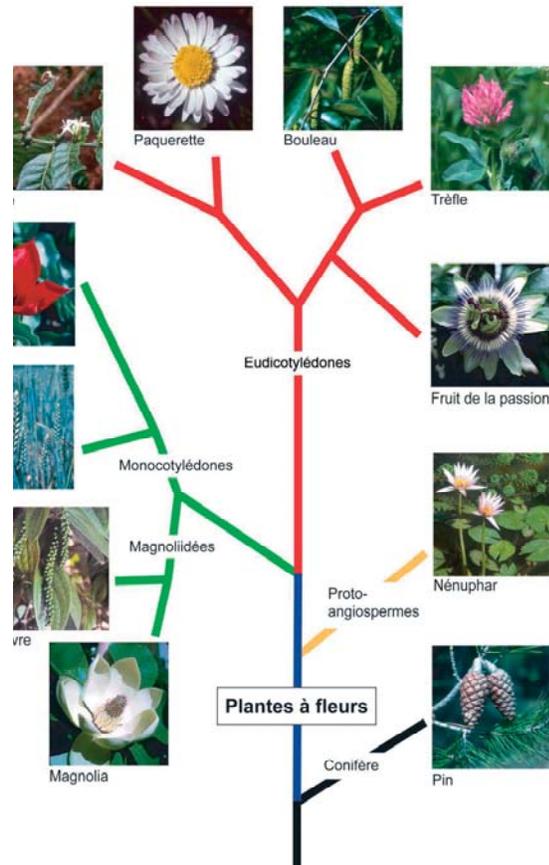


19 février 2006  
1106e séance\*, conférence

## Des molécules d'ADN pour classifier les espèces végétales et comprendre leur évolution

Par Mathieu Perret

L'utilisation de techniques moléculaires en botanique a ouvert de nouvelles perspectives dans la classification des plantes et la compréhension de leur évolution. Ce domaine de recherche, connu sous le nom de phylogénie ou systématique moléculaire, a considérablement modifié notre approche de la systématique qui tend actuellement à refléter l'histoire des organismes et se décline le plus souvent sous la forme d'arbres phylogénétiques. Chez les plantes à fleurs, les efforts d'un consortium international de chercheurs (Angiosperm phylogenetic group, APG) ont permis d'élaborer une classification qui fait office de référence. Sans bouleverser de fond en comble les systèmes antérieurs, cette nouvelle classification redéfinit certaines familles ou grands groupes et clarifie leurs relations au sein des angiospermes. Certaines implications de ces changements vous seront présentées au niveau de la flore suisse et d'ailleurs. En plus des apports dans la classification, les analyses de séquences d'ADN permettent aussi de dater certaines divergences, de reconstruire l'évolution de la morphologie des plantes, ou l'histoire de la distribution des espèces. Finalement, il a été proposé d'utiliser certaines régions de l'ADN comme codes barres pour identifier les espèces sans avoir recours aux caractères morphologiques. À travers plusieurs exemples, nous évoquerons ces différentes utilisations des séquences d'ADN, leurs avantages et leurs limites.



\* Les conférences ont lieu, en général, le 3ème lundi du mois, de septembre à juin, à 20h30, au Muséum d'histoire naturelle de Genève, route de Malagnou (bus 27, tram 12 ou 16). L'entrée est libre et ouverte à tous.