



Académie des Sciences d'Outre-Mer

Séance du 2 octobre 2020 à 15h

« De la biodiversité »

*Décrire et définir la biodiversité :
la notion d'espèce, un concept imparfait, mais indispensable*

Didier Paugy, Membre de la 3^{ème} section – ASOM

Lorsque l'on veut décrire et définir la biodiversité, l'une des questions essentielles est de parvenir à son estimation. Ce n'est pas un défi simple car tout évolue très vite et la destruction ou la modification de certains milieux entraînent la disparition, ou l'apparition, massive ou non, d'un nombre inconnu d'espèces.

Se pose alors la question de savoir ce que l'on met derrière la définition de diversité biologique et comment nous est-il possible de l'évaluer quantitativement ? Qui plus est, il convient de savoir ce que l'on met derrière ce mot, trop souvent galvaudé. Ainsi parle-t-on d'habitats (écosystèmes), d'espèces, d'un groupe d'espèces (oiseaux, poissons...), de quelques groupes (vertébrés, invertébrés...), de l'ensemble des végétaux et des animaux ? Enfin, question ultime, y inclut-on ou non les micro-organismes, dont on connaît le rôle majeur qu'ils jouent dans le fonctionnement des écosystèmes, mais dont on ignore presque tout, et dont on est incapable de dresser une esquisse d'inventaire ?

De même, a-t-on le droit d'extrapoler des observations effectuées localement sur quelques groupes médiatiques à l'ensemble de la biodiversité ? Ce qui se pratique, pourtant, souvent dans certains milieux en quête de sensationnel : le poids des mots, le choc des annonces. L'alarmisme n'a pas de prix pour vendre !



Académie des Sciences d'Outre-Mer

Il n'existe pas de réponse simple à toutes ces interrogations et comme déjà évoqué, la biodiversité est composée d'identités que l'on peut, théoriquement, identifier et quantifier : les gènes, les espèces, les écosystèmes, etc.

Toutefois, pour la majorité des citoyens, la diversité biologique s'identifie au nombre d'espèces présentes. Cela est commode, car pour l'évaluer il n'y a qu'à suivre l'évolution des peuplements dans le temps. De plus, ce concept d'espèces est pratique, voire indispensable, car il est certainement plus difficile de rendre compte, à la fois, de la diversité des gènes, des espèces et des habitats.

1. La notion d'espèce, une définition délicate

La notion d'espèce est pratique car tout le monde croit savoir ce qu'est une espèce et pense qu'il est aisé de les recenser à partir de simples critères morphologiques qui permettent de les différencier. On verra que tout cela n'est pas si simple.

Si l'on se limite aux espèces, il convient ensuite de définir le but de l'évaluation. S'agit-il de dénombrer les espèces présentes en un périmètre donné ou s'agit-il d'estimer la variation des effectifs sur le long ou moyen terme, dans un ou plusieurs écosystèmes ?

Effectuer l'inventaire de l'ensemble des espèces est, certes, louable mais, évidemment parfaitement irréaliste. Ainsi, on estime qu'il existerait environ 10 à 20 millions d'espèces et qu'un peu moins de deux millions d'espèces sont actuellement décrites. De nos jours, tous groupes confondus, environ 150 000 espèces sont décrites par an. Il faudra donc sept (fourchette basse) à dix siècles pour aboutir. Et encore on ne tient pas compte, dans cette estimation, du nombre de bactéries. Compte tenu de notre ignorance vis-à-vis de ces organismes, les chiffres les concernant ne sont donnés qu'à titre indicatif. Ainsi, on estime qu'il existe un million à six milliards de bactéries, alors que seules 7 300 sont actuellement connues. Certes, dans ce domaine la recherche est complexe, mais, en plus, les micro-organismes ne sont guère emblématiques et intéressent peu les conservationnistes et les médias. Mieux vaut s'alarmer vis-à-vis des pandas, des baleines, voire des éléphants !

Pourtant, les inventaires, même s'ils sont longs et fastidieux, restent indispensables comme fondation de l'édifice. Et ces recensements reposent sur des briques essentielles, les espèces.

Le concept d'espèce, même s'il paraît simple, a priori, n'en demeure pas moins relativement complexe, d'autant que la description des nouvelles espèces repose désormais sur une taxinomie dite « intégrative », et ne s'appuie donc plus sur de seuls critères morphologiques.



Académie des Sciences d'Outre-Mer

1.1. Quelques définitions

Dans les sciences du vivant, l'espèce est le taxon de base de la systématique, et il existe de nombreuses définitions pour la caractériser, mais la plus communément admise se résume ainsi : « *L'espèce est une communauté interféconde de populations, reproductivement isolées d'autres populations et qui occupent, dans la nature, une niche écologique spécifique* » (Mayr, 1942).

