**Bases génétiques de la biodiversité**

**Introduction au module**

Qu’est ce que la biodiversité?

La diversité, ou diversité biologique, constitue le tissu vivant de la planète. Elle couvre l’ensemble des formes de vie sur terre, les relations qui existent entre elles et avec Leurs milieux depuis l’origine commune de la vie.

Le concept de biodiversité comprend donc de façon indissociable:

* La richesse du catalogue encore très incomplet! Les formes du vivant
* La complexité et l’organisation des interactions entre toutes les espèces vivantes (dont l’être humain) ainsi qu’entre ces espèces et leurs milieux naturels.
* Il faut considérer la biodiversité dans l’évolution continue de la vie sur terre dont l’espèce Humaine est devenue un acteur majeur.

Elle est habituellement subdivisée en trois niveaux:

* La **diversité génétique, ou des gènes**, qui correspond à la diversité des gènes au sein d'une espèce, elle est invisible qui est l’origine de la biodiversité
* La **diversité spécifique ou des espèces**, qui correspond à la diversité des espèces,
* La **diversité écosystémique, ou des écosystèmes**, qui correspond à la diversité des écosystèmes présents sur Terre

Elle prend également en compte toutes les échelles de taille, d’espaces et de temps: des microorganismes aux éléphants, de quelques secondes aux années, siècles ou ères géographiques….

Derrière un désordre apparent de la diversité du vivant, avec cette multitude d’espèces, cette diversité de formes, de tailles, de mode de vie il est essentiel de noter que tout provient d’une origine commune, d’un même ADN qui se différencie, et donc il existe des relations de parenté entre espèces.

Notons également que les relations entre espèces et celles avec leurs milieux recouvrent toutes sortes de fonctions et d’adaptations, parfois très originale: chaines alimentaires, parasitisme, symbiose, prédation, compétition, coopération… la diversité du vivant s’avère finalement très organisée.

Cette biodiversité résulte d’une évolution façonnée pendant des milliards d’années, au gré des processus naturels et en partie sous l’influence des êtres humains depuis leur apparition.

De nombreuses perturbations, d’origine naturelle ou anthropique modifiant en permanence les écosystèmes. Bien qu’elle paraissent à la première vue destructrices elles peuvent parfois, sous certaines conditions, entretenir, renouveler, voire générer de la diversité biologique sur le long terme.

1. **Notion du polymorphisme génétique**

La génétique des populations s'intéresse principalement à la variabilité d'origine génétique présente dans les populations et que l'on désigne sous le nom de **polymorphisme**. Ceci est une définition du polymorphisme basé sur le phénotype : « ll y a polymorphisme si dans une même population coexistent pour un caractère donné plusieurs formes phénotypiques discontinues, déterminées génétiquement, et dont la plus fréquente ne représente pas plus d'une certaine fraction de la population totale, fixée à 95 ou 99% ».

L'utilisation de plus en plus répandue des techniques de biologie moléculaire permettant d'étudier la variabilité non exprimée au niveau phénotypique (portion non codante de d'ADN) a nécessité une définition plus large du polymorphisme :
« Il y a polymorphisme si dans une même population une portion codante ou non codante d'ADN présente une variation de séquence correspondant à plusieurs formes alléliques dont la plus fréquente ne représente pas plus d'une certaine fraction de la population totale, fixée à 95 ou 99% ».

Dans ces deux définitions, le seuil de 1% ou 5% permet de distinguer les gènes polymorphes, pour lesquels les variations alléniques sont fréquentes, et les gènes pour lesquels les variations alléniques ont un caractère exceptionnel avec un allèle très majoritaire et une ou plusieurs formes allèliques rares (inférieure à 1%). On parle dans ce cas de crypto polymorphisme qui résulte le plus souvent de mutations désavantageuses qui seraient éliminées par la sélection naturelle. La plupart des maladies génétiques chez l'homme relèvent du **crypto polymorphisme.**Par opposition, on appelle **monomorphes** les gènes qui ne présentent pas de variabilité (un seul allèle présent dans la population).

L'état polymorphe ou monomorphe est une caractéristique d'un gène (ou portion non codante d'ADN) et d'une population. Ainsi, une même population peut être polymorphe pour un caractère donné et monomorphe pour un autre caractère. De la même façon, un caractère monomorphe dans une population peut être polymorphe dans une autre population.

