**APPORT DE LA BIO SYSTEMATIQUE MOLECULAIRE**

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.

**LA SYSTEMATIQUE, 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.