Dans la plupart des disciplines de la biologie, le terme taxinomie est inséparable de celui de systématique, science qui a pour objet de dénombrer et de classer les taxons dans un certain ordre, basé sur des principes divers. Mais, pour beaucoup, taxinomie et systématique sont synonymes.

Dans la pratique, le terme « *systématique* » concerne l'étude de la diversité des organismes et des relations qui existent entre ces organismes. Elle consiste à les classer et à en rechercher les phylogénies. Dit rapidement, elle est la science des classifications. Mais identifier une espèce par sa description plus ou moins partielle est trop long ! Il faut donc remplacer cette description par un nom. Mais identifier une espèce par un seul nom qui lui est spécifique, risque d'entraîner une sorte de pulvérisation ! La dénomination binomiale (genre + espèce) implique donc d'accepter des regroupements entre espèces qui ne se reproduisent pas entre elles.

La « *taxinomie* », quant à elle, consiste à nommer et décrire les organismes pour les regrouper en entités appelés taxons. Il s'agit d'une science très formalisée, dont les règles sont établies et révisées régulièrement par une Commission Internationale de Nomenclature Zoologique qui se réfère au *Code international de nomenclature zoologique* dont les règles de désignation des espèces animales sont les mêmes pour tous les groupes zoologiques.

Taxinomie

Pourquoi écrire **Taxinomie** plutôt que **Taxonomie** ? En résumé, la **Taxinomie**, du grec *taxis* (arrangement) et *nomos* (loi) est l'étude des lois de la classification. La **Taxionomie**, du grec *taxis* (unité) et *onoma* (nom) est l'activité qui aboutit à nommer les groupes d'êtres vivants que l'on appelle souvent des taxons. En composition, le radical grec donne donc *taxi*, comme dans *taxidermie*, et non *taxo* (Daget, 1977). On laissera donc l'usage du terme *Taxonomy* aux anglophones, sachant qu'il s'agit d'une construction mal appropriée.



Académie des Sciences d'Outre-Mer

1.2. Pourquoi classer les individus ?

Au sein d'un ensemble, il n'existe pas deux individus identiques. Même les jumeaux ne sont pas rigoureusement identiques. Le vivant n'est pas stable, et il existe une variété infinie de formes.

Tout est mouvant, mais pour autant, nous ne pouvons pas interpréter scientifiquement la nature en donnant un prénom à chaque mouche, à chaque moineau ou à chaque carpe d'un étang.

Nous avons donc besoin de catégories, qui englobent suffisamment pour pouvoir en parler et généraliser, sans s'encombrer de l'infinie variété des êtres. Heureusement, de tous temps et instinctivement, nous avons été capables de regrouper les ressemblances. Ainsi, le loup nous semble plus en rapport avec le renard qu'avec le ver de terre. C'est à ces analogies que nous devons associer des noms.

2. **Définition biologique de l'espèce**

Mais la définition de Mayr précise qu'il est, de plus, indispensable que la descendance soit viable et féconde. Cette définition écarte de fait les critères morphologiques, anatomiques ou colorimétriques. Si l'on prend l'exemple du chien (\pm 400 races connues), cette définition est tout à fait valable. À l'inverse, l'âne et la jument (ou l'ânesse et le cheval), qui appartiennent au même genre (*Equus*) et qui ont une morphologie assez proche, auront une descendance. Mais la mule ou le mulet issu de cet accouplement ne sera pas fécond, ce qui signifie qu'ils appartiennent bien à deux espèces distinctes. Donc, bien que de morphologie parfois très différente, toutes les races de chien sont interfécondes. Ce qui n'est pas le cas de l'âne ou de la jument dont la descendance, la mule (ou mulet) est un hybride stérile.

La définition biologique de l'espèce paraît donc plus pertinente que celle basée sur la morphologie. Cependant, elle n'est pas toujours applicable à de nombreuses populations naturelles. Dans certains cas, il n'y a d'ailleurs pas d'alternative. Ainsi, en paléontologie, par exemple, on ne peut utiliser que les critères anatomiques.

2.1. Les espèces cryptiques

Avec le développement de la génétique et d'autres techniques (signaux électriques, parasites, etc.), on s'est aperçu qu'une espèce présentant la même morphologie pouvait montrer des traits biologiques différents. D'une espèce décrite initialement, on peut parfois dénombrer plusieurs taxons différents. Une espèce décrite sur le seul critère morphologique peut être, en réalité, un complexe d'espèces sur le plan génétique et/ou biologique. C'est ce que l'on a coutume d'appeler des *espèces*



Académie des Sciences d'Outre-Mer

cryptiques ou parfois aussi des *espèces sœurs*. Elles ont une morphologie semblable, mais sont, néanmoins, génétiquement et écologiquement distinctes.

