

La modernité de la systématique

par Hervé Le Guyader

Université Pierre et Marie Curie, UMR CNRS 7138, Systématique, Adaptation, Évolution, Bâtiment A, 4^{ème} étage, case 5, 7, quai Saint-Bernard, 75252 Paris Cedex 05, France

Reçu le 29 septembre 2004

Qui n'a pas entendu dire qu'au temps de la biologie moléculaire, la systématique n'est qu'une discipline vieillissante, qui n'a plus de raison d'être? Et pourtant tout le monde – des scientifiques aux politiques – dénonce la méconnaissance et l'érosion de la biodiversité, en insistant sur le fait que, en toute vraisemblance, seulement 10 % des espèces en est décrite. Bref, la plus ancienne des disciplines biologiques doit continuellement se défendre et justifier son intérêt, alors qu'une pléiade de jeunes chercheurs talentueux, utilisant les outils et les concepts les plus modernes, souhaitent pouvoir développer leurs travaux.

Classer les organismes vivants a tout d'abord été en soi une activité primordiale, comme dans toute science de la nature. Mais les concepts nécessaires pour arriver à une classification raisonnée ont été trouvés au fur et à mesure de l'histoire de cette science, et ont permis de forger un outil si puissant qu'une classification, au sens moderne de la biologie, permet d'amener un éclairage pertinent sur de nombreuses questions de biologie évolutive.

QUELQUES JALONS HISTORIQUES

Les premières classifications grecques et romaines ont été utilitaires, et le début du Moyen Âge verra surtout fleurir des ajouts et commentaires à ces écrits. Un pas important va être franchi dès le début de la Renaissance, à l'époque où les philosophes s'interrogent sur la nature même des classifications. Sont-elles « philosophiques »? En d'autres termes, sont-elles sous-tendues par une approche théorique construite, et tendent-elles à refléter « l'Ordre de la Nature »? De plus, si, en utilisant différents caractères et différentes logiques, on retrouve sans problèmes les grandes familles de la botanique, n'y a-t-il pas une seule classification à laquelle on peut aboutir de différentes manières? Et si on la retrouve à chaque fois, ne retrouve-t-on par là même cet « Ordre de la Nature »? Toutes ces tentatives font donc penser à l'existence d'une classification particulière, la *classification naturelle*, la, signifiant l'unicité qui, au 18^{ème} siècle, est mis en relation avec l'ordre de la création divine (Le Guyader, 1988). Cette unicité est immédiatement acceptée, mais, bien sûr, dans un contexte fixiste, créationniste. Carl von Linné (1707-1778) sera l'un des grands représentants de ce courant. La dixième édition de son *Sys-*

tema Naturae, sorte d'encyclopédie des travaux portant sur la systématique animale et végétale en Europe, voit le jour en 1758.

À la fin du 18^{ème} siècle, l'avancée majeure est (principalement) le fruit du travail de Bernard et Antoine-Laurent de Jussieu – sans oublier Michel Adanson (1727-1806). Bernard de Jussieu (1699-1776) était le botaniste de Louis XV. Antoine-Laurent de Jussieu (1748-1836), son neveu, aura l'une des premières chaires de botanique au Muséum d'histoire naturelle, au moment de sa création par la Convention en 1793. Ce dernier, en appliquant le principe de subordination des caractères, comprend que, pour définir les familles, le caractère-clé est le *plan d'organisation* de la fleur. En effet, il y a une fleur type « orchidacée », une fleur type « labiacée », une fleur type « rosacée », etc. À cette époque on estime avoir trouvé la méthode naturelle qui permet d'accéder à la classification naturelle. Il est alors possible de décrire avec une assez bonne précision un certain ordre de la nature (Le Guyader, 2000).

Les zoologistes se saisissent alors de cette idée. En France, Jean-Baptiste Lamarck (1744-1829), botaniste de formation, applique les techniques de Jussieu aux animaux qu'il appellera « sans vertèbres », tandis qu'Etienne Geoffroy Saint-Hilaire (1772-1844) s'occupe des vertébrés. Georges Cuvier (1769-1832), quant à lui, balaie l'ensemble du règne animal, en intégrant les idées de Lamarck sur la classification. En particulier, il va utiliser en zoologie le concept de plan d'organisation qui a servi à la botanique. Dès son premier grand ouvrage, le *Tableau élémentaire de l'histoire naturelle des animaux*, publié en 1798, il tente d'asseoir la classification générale du règne animal suivant ce critère. Cela le mènera à proposer quatre embranchements, chacun caractérisé par un plan d'organisation, à savoir un plan particulier pour les radiaires (*Radiata*), qui comprend les anémones de mer, les méduses, les oursins, les autres échinodermes... ; un pour les articulés (*Articulata*), à savoir les crustacés, les insectes, les annélides... ; un pour les mollusques (*Mollusca*), c'est-à-dire les gastéropodes, les céphalopodes, les lamellibranches..., et un dernier plan pour les vertébrés (*Vertebrata*).

