[archive] qu’est-ce qu’un code-barre moléculaire ?

publié le 25.04.08 |par nicolas puillandre

en quoi consiste un code-barre (barcode en anglais) moléculaire et quel est son intérêt ?

cet article publié le 25 avril 2008 est conservé à titre d'archive. pour une synthèse plus complète et plus récente sur le sujet, nous vous conseillons l'article *les codes-barres adn pour l’identification d’individus, la délimitation d’espèces et la découverte de nouvelles espèces*.

1. principe

un code-barre moléculaire est un fragment d’adn présent chez tous les organismes vivants. la séquence de ce fragment d’adn est quasiment identique chez des individus qui appartiennent à la même espèce, et permet donc de déterminer l’espèce à laquelle appartient un individu en ne connaissant que la séquence de ce fragment d’adn.

le fragment choisi est un gène du génome mitochondrial codant pour la première sous-unité de la cytochrome oxydase (coi), une protéine qui intervient dans la chaîne respiratoire de la mitochondrie. chaque cellule contenant de nombreuses mitochondries, le gène *coi* est présent en de nombreuses copies, ce qui facilite son séquençage.
de plus, ce gène présente un niveau de variabilité intéressant : les différences entre les séquences de ce gène chez différents individus, apparues par mutations au cours du temps, sont faibles entre les individus d’une même espèce et élevées entre des individus d’espèces différentes.

c’est ainsi que cette séquence d’adn peut être utilisée, à l’instar des codes-barres utilisés dans le commerce, comme un outil d’identification taxonomique des organismes vivants : tous les individus d’une espèce ont des séquences identiques ou très proches, ce qui va permettre l’identification d’un spécimen en comparant sa séquence avec celles des espèces connues. de nombreux codes-barres adn ont déjà été séquencés pour de nombreux organismes tels que les oiseaux, les poissons ou les insectes, dans le cadre du projet international barcode of life lancé en 2003 par paul hebert et son équipe.

2. des banques de codes-barres

le travail effectué lors de l’expédition santo 2006 a consisté à prélever des échantillons de tissus de plusieurs spécimens pour toutes les espèces de mollusques, crustacés et poissons récoltées, en vue d’établir leur code-barre adn. les taxonomistes ont identifié les spécimens récoltés en les attribuant à une famille, un genre ou dans le meilleur des cas à une espèce. le numéro du spécimen, son identification taxonomique et l’ensemble des informations liées à sa récolte (date, lieu, substrat…) ont été reportés dans une base de données.

les gastéropodes et les bivalves, en particulier, ont nécessité un travail spécifique pour

la conservation de leur adn. la coquille, parfois fermée par un opercule, permet à l'animal de se rétracter complètement (figure 1, à gauche). la fixation des tissus et la préservation de l'adn (en remplaçant l'eau des tissus par de l'alcool) est dans ce cas très difficile. au préalable, l'animal est placé dans une solution de chlorure de magnésium qui a pour effet d'anesthésier et de relaxer l'animal qui sort ainsi de sa coquille. un morceau de tissu peut alors être prélevé (figure 1, à droite), le plus souvent dans le pied de l'animal ou dans les pièces musculaires pour un bivalve, et placé dans un tube contenant de l'alcool à 95 %. l'animal est ensuite fixé et préservé entièrement dans de l'alcool à 80 %. de retour au laboratoire, l'adn sera extrait des cellules et le gène *coi* sera séquencé. c'est principalement à cause du protocole spécifique aux gastéropodes et aux bivalves que quatre scientifiques ont travaillé à plein temps à l'échantillonnage de l'adn dans le groupe barcode du module marin de santo 2006.

figure 1 - deux exemples de mollusques gastéropodes
a gauche: un représentant de la famille des *turbinidae*, avec un opercule bien visible
a droite: un *mitridae*, avec le numéro d'identification et le morceau de tissu coupé

auteur(s)/autrice(s) : nicolas puillandre licence : pas de licence spécifique (droits par défaut)

les spécimens de poissons ont également nécessité une préparation particulière par un cinquième scientifique : avant de placer l'animal entier dans le formol, qui interdit toute possibilité d'étude de l'adn par la suite, un morceau de tissu est prélevé et placé dans l'alcool.

les séquences d'adn obtenues, associées au nom de l'espèce sur laquelle l'adn a été prélevé, permettront la constitution d'une base de données associant un nom d'espèce et l'ensemble des séquences d'adn liées à ce nom. plus tard, il sera possible de lire la séquence d'adn d'un spécimen inconnu et de la comparer avec les séquences de la base de données pour identifier le spécimen.

dans certains cas, le spécimen pourra appartenir à une espèce qui n'a pas encore été séquencée auparavant. sa séquence sera donc différente de celles déjà présentes dans la base de données. dans ce cas, un taxonomiste pourra déterminer s'il s'agit d'une espèce déjà décrite, mais qui n'avait tout simplement pas encore été séquencée, ou s'il s'agit d'une nouvelle espèce. dans les deux cas, elle sera ajoutée à la base de données, qui ne cesse ainsi de se compléter.

figure 2 - quelques représentants de la famille des turridae

auteur(s)/autrice(s) : nicolas puillandre licence : pas de licence spécifique (droits par défaut)

l'identification de spécimens inconnus par comparaison avec une base de données constitue la première utilisation que l'on peut faire de l'outil code-barre. de plus, comme on l'a vu, elle permet de préciser l'alpha-taxonomie (partie de la taxonomie qui s'occupe de la délimitation et de la description des espèces), en identifiant éventuellement de nouvelles espèces.

le code-barre adn peut également être utile dans des groupes où l'alpha-taxonomie est mal connue. il est dans ce cas difficile d'associer chaque spécimen à un nom d'espèce, tout simplement parce que peu d'espèces du groupe ont déjà été décrites. de plus, dans de tels cas, les limites des espèces décrites restent souvent incertaines. c'est le cas par exemple du groupe des *turridae* (figure 2), un groupe de mollusques marins prédateurs, qui inclut notamment le fameux ***conus gloriamaris***.

à santo 2006, une attention particulière a été apportée lors de l'échantillonnage de ce groupe, dans le sens où un maximum d'individus a été préservé en alcool pour chaque espèce. l'objectif est d'estimer précisément la variabilité de l'ensemble des espèces de ce groupe, que ce soit en termes de variabilité au sein des espèces ou de variabilité entre les espèces, et proposer ainsi des hypothèses de délimitation d'espèces. ces hypothèses seront également confrontées aux informations morphologiques, géographiques ou écologiques, dont nous disposons pour chacun des spécimens, pour tenter de définir de nouvelles espèces.

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

nicolas puillandre

maître de conférences au muséum national d'histoire naturelle de paris, spécialiste de la systématique et de l'évolution des gastéropodes marins venimeux. il est également responsable scientifique de la collection de mollusques.

MISE EN LIGNE

gilles camus

professeur agrégé de svt. il a été le responsable éditorial du site planet-vie de 2004 à 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

VOIR MENTIONS LÉGALES