

Un code-barres génétique pour la biodiversité Suisse ?

Alexandre Aebi et Jan Pawlowski

Chaque espèce possède des régions d'ADN qui lui sont propres. Ces petits fragments spécifiques peuvent être utilisés comme un code-barres génétique afin d'identifier chaque organisme constituant la biodiversité.

Cette approche moléculaire est complémentaire à la taxonomie classique. Elle peut par exemple apporter une aide précieuse lors d'analyse d'espèces morphologiquement proches, d'échantillons incomplets (fragments, contenus stomacaux), de stades biologiques cryptiques (œufs, larves) ou même de traces organiques. Etablir un catalogue des codes-barres génétiques de la biodiversité qui nous entoure pourrait avoir des applications pratiques dans des domaines variés tels que la biologie de la conservation, la biosécurité, le suivi d'espèces invasives, le biomonitoring ou la criminologie.

Barcoding : pour quelles applications ?

L'étude de la biodiversité et la biologie de la conservation seraient probablement les domaines à bénéficier le plus d'un code-barres génétique. En effet, il est très difficile de mesurer la richesse et l'abondance relative des espèces d'une communauté de manière exhaustive, car, par exemple, de nombreuses espèces sont constituées d'un assemblage d'espèces cryptiques, morphologiquement identiques, mais génétiquement différentes. Une gestion efficace des espèces en danger d'extinction ainsi qu'une évaluation de l'influence du climat et l'impact des activités humaines sur la biodiversité

dépendent de solides connaissances sur la structure et la composition de nos écosystèmes. L'utilisation du code-barres génétique nous permettra d'établir une liste complète d'espèces présentes dans un environnement donné. Même les organismes les plus petits pourront être détectés grâce aux techniques de séquençage de nouvelle génération qui permettent des analyses génétiques de la totalité de la biodiversité présente dans des échantillons d'ADN extraits des sédiments lacustres, de la terre ou même de l'air, ouvrant d'innombrables perspectives de recherches et d'applications.

Où se situe la Suisse ?

L'existence d'une banque de données de références est primordiale pour l'utilisation correcte d'un code-barres génétique. Le programme international IBOL (International Barcode of Life), qui recense 25 pays membres, a référencié déjà plus d'un million de codes-barres mis à disposition des chercheurs du monde entier. Qu'en est-il en Suisse ? La première conférence sur le code-barres génétique suisse, qui s'est déroulée à Genève, le 9 septembre 2011, en présence du directeur de l'iBOL Paul Hebert, a permis à des chercheurs d'horizons variés de présenter leurs recherches en cours portant sur l'utilisation des codes-barres dans les domaines suivants : identification de ravageurs de culture de quarantaine, biosécurité, biodiversité cryptique, collections d'herbarium et parasitologie.

A la clôture de la conférence, le comité d'organisation a invité la Suisse à rejoindre iBOL et à créer une plate-forme des codes-barres génétiques suisses (Swiss-BOL) afin de référencier la biodiversité de notre pays, en créant une banque de données moléculaires et une collection de référence des spécimens étudiés. La participation de 90 scientifiques de toute la Suisse à cette conférence démontre l'importance d'une telle initiative pour la recherche scientifique dans des domaines tels que l'écologie, la parasitologie, la botanique et la lutte biologique.



A l'instar du code-barres qui permet de différencier des produits commerciaux à l'aide d'un capteur électronique, les codes-barres génétiques permettront de différencier les espèces biologiques lors d'analyses moléculaires de la biodiversité.