Depuis, nous sommes passés de quatre à trente-sept embranchements. Très vite, en effet, des erreurs flagrantes ont été corrigées, par exemple en séparant les échinodermes des cnidaires et des cténares, ou encore les annélides des arthropodes. Bien sûr, d'autres organismes,



présentant de nouveaux plans d'organisation, ont été trouvés. Mais dès Cuvier, avec un tel concept, on a une méthode permettant d'accéder à cette classification naturelle. Bien évidemment, toute la difficulté est de s'entendre sur le sens à donner à cette dernière.

Charles Darwin (1809-1882) naît l'année de la publication de la *Philosophie zoologique* de Lamarck et publie *De l'origine des espèces* en 1859, cinquante ans plus tard. Cet ouvrage fera date, car il propose deux idées-clés, la sélection naturelle et, peut-être plus fondamentale, la descendance avec modification. En effet, pour lui, la classification naturelle doit être fondée sur ce concept, avec pour conséquence que les caractères que les naturalistes, comme Jussieu ou Cuvier, considéraient comme montrant une véritable affinité entre espèces, sont ceux qui ont été hérités d'un ancêtre commun. Ainsi, pour Darwin, toute vraie classification est généalogique, et la communauté de descendance est le lien caché que les naturalistes ont inconsciemment cherché.

De tels caractères sont donc des mémoires héritées d'ancêtres. Si l'ancêtre est lointain, la mémoire va être plus difficile à décrypter ; si l'ancêtre est proche, ce sera plus facile. Par exemple, il n'y a pas grande difficulté à classer dans le même taxon des hominoïdés les orang-outans, gorilles, chimpanzés et hommes. Mais, lorsqu'on compare par exemple les vertébrés et les mollusques, les choses deviennent beaucoup plus difficiles, car la ressemblance globale n'est pas évidente.

PHYLOGÉNIE ET SYSTÉMATIQUE

De nouveaux progrès ont été réalisés au cours de la deuxième moitié du 20^{ème} siècle. D'un point de vue conceptuel, Willi Hennig (1913-1976), un zoologiste entomologiste allemand, propose, par une réflexion profonde sur la notion de caractère, une série de règles logiques structurant la recherche opérationnelle des relations de parenté (Hennig, 1966). Cette technique, qui sera appelée « cladistique », permet de construire des arbres phylogénétiques qui mettent en place de manière hiérarchique les ancêtres hypothétiques communs des organismes étudiés. De manière contemporaine, les progrès de la biologie moléculaire permettent d'accéder aux séquences des macromolécules biologiques que sont les protéines et les acides nucléiques. Dès les années 1980, les séquences de gènes (comme ceux codant les ARN ribosomiques) sont disponibles pour de nombreux organismes. Elles fournissent de nombreux et nouveaux caractères qui permettent d'une part d'affiner les phylogénies et, d'autre part, de réunir sur un même arbre des organismes ne présentant pas les mêmes plans d'organisation. Ainsi les phylogénies moléculaires sont le résultat d'une approche conceptuelle et d'un progrès technique (Lecointre & Le Guyader, 2001).

Il convient de réfléchir sur l'impact produit par un tel tableau, souvent brossé de cette manière en cours. On passe naturellement d'une description hésitante des espèces à une utilisation de la biologie moléculaire et

de l'informatique. Quel progrès ! La systématique pourrait être efficace et rationnelle. De plus, de telles phylogénies deviennent des outils performants pour tenter de résoudre des problèmes récurrents de biologie évolutive. Ainsi, dans ce volume, Cyrille d'Haese s'appuie sur une phylogénie moléculaire des hexapodes pour ébaucher un scénario évolutif, en tentant de résoudre l'alternative suivante : la sortie des eaux marines des insectes s'est-elle réalisée par un passage par les eaux douces, ou par un autre milieu, comme les sols ? Sur un tout autre matériel, les rhinocéros actuels et fossiles, Pierre-Olivier Antoine utilise la cladistique pour tenter de reconstruire et d'expliquer l'histoire de ces animaux bien singuliers.