**1.1- Déterminisme épigénétique**

Lorsque la variabilité d'un caractère n'a aucune base génétique, c'est à dire ne fait pas intervenir de modification de séquence d'ADN, elle est qualifiée de variabilité **épigénétique**. Cette variabilité résulte souvent de l'action des facteurs environnementaux sur l'expression phénotypique d'un caractère. Lorsque la variabilité d'une population présente un déterminisme uniquement épigénétique, on parle de **polyphénisme**. Le caractère présente alors une plasticité phénotypique. De telles variations épigénétiques sont très fréquentes dans les populations animales et végétales. Chez la sagittaire *Sagittaria sagittifolia*, la forme des feuilles varie en fonction du degré d'immersion de la plante. Hors de l'eau, les feuilles ont la forme d'un fer de lance. A la surface de l'eau, elles sont arrondies, et elles prennent sous l'eau l'aspect de longues lanières.

Dans certains cas, cette variabilité épigénétique peut être héritable et donc transmise à la descendance, c’est l'hérédité épigénétique. C'est le cas par exemple des effets maternels qui apparaissent lorsque l'environnement subi par les parents (souvent la mère) a des conséquences sur les caractéristiques des descendants. La voie cytoplasmique peut être également un mode de transmission de nombreux microorganismes intracellulaires (bactéries, virus) appelés symbiotes qui peuvent être responsables d'importantes variations phénotypiques dans les populations naturelles de leurs hôtes.

**1.2- Déterminisme génétique**

La variabilité d'un caractère est déterminée génétiquement lorsqu'elle est due, au moins en partie, à la présence de plusieurs formes allèliques dans la population.

Dans certains cas, la variabilité phénotypique est due à la variation d'un seul gène (déterminisme monogénique). Cela ne veut pas dire que le caractère est contrôlé par un seul gène mais que la variation d'un seul de ces gènes est suffisante pour entraîner une variation phénotypique. On parle alors de caractères mendeliens.

 Dans d'autres cas, la variabilité d'un caractère est déterminée par un grand nombre de gènes ayant chacun plusieurs allèles. On parle de déterminisme polygénique. C'est le cas de tous les caractères quantitatifs qui font l'objet d'une mesure comme la taille, le poids, etc. L'analyse génétique de ces caractères relève de la génétique quantitative qui sépare les effets des gènes en effets additifs A, effets de dominance D, effet d'épistasie ou d'interaction entre gènes I:

 G = A + D + I

**1.3- Les mutations : source de variabilité**

La variabilité génétique est le résultat des mutations qui font apparaître de nouveaux allèles, auxquelles il faut ajouter les phénomènes de recombinaison (notamment pour les caractères quantitatifs). Les mutations peuvent affecter une portion plus ou moins grande d'ADN et, en fonction de leur localisation dans le génome, peuvent avoir ou non des effets phénotypiques. Il existe ainsi tous les intermédiaires entre les mutations neutres qui n'ont aucun effet sur l'organisme et les mutations létales, qui réduisent l'espérance de vie des individus.

 Parmi l'ensemble des mutations qui affectent le génome d'un organisme, seule une partie ont des conséquences phénotypiques. L'absence d'effet sur le phénotype peut être la conséquence de mutations dans une région non codante de l'ADN ou de mutations dans des gènes qui sont présents en plusieurs exemplaires dans le génome (redondance des gènes). Ces mutations sont qualifiées de neutres.

Lorsque les mutations ont des effets sur le phénotype des individus, elles peuvent modifier des caractères biochimiques, physiologiques, anatomiques, morphologiques ou comportementaux. Les mécanismes mis en jeu dans leur expression phénotypique sont divers et complexes.

**1.4** **Expression phénotypique**

L'expression phénotypique d'un génotype dépend des conditions environnementales dans lesquelles se sont développés les individus. Pour la plupart des caractères, le phénotype résulte des effets conjoints de 3 composantes : le génotype G, l'environnement E qui contribue toujours pour une part au phénotype et l'interaction entre le génotype et l'environnement.

P = G + E + I GxE

Cette interaction entre le génotype et l'environnement est très importante car elle signifie que l'expression d'un gène n'est pas indépendante du milieu dans lequel ce gène s'exprime. Une même mutation peut donc avoir des effets phénotypiques différents.

**2. Différents types de polymorphismes**

**2.1 Polymorphisme de l’ADN**

* Les SNPs (single nucléotide polymorphismes):

Il s’agit de polymorphisme de substitution au niveau d’un nucléotide « variation de séquence ponctuelle ».

Les SNPs sont très nombreux (> 107par génome humain) et repartie dans tout le génome environ 1 SNPs tous les 300 pb.

