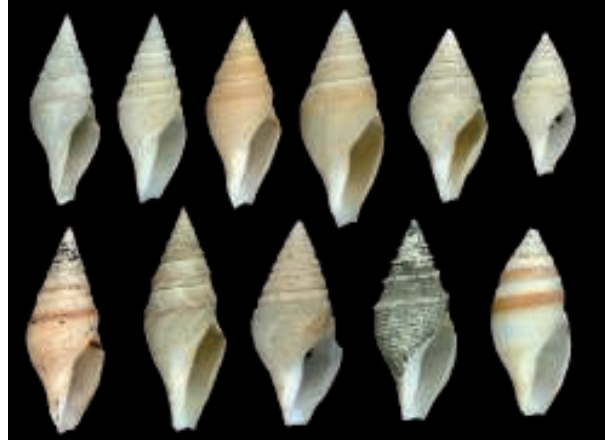


## La comparaison du séquençage ADN et l'approche *barcoding*: une « révolution » pour l'identification de nouvelles espèces

Figures 7-9

### Illustration des erreurs de délimitation d'espèces (*Bathytoma*)

Jusqu'à récemment, toutes ces coquilles avaient été placées dans la même espèce. Une analyse moléculaire a permis de montrer que chacune correspondait à une espèce différente.



### Délimitation d'espèces (Complexe *Conus orbigny*)

Six groupes ont été définis moléculairement (voir ci-contre), malgré les faibles différences morphologiques. Les couleurs correspondent à différentes localités géographiques.



Délimitation d'espèces (Complexe *Conus orbigny*).  
Arbre phylogénétique



## NOTES

**Photo d'ouverture :** La magnitude de la biodiversité. En jaune, ce qui est actuellement décrit, en regard des estimations basses (en orange) et des estimations hautes (en rouge), du nombre d'espèces vivantes sur la Terre (Cl. N. Puillandre).

## RÉFÉRENCES

Bouchet, P., Kantor, Y., Sysoev, A., Puillandre, N. 2011 A New operational classification of the Conoidea (Gastropoda). *Journal of Molluscan Studies* 77 : 273-308.

### Sites

<http://www.barcolife.org/>

## MOTS-CLÉS

Biodiversité, inventaire, taxonomie, ADN, barcoding, séquençage, identification, espèces, base de données

## KEYWORDS

Biodiversity inventory, taxonomy, ADN, barcoding, sequencing, identification, database