

17 novembre 2014

1166 séance*, conférence

Le barcoding ADN: Allons-nous vers un changement du nombre d'espèces de plantes en Suisse?

Par Yamama Naciri - Conservatoire & Jardin botaniques de la Ville de Genève (CJB)

Le barcoding ADN a pour but l'identification de spécimens sur la base, non pas de caractères morphologiques, mais de séquences d'ADN, choisies pour cet usage. L'amplification de telles séquences (ou marqueurs) sur du matériel inconnu, et leur comparaison à une base de données moléculaires permettrait donc l'identification du spécimen étudié. Les barcodes ADN seraient ainsi l'équivalent moléculaire d'empreintes digitales spécifiques à l'espèce.

L'utilisation efficace du barcoding ADN suppose l'existence d'un « *barcoding gap* », soit que la variation intraspécifique pour le marqueur utilisé (aussi appelé barcode) soit inférieure à la variation interspécifique. C'est pour tester cette hypothèse, et quantifier l'influence d'un bon échantillonnage sur ce supposé « *barcoding gap* », qu'une étude a été menée entre 2008 et 2010 aux CJB. Cette dernière a été conduite sur 7 genres présents en Suisse (*Acer*, *Salix*, *Lonicera*, *Gentiana*, *Adenostyles*, *Veronica* et *Geranium*) avec 4 marqueurs issus de l'ADN chloroplastique, plusieurs espèces par genre et une taille d'échantillon importante (> 15 individus par espèce). Une assignation parfaite à l'espèce n'a été obtenue que dans le cas de *Lonicera*. Plusieurs raisons expliquent ce mauvais taux d'assignation : l'hybridation interspécifique avec capture de chloroplaste, les spéciations récentes et la rétention d'haplotypes ancestraux, la discordance entre histoire des gènes et histoire des espèces, ou encore certains problèmes techniques comme l'amplification de pseudogènes.

En conclusion, le barcode ADN aurait plutôt tendance à sous-estimer le nombre d'espèces si l'on considère que le critère est l'existence d'un « *barcoding gap* ». Il pourrait, par contre, surestimer ce même nombre d'espèces en cas de capture de chloroplastes très distants génétiquement au sein d'une même espèce ou lors de l'amplification de pseudogènes.



Salix herbacea



Lonicera alpina



Salix reticulata



Lonicera nigra



Salix retusa



Lonicera caerulea



Adenostyles alliarie



Gentiana angustifolia



Acer monspessulanum

* Les conférences ont lieu, en général, le 3ème lundi du mois, de septembre à mai, à 20h30, au Muséum d'histoire naturelle de Genève, route de Malagnou (bus 1, 5, ou 8). L'entrée est libre et ouverte à tous.