* Les CNVs (copy number variations: il s’agit de variations du nombre d’exemplaires contigus de grands segments génomiques. (perte ou gain de fragments de quelques kb à plusieurs mb). À ce jour, des CNVs ont été identifies dans environ 15% du génome humain.
* Polymorphismes de répétition: il s’agit des séquences répétées en tandem de nombreuses fois, à partit de motif de longueur variable ( de quelques à plusieurs centaines de pb définissant en fonction de la taille de microsatellites, minisatillites, satillites et megasatillites

**2.2 Polymorphisme chromosomique**

Ce polymorphisme peut être dû

* Soit à une variation de nombre des chromosomes
* Soit à un changement de leur structures
	1. **Polymorphisme immunologique**

La variabilité de certaines protéines peut être étudier par des techniques d’immunologie car le polymorphisme immunologique le plus étudie est celui des antigènes présents à la surface des globules rouges dont les plus connus sont:

* Le système ABO;
* Le système rhésus.

**2.4 Polymorphisme enzymatique**

La variabilité des protéines est étudiée par électrophorèse. Les protéines sont des molécules chargées qui se déplacent dans un support poreux sous l’action d’un champ électrique.

**2.5 Polymorphisme morphologique**

C’est le polymorphisme de taille, de forme et de couleur, comme l’exemple de la variation de la couleur et de l’ornementation de la coquille de l’escargot du genre Cepaea.

**3.Les forces évolutives**

**3.1Le maintien du polymorphisme**

La biologie évolutive prend en compte les forces qui agissent au sein des populations naturelles, traditionnellement nommées forces évolutives.

Nous considérons les principales d’entres elles: sélection naturelle ; mutation ; recombinaison génétique et la migration.

 **a. Sélection naturelle**

Force directrice de l’évolution elle agit sur le phénotype et la réponse sera dans le génotype. C’est un processus qui conduit à une meilleure adaptation des organismes à leur environnement.

La notion de **sélection naturelle** remonte à Darwin et Wallace, elle exprime la concurrence pour l’espace, la nourriture, le choix du conjoint pour l’accouplement…Actuellement, le concept est étendu à toutes les situations qui aboutissent à une reproduction différentielle des génotypes. Il y a donc sélection (positive) lorsque le génotype d’un individu peut être plus ou moins déterminant dans la production de la génération suivante.

La plus grande partie de la variation héréditaire est le fait de gènes pré existants, à l’origine de nouvelles orientations pour les populations, la vitesse de l’évolution dépend beaucoup plus du taux de recombinaison que des taux de mutation.

**b.** **La mutation**

Il est admis actuellement que même si la mutation est l’unique source de ce qui est véritablement nouveau en matière de gènes, son rôle dans l’évolution n’est pas très important comparativement à la recombinaison- sélection, en effet, la mutation influencerait très peu les fréquences géniques et par là, la vitesse de l’évolution.

Si une mutation produit un allèle défavorable, il sera contre-sélectionné. Un allèle est au contraire retenu par la sélection lorsqu’il procure un avantage à son porteur. La fréquence d’apparition d’une mutation est de l’ordre de 1/100 000, en général, on observe un équilibre entre la fréquence d’apparition des mutations et leur taux d’extinction par la sélection.

Lorsqu’une mutation de A en a se produit (A 🡪 a), la fréquence de A f(A) peut diminuer, tandis que celle de a f(a) augmentera corrélativement dans la population, et peut être jusqu’à ce que A disparaisse f(A)=0. Cependant, souvent dans les conditions naturelles la mutation primaire (A 🡪 a) est accompagnée par la mutation réverse (a 🡪 A) ; pour un locus quelconque, la fréquence d’apparition d’une mutation est différente de la fréquence de la réversion, ainsi généralement (A 🡪 a) est supérieur à (a 🡪 A) ; cette transformation réciproque est représentée sous la forme de l’équilibre Au🡪🡨va, où u et v représentent les fréquences respectives de mutation.