Mais que devient alors ce qu'on appelait la systématique ? Se trouve-t-elle confondue avec la phylogénie ? C'est sans doute le piège intellectuel dans lequel on tombe tout naturellement si l'on suit au premier degré l'histoire, telle que résumée ci-dessus, sans réfléchir plus avant. Le constat est pourtant simple : une phylogénie s'obtient par un travail sur des organismes, actuels ou fossiles, déjà connus, décrits et répertoriés. On n'oublie que trop cette description de la biodiversité, indispensable, mais souvent passée sous silence. Pourtant, comment travailler sans cette connaissance ?

L'un des outils que la technique moderne peut procurer correspond aux bases de données, et on peut affirmer que les *Biodiversity Informatics* représentent, pour la connaissance de la biodiversité, une révolution technologique considérable, aussi importante que celle produite par la révolution moléculaire pour la connaissance des organismes. En effet, l'informatique prête sa puissance au stockage raisonné de multiples informations nécessaires à un travail construit. Dans ce volume, Agnès Dettai explique comment et pourquoi elle conçoit une base de données moderne en ichtyologie.

LA DESCRIPTION DE LA BIODIVERSITÉ

Doit-on continuer à décrire la biodiversité, ou bien peut-on considérer que les quelques siècles de travail naturaliste suffisent ? Cette question fondamentale était récurrente dans les années 1980. Autant mettre l'argent dans les laboratoires performants plutôt que de financer des missions pour des naturalistes qui se sont trompés de siècle... Bref, le Muséum National d'Histoire Naturelle n'avait plus de raison d'être, à part celle de gérer des collections qui n'avaient plus besoin d'être enrichies. Comme souvent, des éléments contingents, venant tant des naturalistes que des molécularistes, sont venus relancer le problème.

Tous les molécularistes ne sont pas des individus insensibles à l'étude de la biodiversité, et les microbiologistes se sont vite rendus compte de l'intérêt de l'outil moléculaire pour aborder un problème qui les hante depuis bien longtemps. En effet, jusqu'à récemment, n'étaient connues que les bactéries cultivables, et personne n'était capable de dire quelle fraction de l'en-

semble des espèces bactériennes était découverte de cette manière. L'approche moléculaire, par l'utilisation de sondes, permet de rechercher, dans un extrait total d'ADN d'un milieu donné (sol, sédiment...), la quasi-totalité des ARN 18S, chacun d'eux étant la signature d'une bactérie, cultivable ou non. Les premiers résultats furent spectaculaires, et montrèrent que la biodiversité bactérienne était beaucoup plus importante que ce que l'on soupçonnait. De plus, par métagénomique, on peut aller chercher les gènes de métabolisme et avoir une vision, non seulement de la diversité, mais également de ses possibilités métaboliques. Un tel travail a été entrepris dès la fin des années 1980 sur un extrait total d'ADN bactérien du plancton de la mer des Sargasses, avec beaucoup de réussite (Giovannoni *et al.*, 1990).

Séparément, la découverte du pico- et du nanoplancton, qui échappait à toute investigation de par la taille de la maille des filets à plancton, a révélé l'existence d'eucaryotes unicellulaires, comme *Ostreococcus*, guère plus grand qu'une bactérie, et jouant un rôle primordial dans le cycle du carbone, par son activité photosynthétique. Par la suite, la diversité du plancton eucaryote s'est révélée beaucoup plus riche que prévue (Moon-van den Staay *et al.*, 2001).

Ainsi de nouveaux organismes ont été découverts par les deux approches, moléculaire d'une part, naturaliste de l'autre. De manière analogue, une richesse insoupçonnée de la biodiversité des forêts tropicales et équatoriales a été révélée par « fogging » d'insecticide au niveau de la canopée. Les espèces nouvelles d'arthropodes (principalement des insectes), décrits par les entomologistes se trouvaient être, pour beaucoup, des organismes très petits (Stork, 1988).

En fait, la nouveauté vient du regard porté sur la biodiversité : on trouve un moyen de révéler l'existence de bactéries autrement que par des cultures ; on va voir là où l'échelle est telle que l'observation était sinon impossible, du moins très difficile.

Philippe Bouchet, quant à lui, a réalisé le même constat quand il s'est intéressé à la description de la biodiversité « cryptique » de l'analogue de la canopée des forêts équatoriales dans le milieu marin, les récifs coralliens. Comment, et sous quels noms scientifiques, rendre compte du foisonnement d'espèces que l'on peut y décrire ? Il s'est en particulier consacré à la faune du Pacifique Ouest, dont l'originalité est de présenter un étonnant gradient de diversité, comme le montrent les coraux constructeurs de récifs. À partir du « Triangle d'or de la biodiversité », au nord de l'Australie, entre les îles de la Sonde, Taïwan et la Nouvelle Guinée, la richesse spécifique décroît continuellement jusqu'à l'île de Pâques, en variant d'un facteur presque de 100.