Les exemples sont nombreux et l'on en rencontre aussi bien chez les invertébrés (papillons par exemple) et chez les vertébrés (de nombreux exemples chez les poissons). L'évidence de l'identification des espèces cryptiques nous incite à conclure que les estimations actuelles de la richesse spécifique globale sont évidemment très sous-estimées par des inventaires fondés sur les morpho-espèces. Par exemple, une étude publiée en 2007, basée sur les séquences mitochondriales des girafes, suggèrent qu'il y a au moins 11 populations distinctes génétiquement en Afrique (*Brown et al.*, 2007).

Les six espèces de girafes connues en Afrique, mais dont les aires de répartition sont isolées, sont un bon exemple d'espèces cryptiques. Ainsi, il y a encore quelques siècles, une seule espèce de girafe parcourait presque toute la vaste aire de savane intertropicale. Puis, la girafe a progressivement disparu de nombreuses régions, en raison de l'aridité croissante, de la perte de son habitat et de l'expansion des activités humaines. La fragmentation de son habitat a progressivement fait disparaître les échanges de gènes, favorisant la différenciation de plusieurs formes et leur isolement reproducteur. Un peu de provocation permettrait de conclure que les contraintes imposées par l'homme et le climat ont favorisé la biodiversité, puisqu'une seule espèce en a engendré 11 populations génétiquement distinctes et six espèces nouvelles.

Nous venons de donner un exemple concernant des espèces vivant dans des habitats séparés et où les échanges géniques ne sont pas ou plus possibles. Mais qu'en est-il des espèces formant un groupe monophylétique vivant dans le même écosystème ?

2.2. Les essaims d'espèces

En biologie, un complexe d'espèces cryptiques est un groupe d'espèces qui satisfait à certaines définitions de l'espèce telles que la définition biologique (elles sont isolées reproductivement l'une de l'autre), ou la définition phylogénétique de l'espèce (leurs lignées génétiques ont une importante différenciation génétique), indiquant une divergence ancienne, mais qui ne sont pas faciles, voire impossibles à distinguer d'un point de vue morphologique. C'est l'exemple des girafes que nous venons de mentionner. Ces espèces sont souvent allopatriques, ou parfois parapatriques. Dans ce cas, il s'agit souvent, mais pas toujours, d'espèces vicariantes ayant des niches écologiques semblables dans des zones géographiques distinctes.



Académie des Sciences d'Outre-Mer

L'*allopatrie* correspond à des taxons qui n'entrent pas en contact dans l'environnement. On peut citer l'exemple des chimpanzés (*Pan troglodytes*) et des bonobos (*Pan paniscus*) qui sont séparés par une barrière naturelle infranchissable pour eux, la rivière Congo, et ne partagent donc aucune partie de leur habitat.

La *parapatrie* est une situation dans laquelle des espèces ne sont pas totalement isolées géographiquement mais possèdent une zone de contact étroite. Par exemple, dans la zone paléarctique occidentale, on trouve la Corneille noire (*Corvus corone*) à l'ouest et la Corneille mantelée (*Corvus cornix*) à l'est. Ainsi, ces deux espèces s'hybrident régulièrement dans une zone de contact formant une étroite bande reliant le Danemark, l'est de l'Autriche et le sud des Alpes françaises.

La *sympatrie* correspond à un groupe d'espèces vivant dans une même zone géographique ou dans le même écosystème. Des populations non isolées géographiquement peuvent évoluer en espèces distinctes. Ici, la sélection naturelle joue un rôle crucial dans la divergence des populations. Ce phénomène est, par exemple, caractéristique chez les poissons cichlidés des Grands Lacs d'Afrique de l'Est.

Lorsqu'un groupe monophylétique est d'espèces étroitement apparentées qui vivent toutes dans le même écosystème, on parle d'essaim d'espèces ou de troupeau d'espèces (*species flock* des anglophones). Dans ce cas, les espèces se sont généralement différenciées à cause de leurs niches écologiques distinctes, comme des différences de régime alimentaire, d'habitat, de cycle de vie etc., au sein d'une même zone géographique. Chez les poissons cichlidés de la région du grand Rift africain, le nombre d'espèces peut être très important et dépasser plusieurs centaines d'espèces : plus de 300 dans le lac Tanganyika, environ 500 et 800 dans les lacs Victoria et Malawi, respectivement.

On comprend, par ces quelques exemples, la difficulté de faire l'inventaire des espèces. Si on ajoute désormais l'aspect génétique, la difficulté s'accroît encore avec le séquençage des espèces, et l'on est encore loin de séquencer les très nombreuses espèces et populations.