Soit, dans une population homogène 2 allèles a et a avec des fréquences respectives f(A) = p et f(a) = q, si ∆p est la variation de fréquence de A dans la génération suivante, ∆p= (nb d’allèles produits par la mutation d’allèle a) - (nb d’allèles A mutés en allèle a), **∆p= vq-up**. La production récurrente d’un allèle dont la fréquence tend à augmenter dans une population est appelé pression de mutation ; vis-à-vis de cette pression de mutation :

Les fréquences allèliques sont en équilibre lorsque f(A 🡪 a)=f(a 🡪 A), ∆p= vq-up=0, vq=up, vq=u(1-q), vq=u-uq, donc u=q(v+u), par conséquent, **q^=u/(u+v)**; de même, toujours à l’équilibre, la valeur de p est de : p=1-q=1- u/(u+v) et donc **p^=v/(u+v)**. Exemple, pour u=1x10-4 et v=5x10-5 les valeurs de p est de q au point d’équilibre dépendent uniquement des taux de mutation et sont indépendantes des fréquences géniques initiales, soit p^=v/(u+v)=1/3 et q^=u/(u+v)=2/3.

A un moment donné et dans un environnement donné, une mutation acquise peut être avantageuse défavorable ou neutre ; l’évolution, par la sélection des mutations avantageuses et la contre-sélection des mutations défavorables est le fondement du **Néodarwinisme**, mais l’évolution pourrait être aussi le fait de l’accumulation de mutations neutres, non soumises à la sélection, ceci est **la théorie neutraliste de l’évolution** du japonais Matoo Kimura énoncée dans les années 60-70. Les taux de mutation sont dans tous les cas considérés comme relativement faibles et n’ayant pas d’influence importante sur la vitesse de l’évolution, celle-ci dépends donc beaucoup plus du taux de recombinaison que de taux de mutation.

**c.La migration**

Dans les populations naturelles, les migrations sont fréquentes et l’introduction dans la réserve de gènes nouveaux par ce biais peut déplacer l’équilibre génétique ; ceci constitue une voie rapide de changement des fréquences allèliques. Ce phénomène est nommé pression de migration, dans les populations naturelles, les migrations sont fréquentes et l’introduction dans la réserve de gènes nouveaux peut déplacer l’équilibre, ce qui constitue une voie rapide de changement des fréquences allèliques.

**d. La recombinaison génétique**

c’est un phénomène naturel et universel dans le monde vivant d’échange entre fragments d’ADN permettant de créer de nouvelles combinaisons génétiques, donc des gènes nouveaux. Ce phénomène permet d’assure le brassage génétique et le maintien de la diversité génétique.

**3.2 Les mécanismes qui réduisent le polymorphisme génétique**

 **a. La consanguinité**

C’est des unions entre apparentés c.a.d des individus ayant plusieurs ancêtres communs ; cette unions consanguine diminue l’hétérozygotie et augment l’homozygotie.

Exemple : la reproduction chez l’homme entre cousins germains ;

 Les mollusques hermaphrodites ;

L’autogamie existe relativement et fréquemment chez ces espèces empêche le développement et l’évolution de l’espèce.

**b. L’homogamie**

c’est la reproduction entre des individus semblables phénotypiquement ( choix préférentiel du partenaire selon la taille, la couleur etc…

On enregistre la diminution de la moitie de l’hétérozygotie observée à chaque génération en effet, les fréquences alléliques inchangées provoquent la disparition progressive des hétérozygotes au profit des homozygotes.

Exemple : chez la drosophile lorsqu’on augmente la fréquence des mâles étrangers dans une population hôte (50% des étrangers, 50% des mâles hôtes), on observe une modification de la fréquence des gènes dans la génération descendante

**4. Organisation et évaluation de la diversité biologique dans les complexes des espèces.**

La diversité des espèces ne peut être correctement évaluée que si l’on dispose d’une classification qui reflète l’évolution des espèces.

**4.1. La classification du vivant et ses principes**

La classification est une manière d’organiser l’information en regroupant ce qui est similaire. On tente ainsi depuis des siècles de décrire, de nommer, de classer, de compter les espèce, et il y a différentes façons de le faire.

En son temps, Aristote regroupait les humains et les oiseaux parce qu’ils marchent sur deux jambes.

Aujourd’hui, les classifications sont basées sur les degrés de similarité génétique entre individus et regroupent les organismes en fonction de leurs parentés phylogénétiques.

* **Définition de la taxinomie**

La taxinomie est la discipline scientifique qui consiste à nommer, décrire et classer les êtres vivants. Cette science très formalisée, obéit aux instructions de codes internationaux de nomenclature. La systématique quant elle a pour objectifs l’étude de la diversité des organismes et la compréhension des relations entre les organismes vivants et fossiles, c.a.d leur degrés de parenté. Ce que l’on appelle actuellement biosystématique, est une approche moderne de la systématique qui fait appel à des informations de différentes origines: morphologie, génétique, biologie, comportement, écologie, etc…

**4.1.1. Les niveaux d’organisation du monde vivant**

Une des caractéristiques du monde vivant est sa structuration complexe et hiérarchisée: les atomes s’organisent en cristaux (monde inanimé) ou en molécules, et ces molécules s’organisent à leur tour en cellules capables de se reproduire (monde vivant). Les cellules peuvent s’agréger et coopérer pour constituer des organismes multicellulaires.