Pour pallier les problèmes, Philippe Bouchet a mis au point un système d'aspiration et de broyage permettant de récolter des animaux, et en particulier les mollusques à coquille, quelles que soient leurs tailles, alors qu'auparavant la récolte visuelle amenait une limite inférieure. L'étude a été menée en Nouvelle-Calédonie sur trois sites différents, Koumac dans le nord-ouest, Touho dans le nord-est, et Lifou dans l'archipel des Loyautés. Les

résultats peuvent être interprétés à la lumière de trois concepts différents : la richesse, la rareté et la singularité (Bouchet *et al.*, 2002).

Richesse spécifique

Quand on s'adresse aux mollusques marins – les « coquillages » –, l'intuition première est de penser qu'ils constituent un groupe bien inventorié, et qu'une liste d'espèces devrait être facile à extraire de la littérature. Il n'en est rien, comme en témoigne une famille particulière de gastéropodes parasites temporaires ou permanents d'échinodermes, qui constitue la deuxième famille la plus importante du point de vue de la biodiversité, alors qu'elle n'est presque jamais citée dans les ouvrages de référence. Il est vrai qu'elle rassemble des organismes petits à très petits.

L'étude des tailles des animaux illustre ce qui a été dit plus haut. Sur un site donné, le 1/4 des espèces de mollusques à coquille présente une taille supérieure à 20 mm ; ce sont des animaux bien connus, facilement repérables à l'œil ; mais 1/4 des mollusques à coquille a une taille comprise entre 2 et 5 mm et, évidemment, beaucoup d'entre eux étaient oubliés lors des précédentes récoltes. On a donc quelque chose d'analogue à la canopée des forêts équatoriales, la biodiversité inconnue correspondant à des petits animaux qui avaient échappés à l'observation.

Rareté

Il y a en réalité plusieurs formes de rareté. La rareté biologique – ou démographique –, la plus classique, correspond au nombre de spécimens récoltés par taxon. Par exemple, la famille des Triphoridae comporte, à Lifou, 148 espèces, dont plus de la moitié sont représentées par un ou deux exemplaires, alors que la moitié des spécimens appartient aux dix espèces majoritaires.

La rareté écologique est tout autre. Elle correspond au nombre de stations d'occurrence d'une espèce au sein d'un site ou d'une zone d'étude. Par exemple, pour les Turridae, 29 % des espèces ne se rencontrent que sur une seule des 66 stations de Lifou, et 30 % dans plus de six stations.

Singularité

Dans la mesure où la diversité des habitats est comparable, les sites inventoriés avec la même méthodologie dans la même « écorégion » devraient présenter des listes d'espèces pratiquement similaires. Du moins, c'est l'hypothèse que l'on peut logiquement poser. Or, si on compare les sites de Koumac, Lifou et Touho, on constate que seulement 21 % des espèces se retrouvent dans les trois sites, et, par contre, que 50 % des espèces n'ont été répertoriées que sur un seul d'entre eux.

Se pose maintenant un problème de fond : comment rendre compte facilement de toute cette diversité, en sachant que beaucoup d'espèces sont nouvelles, et que les outils d'identification (guides, clés, révisions) manquent pour la plupart des familles ?

La difficulté peut être contournée, comme l'ont fait avant Philippe Bouchet les entomologistes analysant la richesse des coléoptères des forêts tropicales, en utilisant le concept de *morphospecies*, la séparation des unités taxonomiques (aussi appelées OTUs, *Operational Taxonomic Units*) se faisant par une analyse non formalisée des caractères morphologiques. Ceci nécessite une expérience importante qui n'est pas directement transmissible. En d'autres termes, un tel naturaliste n'est réellement formé qu'après des années de terrain. La limite de la méthode en est une conséquence : l'appellation *morphospecies* n'a de valeur qu'au sein de l'équipe qui l'a attribuée, et ce n'est que dans un deuxième temps qu'un binom latin sera attribué, ce qui permet alors à n'importe quel utilisateur d'accéder à tous les attributs de l'espèce.