2.3. *Barcoding* et *metabarcoding*

Si, dans la pratique, le concept morphologique de l'espèce est encore souvent utilisé, car plus simple et directement appréhendable, de nouvelles techniques d'identification se développent de plus en plus. Parmi celles-ci, on doit citer le code barre du vivant ou *barcoding*.

C'est Paul Herbert qui a mis en place cette méthode qui repose sur la caractérisation d'une séquence particulière d'ADN codant un gène universel présent chez la quasi-totalité des espèces et



Académie des Sciences d'Outre-Mer

considérée comme marqueur de taxon. Dans la technique du *barcoding*, on analyse donc certains fragments d'ADN qui sont identiques au sein d'une même espèce, mais variables entre les espèces.

Puis, les progrès aidant, on a évolué du *barcoding* vers le *metabarcoding*, ce dernier permettant de partager, en aveugle et en une seule fois, une identification de tous les taxons présents dans un seul échantillon. C'est une technique particulièrement appropriée pour étudier la diversité des systèmes riches en espèces inconnues ou difficiles à identifier. On peut citer par exemple un échantillon de 2 850 amphibiens capturés à Madagascar (Vieites et al., 2009). Au sein de cet échantillon, on a pu identifier 244 espèces valides décrites. Mais l'analyse de l'ADN-*metabarcoding* a permis d'estimer, qu'au sein de cet échantillon, il existait, en réalité, 373 espèces probables et 465 espèces possibles, soit, en fait, près du double.

Le *metabarcoding* permet également de caractériser des régimes alimentaires à partir de contenus stomacaux ou de fèces. De même, cette technique s'avère très efficace pour reconstituer les paléo-écosystèmes alors même que les espèces qui les composaient ont disparu. On a pu, par exemple, reconstituer le paléo-environnement et identifier quelques espèces le constituant à partir d'un échantillon de pergélisol.

Il s'agit donc d'un outil très utile pour détecter la présence de taxons difficiles à repérer par des méthodes traditionnelles. Cependant, ces techniques exigent que l'on possède des banques de collections de référence. On a, depuis tous temps, conservé des spécimens de référence : herbiers, spécimens empaillés ou conservés en alcool. Dorénavant, on conserve toujours des spécimens de référence, mais on préserve également leur tissu et l'on traite l'ADN pour le séquencer, puis le stocker dans d'immenses banques de données utilisables par tous.

3. En guise de conclusion

L'ambition de classer et inventorier le vivant est louable, même si le nombre d'espèces existant sur terre est, comme nous l'avons vu, difficile à évaluer. Qui plus est, d'un point de vue scientifique, l'inventaire des espèces aura certainement peu d'écho si l'on se limite à une simple liste, c'est-à-dire une simple prestation de service, même si elle apparaît comme la fondation de l'édifice. Scientifiquement, ce genre d'étude est peu gratifiant.

En effet, nombre de biologistes, d'autres disciplines, considèrent les taxinomistes et systématiciens comme des prestataires de service médiocres car leur rendu est trop lent, compte-tenu, selon eux, de l'urgence de la crise de la biodiversité. Qui plus est, les revues à plus fort taux d'impact en biologie de l'évolution n'intègrent que très rarement les révisions taxinomiques. De même, les descriptions nouvelles d'espèces ne sont admises qu'à titre exceptionnel dans les revues à facteur d'impact élevé, et seulement pour certains groupes phares (mammifères, oiseaux...).



Académie des Sciences d'Outre-Mer

Nous avons tous entendu dire que, actuellement, il semblerait que la disparition des espèces soit beaucoup plus rapide que le rythme de spéciation (apparition), et on parle très couramment de la 6^{ème} extinction.

Mais, il est une autre disparition alarmante dont presque personne ne parle ; c'est celle des « descripteurs humains » de la diversité, les chercheurs en taxinomie et systématique !

Comme, de plus, il existe de moins en moins de recrutement dans ces domaines, peut-on alors parler d'une 7^{ème} extinction : celle des chercheurs en taxinomie et en systématique ? Sans crédits, on peut considérer ces disciplines en phase terminale !

Bibliographie

Brown D.M., Brenneman R.A., Koepfli K.-P., Pollinger J.P., Milá B., Georgiadis N.J., Louis E.E. Jr, Grether G.F., Jacobs D.K. & Wayne R.K., 2007. Extensive population genetic structure in the giraffe. *BMC Biology*, 5, 1 : 57.

Daget J., 1977. Éditorial. *Cybium*, 3^e série, 2 : 3-6.

Mayr R., 1942. Systematics and the Origin of Species. *Columbia University Press*, 2960 Broadway, New York City, 334 p.

Vieites D.R., Wollenberg K.C., Andreone F., Köhler J., Glaw F. & Vences M., 2009. Vast underestimation of Madagascar's biodiversity evidenced by an integrative amphibian inventory. *PNAS*, 106, 20 : 8267-8272.