Les individus unis ou multicellulaires, s’organisent en populations et en communautés multispécifiques. Si l’on prend en compte le milieu dans lequel vivent les organismes, on accède à des ensembles de plus en plus complexes appelés écosystèmes, paysages et biosphères. Dans cette échelle hiérarchique les éléments d’un niveau d’organisation constituent les unités élémentaires qui vont entrer dans la constitution du niveau d’organisation supérieur. À chaque étape, émergent des structures et des propriétés nouvelles qui sont les résultats des interactions entre les éléments du niveau inferieur.

L’unité élémentaire du monde vivant est l’individu, porteur d’un patrimoine génétique propre. L’ensemble de ses gènes constitue son génotype. Une bactérie contient environ 1000 gènes, certains champignons de l’ordre de 10 000. il y en a un peu plus de 20 000 à 25 000 chez l’homme.

L’espèce est l’ensemble des individus susceptibles d’échanges génétiques fertiles et féconds. Une espèce est souvent répartie en populations plus en moins isolées qui peuvent, ou non, échanger des individus et donc des informations génétiques.

La population correspond à l’ensemble des individus d’une même espèce biologique habitant un même milieu. C’est à ce niveau d’organisation que s’effectue la sélection naturelle. Des populations fragmentées interactives sont des métapopulations.

Les ensembles des espèces délimités le plus souvent sur des bases taxinomiques constitue les peuplements ou les communautés. La biocénose est l’ensemble des populations d’espèces animales ou végétales qui vivent dans un milieu donné.

Le terme écosystème a été introduit par Tansley en 1935 pour nommer un système écologique qui combine l’ensemble des organismes vivants et leur environnement physico-chimique. La convention sur la diversité biologique définit l’écosystème comme un « complexe dynamique formé de communautés de plantes, d’animaux et de microorganismes, et de leur environnement non vivant qui, par leur interaction, forment une unité fonctionnelle » . Cette définition légale n’est pas différente sur le fond de ce que l’on trouve dans les traités d’écologie.

La biosphère «(sens strict) est l’ensemble des organismes vivants qui peuplent la surface de la terre. Néanmoins on définit (sens large) comme la pellicule superficielle de la planète qui renferme les êtres vivants, et dans laquelle la vie est possible en permanence. Cet espace comprend ainsi la lithosphère (écorce terrestre), l’hydrosphère ( ensemble des océans et des eaux continentales), et l’atmosphère (enveloppe gazeuse de la terre)

**4.1.2 Les hiérarchies taxinomiques: la recherche d’un ordre évolutif et fonctionnel dans la diversité des espèces**

La classification consiste à connaître et à définir des groupes ou des taxons-c.a.d un ensemble d’organisme possédant en commun au moins un caractère particulier-et à les calasser dans des ensembles hiérarchisés. D’abord, basée à la Renaissance sur l’idée d’une classification descendante( division a priori de grandes classes en sous classes), la taxinomie a évolué vers une classification ascendante qui consiste à regrouper des taxa apparentés en taxa d’ordre supérieur. La classification du monde vivant postule que les espèces appartenant aux mêmes taxa partagent un certains nombre de caractéristiques morphologiques, biologiques et écologiques communes qui diffèrent de celles d’autres taxa.

Les naturalistes du monde entier utilisent un même système de nomenclature générale proposé par Linné pour nommer et classer les espèces. Dans cette classification biologique, à chaque rang de la hiérarchie correspond un nom de taxon. À la base, le système binomial est constitué d’un nom de genre suivi d’un nom d’espèce. Chacune des catégorie supra-spécifique ( genre, famille, ordre, division, classe, phylum, etc… sert à rendre en compte des degrés de parenté entre deux rangs inférieur tableau suivant:

On a utilisé divers critères pour hiérarchiser les taxons (*groupe d'espèces appartenant à un niveau de la hiérarchie dans une classification d'êtres vivants)*

* **La hiérarchie phénétique:** fondée sur la similarité des formes ou des caractères morphologiques entre les espèces. La taxinomie numérique fait l’hypothèse que les organismes qui partagent des caractéristiques communes (traits homologues) ont une histoire évolutive similaire.