Or, pour pallier ces difficultés, une nouvelle proposition a été émise il y a peu de temps, le système du « code barre ». La proposition vient d'adeptes de la systématique moléculaire, et consiste à généraliser ce que les phylogénéticiens avaient fait avec les bactéries non cultivables. Quand on fait une phylogénie, par exemple à partir de l'ARN 18S, on reconstruit une histoire des gènes, que l'on assimile par la suite à l'histoire des organismes qui les portent. En d'autres termes, on ne s'intéresse plus aux organismes (des organismes, dans ce cas, bien identifiés par les systématiciens), mais simplement à une séquence associée qui est sensée fournir l'information demandée. La proposition du « code barre » tend à utiliser cette notion, mais en sens inverse. Ainsi Hebert *et al.* (2003) comparent l'ADN à un code barre que chaque espèce possède inscrit, et qui permettrait une identification facile de tout être vivant. Comme à une caisse de supermarché, on préfère visionner un code barre plutôt que d'identifier le produit. Naturellement, il convient de choisir une séquence particulière de l'ADN, et un gène mitochondrial, celui codant la cytochrome oxydase 1, a été proposé. Ainsi, suivant les auteurs, on pourrait développer un outil qui permettrait, « après une après-midi d'apprentissage » (*sic*), d'identifier toute espèce, à partir d'une base de données « codes barres » qui aurait été constituée auparavant. Par exemple, 500 espèces de papillons peuvent déjà être identifiées en utilisant ce système. Le *Consortium for the Barcoding of Life* qui a été récemment créé a organisé, en février 2005, au Muséum d'histoire naturelle de Londres, « the first International Conference for the Barcoding of Life » (site <http://www.nhm.ac.uk/science/BOL/>), avec pour but de concrétiser cette approche, en rassemblant les chercheurs intéressés et en sériant les problèmes à résoudre.

Les difficultés d'une telle entreprise sautent immédiatement aux yeux :

– Il faut évidemment qu'il y ait identification préalable par un taxonomiste avant proposition de code barre ; comme dans un supermarché, il y a un travail en amont qui est l'identification du produit, suivi de la corrélation avec un code barre ; donc cette proposition ne peut entraî-

ner *a priori* (mais peut-être *a posteriori*) la disparition du « goulet d'étranglement » que constitue le long et minutieux travail du taxonomiste ;

– actuellement, il n'y a pas de taxonomistes en activité pour 70 % de la biodiversité ! Paradoxalement, l'initiative code barre rend plus urgente que jamais la formation de taxonomistes morphologistes, seuls capables de corréler l'espèce biologique dans la nature d'où est extrait l'ADN, le type porte-nom dans la collection d'un musée ou d'un herbier, et le nom scientifique latin ;

– pour reprendre l'exemple des mollusques à coquille, de 1/5 à 1/3 des espèces ne sont connues que par des coquilles vides, d'où il est évidemment impossible d'extraire de l'ADN !

– enfin, comment traiter les relations avec la paléontologie, si les études morphologiques sont réduites à néant ?

On peut également rajouter des difficultés supplémentaires, comme la rareté intrinsèque de nombreuses espèces. Si le code barre moléculaire ouvre des perspectives séduisantes pour l'identification de certains organismes (par exemple, feuilles d'arbres, parties du cycle d'espèces parasites, castes d'insectes sociaux), la reconnaissance morphologique classique des taxons a encore de beaux jours devant elle.

BIBLIOGRAPHIE

- Bouchet P., Lozouet P., Maestrati P. & Heros V., Assessing the magnitude of species richness in tropical marine environments: exceptionally high numbers of molluscs at a New Caledonia site. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2002, 75, 421-436.
- Cuvier G., *Tableau élémentaire de l'histoire naturelle des animaux*, 1798 (an 6), Baudouin, Paris.
- Darwin C., *On the origin of species by means of natural selection*, 1859, Murray, Londres.
- Giovannoni S., Britshgi T. B., Moyer C. L. & Field K. G., Genetic diversity in Sargasso Sea bacterioplankton. *Nature*, 1990, 345, 60-63.
- Hebert P., Cywinska A., Ball S. L. & deWaard J. R., Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond., B*, 2003, 270, 313-321.
- Hennig W., *Phylogenetic systematics*, 1966, University of Illinois Press, Urbana.
- Lamarck J.-B., *Philosophie zoologique, ou exposition des considérations relatives à l'histoire naturelle des animaux*, 1809, 2 vol., Dentu, Paris.
- Lecointre G. & Le Guyader H., *Classification phylogénétique du vivant*, 2001, Belin, Paris.
- Le Guyader H., *Théories et histoire en biologie*, 1988, Vrin, Paris.
- Le Guyader H., Le concept de plan d'organisation : quelques aspects de son histoire. *Rev. Hist. Sci.*, 2000, 53/3-4, 339-379.
- Moon-van den Staay S. Y., De Waechter R. & Vaulot D., Oceanic 18S rDNA sequences from picoplankton reveal unsuspected eukaryotic diversity. *Nature*, 2001, 409, 607-610.
- Stork N. E., Insect diversity: facts, fiction and speculation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 1988, 35, 321-337.