Tableau 1 : Classification biologique hiérarchique de trois espèces animales

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Niveau | Espèce 1 | Espèce 2  | Espèce 3 |
| Domaine | Eucaryotes  | Eucaryotes  | Eucaryotes |
| Règne  | Animal  | Animal | Animal |
| Embranchement  | Arthropodes  | Arthropodes  | Chordés |
| Classe  | Insectes  | Crustacées | Mammifère  |
| Ordre  | Diptères  | Décapodes | Primates |
| Famille  | Nématocères | Caridés  | Hominidés  |
| Genre  | Aedes  | Homarus  | Homo  |
| Espèce  | aegypti | americanus | sapiens |

* **La hiérarchie phylogénétique** est fondé quant elle sur la parenté évolutive de groupes issus d’ancêtres communs. La classification cladistique (parfois appelée hennigienne) part du principe qu’au cours de l’évolution une espèce ancestrale donne naissance à deux espèces filles. Un groupe d’espèce est dit monophylétique lorsqu’il dérive d’un seul ancêtre commun, alors qu’un groupe polyphylétique comprend des espèces qui pressentent des ressemblances, mais ne descendent pas toutes enligne directe d’un ancêtre commun.
* **Les méthodes de la phylogénie moléculaire**: reposent sur l’hypothèse que les espèces les plus apparentées présenteront des séquences de gènes qui se ressemblent plus qu’elles ne ressemblent aux séquences du même gène des autres espèces. Le degré de différence entre les séquences de gènes dans des organismes différents peut être utilisé comme une mesure de la distance évolutive entre ces organismes. La recherche de relations de parenté entre organismes se fait ici sur les gènes et non plus sur les traits morphologiques.

**4.1.3 La notion d’espèce**

La notion d’espèce est depuis longtemps un sujet de conversation, et il n’existe à l’heure actuelle aucune définition entièrement satisfaisante.

Une espèce se définit par deux critères : elle regroupe des individus très proches (mais pas forcément identiques) du point de vue de la morphologie, de l’habitat et du mode de vie et, second point, les membres d’une même espèce peuvent se reproduire entre eux, leur descendance étant féconde (on dit qu’ils sont interféconds) alors que les membres de deux espèces différentes peuvent au mieux produire des hybrides stériles.

Au sein d’une même espèce on peut distinguer des ensembles que l’on qualifie de sous-espèces, de races, de souches, de variétés, etc. il n’existe pas de définition précise et universellement admise de ces catégories infraspécifiques qui peuvent être établies sur des bases morphologiques, géographiques, ou encore génétiques.

**4.1.4 Ecosystème**

Le concept d’écosystème est une notion abstraite: unité écologique fonctionnelle qui regroupe une communauté animale et végétale (biocénose), et le milieu que cette communauté occupe (biotope).

La biocénose et le biotope constituent deux éléments indissociables qui réagissent l'un sur l'autre pour former un système plus ou moins stable, l'écosystème. Ainsi, un étang ou une forêt constituent chacun un écosystème.

L'ensemble des écosystèmes forme la biosphère, mince couche superficielle de la Terre occupée par les êtres vivants.

Le terme d'écosystème a été proposé par le botaniste anglais George Tansley en 1935, celui de microcosme par l'Américain Forbes (1877), et celui de biogéocénose par l'école russe en 1942. Ces deux derniers sont pratiquement synonymes d'écosystème, mais ils n'ont pas eu le même succès et sont tombés dans l'oubli.

Le fonctionnement d’un écosystème est caractérisé par:

* Des flux d’énergie: entre les organismes tels les végétaux qui accumulent de l’énergie solaire par photosynthèse, les animaux herbivores qui utilisent cette énergie, et les décomposeurs qui recyclent la matière organique.
* Des cycles biogéochimiques qui résultent de la circulation de la matière sous forme de substances alternativement minérales et organiques. Ces cycle concerne en particulier l’eau, le carbone, l’oxygène, l’azote etc .
* Les chaines alimentaires qui structurent l’écosystème en niveaux trophiques les interactions de type trophique-ou alimentaire- sont les moteurs des flux d’énergie et de matière.

L’écosystème est une notion essentiellement dynamique: les flux, les cycles biogéochimiques et les structures trophiques évoluent en permanence dans le temps et dans l’espace.

Biosphère, zone de faible épaisseur (par rapport au diamètre de la Terre qui est de 12 600 km) qui entoure le globe, et où la vie est apparue, s'est diversifiée et se maintient. La biosphère est formée de trois compartiments : l'atmosphère, l'hydrosphère (les océans, fleuves et rivières, etc.), la lithosphère (le sol et la partie superficielle des roches).La biosphère s'étend jusqu'aux plus profondes fosses abyssales (soit 11 000 m) ; le sol n'est habité que sur quelques mètres de profondeur au maximum ; dans l'atmosphère, des oiseaux peuvent se rencontrer jusqu'à 8 000 m d'altitude.

La vie ne peut se maintenir dans la biosphère que grâce à l'énergie solaire et à la circulation d'éléments indispensables comme le carbone ou l'azote, qui sont constamment recyclés (*voir* Carbone, cycle d’ Azote, ).

La biosphère est constituée d'éléments relativement indépendants les uns des autres et plus ou moins stables, les écosystèmes.

Le mot biosphère a été proposé en 1875 par le géologue autrichien Eduard Suess ;

mais l'étude de la biosphère n'a commencé qu'en 1929 avec la publication à Paris du livre *la Biosphère* par le Russe Vladimir Ivanovitch Vernadsky. Ce n'est que vers 1960 qu'elle a pris véritablement son essor.

La biocénose: des ensembles aléatoires ou structurés?

Une question centrale de l’écologie des écosystèmes est de savoir si l’ensemble des espèces présentes dans un milieu est le fruit du hasard (c.a.d une collection aléatoire de populations qui ont réussi à coloniser l’écosystème et à s’y maintenir.), ou le résultat d’une sélection sur la base d’une co-évolution entre les espèces, ainsi qu’ente les espèces et leur environnement physicochimique, de telle sorte qu’il existe un réseau d’interdépendance entre ces espèces. Certains écologistes penchent actuellement sur la seconde hypothèse, mais ils ont néanmoins de nombreuses difficultés pour mettre en évidence ces différents types d’interactions.

En réalité la dimension temporelle joue un rôle important. Lorsqu’un nouvel habitat est créé, il y a colonisation par des espèces opportunistes et le Peuplement est en grande partie aléatoire. Avec le temps, il peut y avoir co-évolution des espèces et acquisition d’un degré d’interdépandance plus important.

**4.2 l’inventaire des espèces**

La diversité biologique concerne tous les niveaux de l’organisation du vivant, des gènes aux écosystèmes. Mais on parle le plus souvent de la diversité des espèces (en réalité la richesse en espèces) car c’est le niveau le plus simple a appréhender.

Botanistes et zoologistes ont entrepris, il y a prés de trois siècles, la description et l’inventaire des espèces vivantes. Carl LENNÉ dénombrait 9 000 espèces de plantes et d’animaux aux milieu du XVIII ͤ siècle. Deux siècles et demi plus tard, avec plus de 1,8 million d’espèces décrites, nous savons que l’inventaire du vivant est loin d’être terminé, surtout dans les régions tropicales. Nul ne sait en réalité quel est le nombre d’espèces vivantes à la surface de la Terre, mais il pourrait se situer selon les estimations entre 7 et 100 millions.

Le rythme moyen est de 10 à 15 000 espèces nouvelles décrites chaque année, il faudra encore plusieurs siècles pour compléter l’inventaire.

En réalité le niveau de connaissance est variable selon les groupes taxinomiques. Des recensements quasi exhaustifs (profond) ne sont disponibles que pour un petit nombre de groupes zoologiques ou botaniques. C’est le cas pour les mammifères et les oiseaux qui sont actuellement connus à 95 % . Le nombre des insectes par contre est certainement largement supérieur à celui pourtant considérable (1 000 000 ) enregistré jusqu’ici. Les insectes représentent prés des deux tiers des nouvelles description d’espèces.

Quand au nombre des champignons il pourrait se situer entre 1 et 2 millions et celui des nématodes, petits vers parasites de plantes et d’animaux, serait de plusieurs centaines de milliers. Les sources de nouvelles espèces sont essentiellement les régions tropicales, les récifs coralliens(relief sous-marin des mers chaudes formé de polypes, invertébrés marins à squelette calcaire), les grands fonds marins, mais également sous toutes les latitudes, les milieux d’accès difficiles et les petites espèces ( faunes du sol, méiofaune marine) et les parasites.

Un mètre cube de sol de prairie tempérée contient des milliers d’espèces de micro-organismes et d’invertébrés dont on ignore le plus souvent le statut taxinomique et l’activité métabolique.

Pour d’autres groupes, comme les bactéries et les virus, chez lesquels les scientifiques ont plus de mal à caractériser les espèces que chez les vertébrés ou les insectes, le nombre est très certainement bien supérieur à celui connu à l’heure actuelle.

* **Biologie moléculaire:**

Chez les bactéries, la notion d’espèce a longtemps été calquée sur celle des autres groupes: l’appartenance à une espèce était décidée en fonction du nombre de caractéristiques physiologiques et biochimiques partagées avec souche type. Mais, dans de nombreux environnements, seule une proportion minime d’espèces est susceptible d’être isolée et cultivée, par rapport à toutes celles qui sont présentes.

La biologie moléculaire et les méthodes d’amplifications PCR permettent une amplification et la détermination rapide de la séquence de gène à partir d’une petite quantité de cellules, ont permis d’accéder à l’ADN bactérien des espèces libres sans recourir aux cultures. On peut ainsi générer un véritable inventaire de la diversité moléculaire qui nous a révélé une énorme diversité de procaryotes dans tous les environnements, y compris ceux possédant des caractéristiques physiques et chimiques extrêmes.

Ces travaux montrent également qu’une grande partie de cette diversité ne relève pas de lignées déjà connues, mais qu’il existe un nombre très important de groupes jusqu’alors inconnus et génétiquement éloignés les uns des autres. Ainsi, on utilisent de la biologie moléculaire, on a montré que le picoplancton marin ( organisme de très petite taille entre 0,2 er 2-3 microns) qui constitue la base de l’écosystème pélagique (haute mer), recèle de nombreux groupes d’eucaryotes non répertorier.

Le séquençage de l’ARN ribosomal d’un échantillon de picoplancton du pacifique a montré que la presque totalité des séquences ne pouvaient être rattachées à celles d’organismes connus. On a découvert en particulier des espèces d’algues verte primitives (les prasinophytes) non isolées à ce jour, et de nouvelles branches dans l’arbre de protiste.

Ce qui est également nouveau est que la majorité des séquences obtenues appartiennent à des organismes qui sont soit des espèces prédatrices, soit des espèces impliquées dans la dégradation de la matière vivante, fonction que l’on pensait jusqu’ici principalement assurée par les bactéries et non par des eucaryotes.

**4.3 la systématique, l’informatique et internet**

Nommer, classer et identifier les espèces est un travail délicat qui nécessite d’utiliser:

* Des collection de référence de spécimens types, en principe déposées dans des musées;
* Des publications spécialisées décrivant les nouvelles espèces;
* Des faunes et des flores accompagnées de clés d’identification qui synthétisent l’information disponible et donnent accès à la connaissance taxinomique.

Il en résulte que la connaissance des divers groupes taxinomiques a longtemps été le privilège d’un poignée de spécialistes dont le nombre fluctue selon les politiques et les modes. On fait d’ailleurs le constat, un peu partout dans le monde, d’une véritable crise en matière de recrutement de systématiciens. Dans un tel contexte, si l’on veut accélérer le processus d’inventaire de la diversité biologique qui nécessitera encore plusieurs siècles, et utilise mieux l’information qui existe souvent dispersée dans de nombreuses revues, il faut avoir recours à des moyens puissants et interactifs de gestion et de diffusion de l’information taxinomique.

L’informatique est donc naturellement apparue comme l’outil indispensable au stockage, à la gestion et à l’analyse de toutes ces informations.

Si des progrès considérables ont été faits dans le domaine des logiciels et des traitements informatisés, un système informatique performant en matière de systématique et d’inventaires taxinomiques fait encore cruellement défaut à l’heure actuelle.

**5.Valorisation de la biodiversité**

**5.1 Notion de biens services fournis par les écosystèmes**

**5.2 Bases de l’évolution économique de la diversité biologique**

**5.2.1 Valeurs d’usage et de non-usage**

**5.2.2 Biens économiques et biens gratuits**

**5.2.3 Appropriation et/ou libre accès à la diversité biologique**

**5.3 Donner un prix à la diversité biologique ?**

**5.3.1 Que l’ensemble des écosystèmes ?**

**5.3.2 Des « infrastructures naturelles »**

**5.4 les usage de la biodiversité**

**5.4.1 Usages alimentaires des ressources vivantes**

**5.4.2 les produits de l’extractivisme**

**5.4.3 Le bois**

**5.4.4 Les perspectives industrielles des biotechnologies**

**5.4.5 Animaux et plantes d’ornements**

**5.4.6 Ecotourisme**