

Exploration de la biodiversité : la science doit s'emparer des 80 % encore inconnus

Nous connaissons en fait beaucoup trop peu de la biodiversité ! Nous vivons encore paresseusement sur les acquis améliorés d'une période d'intense exploration qui s'est étendue du XVIII^e siècle jusqu'au début du XX^e siècle avec les débuts de la « systématique ».

Au commencement de cette période naît la description formalisée moderne de la diversité du vivant, avec notamment le célèbre *Systema Naturae* de Karl von Linné (1758). Ces premières classifications sont construites en s'inspirant d'un ordre implicite au vivant, perçu par les auteurs précurseurs. Cette perception comparative et la mise en relation des structures entre organismes différents sont d'ailleurs au cœur de l'origine de la théorie de l'évolution (Le Guyader 2018 ; Montévil 2019).

Alors que l'effort de la systématique s'essouffle au début du XX^e siècle, la biologie générale a un développement extraordinaire. Elle se focalise sur l'étude des lois du vivant à travers l'étude de quelques organismes qui s'imposent comme « modèles », de la drosophile au rat blanc. D'immenses découvertes sont ainsi faites à propos de l'hérédité, du fonctionnement des organismes et des cellules vivantes, qui sont aujourd'hui le socle de nos connaissances générales (Mayr 1982). Par comparaison, l'approche exploratoire et encore descriptive de la diversité du vivant devient peu à peu désuète ; elle souffre de sembler énoncer des particuliers plutôt que les universaux de la biologie générale (Mahner et Bunge 1997 ; Grandcolas 2017).

C'est sans compter avec le développement ultérieur d'une méthodologie comparative et de l'analyse phylogénétique qui revivifie ce domaine et lui permet de contribuer fortement à une biologie moderne de l'évolution (Nelson 1970). La biologie redécouvre alors la diversité des organismes (Wilson 1988), en faisant la synthèse entre les lois générales du vivant et la nécessité de considérer la diversité de leur expression dans le vivant (Grandcolas 2018).

Le bilan de ces décennies passées d'exploration est donc à la fois extraordinaire, à la mesure de la diversité biologique et de ces glorieuses périodes de découverte *ab nihilo*, et décevant, car nous capitalisons trop souvent sur une fausse impression de déjà connu (Grandcolas 2017).

Et pourtant, pour ne donner qu'un seul chiffre, nous ne connaissons aujourd'hui que 2 millions d'espèces biologiques, soit moins de 20 % des 10 millions d'espèces dont l'existence a été inférée statistiquement à de nombreuses reprises (May 1988). Des études sur de nombreux groupes d'organismes se succèdent, qui montrent combien il reste effectivement à découvrir, qu'il s'agisse de petits ou de grands organismes, près ou loin de nous (par exemple (Bouchet 2006 ; Vieites *et al.* 2009 ; De Vargas *et al.* 2015 ; Hawksworth et Lücking 2017 ; Nicolas *et al.* 2017)). Et encore ne connaissons nous que très peu de choses sur la majeure partie des espèces dites connues pour la science. Nous avons juste quelques lignes dans de vieilles publications pour plus de la moitié des macro-organismes (Troudet *et al.* 2017) et quelques molécules en lieu et place de phénotypes entiers chez les microbes non cultivés (Konstantinidis *et al.* 2017).

La question est maintenant de comprendre qu'il est indispensable de découvrir les 80 % encore inconnus de la biodiversité et ce pour plusieurs raisons scientifiques bien définies, plus que la soif de connaissances nouvelles ou la collectionnisme d'espèces nouvelles.

Tout d'abord, les lois du vivant ont des degrés de généralité assez variés ; de l'hérédité au fonctionnement des écosystèmes par exemple, il y a plusieurs ordres de magnitude de différence à cet égard ! De nombreuses lois ou principes nécessitent l'étude de plus de particuliers pour atteindre l'universel, compte tenu de la variation qui est la propriété intrinsèque du vivant (Montévil *et al.* 2016). En clair, nous devons connaître plus d'organismes et de cas particuliers de leur biologie pour pouvoir prétendre généraliser. Les règles de représentativité, de dominance ou d'abondance énoncées comme des truismes sont souvent trompeuses dans le vivant. C'est ainsi, par exemple, qu'il a été récemment documenté que les espèces rares et peu abondantes remplissent souvent des rôles fonctionnels disproportionnés importants au sein des écosystèmes (Mouillot *et al.* 2013).

À l'opposé des universaux, des particuliers se rappellent à nous très fréquemment : combien d'espèces pathogènes, envahissantes sont ainsi découvertes lorsqu'elles ont déjà traversé la moitié de la planète et nous causent de grands soucis. C'est aussi bien le cas du VIH (Barré-Sinoussi *et al.* 1983), obscur rétrovirus issu d'un primate africain, que d'un ver plat envahissant et inconnu, importé d'Amérique du Sud, menaçant la faune de nos sols et leur équilibre faunistique (Justine *et al.* 2020). Il ne se passe pas une semaine sans qu'une espèce nouvelle pour la science ne pose question à nos sociétés. La pandémie du COVID-19 en est une démonstration dramatique : là encore quelques chauves-souris et pangolins méconnus hébergent des coronavirus inconnus (et décrits pour l'occasion) dont la recombinaison génétique met le monde humain à l'arrêt (Hassanin *et al.* 2020). C'est aussi le cas des virus et viroïdes de plantes encore largement inconnus et vecteurs de ravages dans certaines plantations (Maurel 2018).

La problématique de la bio-inspiration (Benyuys 1997) est une autre occasion de comprendre combien la diversité du vivant recèle de merveilles dont nous pouvons nous inspirer pour des sociétés plus durables ; autant de particuliers chez telle ou telle espèce dont la fonction naturelle peut être transposée à des fonctions d'intérêt humain. Pratiquer la bio-inspiration au-delà de découvertes aléatoires d'opportunité suppose de mener une exploration large et raisonnée du vivant et des rapports entre ses structures et ses fonctions.

Les particuliers sont aussi souvent géographiques plutôt que purement taxonomiques. Chaque État, gouvernement ou municipalité doit connaître la biodiversité locale pour élaborer une mise en réserve ou des politiques environnementale, agricole ou de santé (Pellens et Grandcolas 2016). Autant de raisons de connaître faunes et flores locales avec leurs cortèges innombrables d'espèces endémiques (Caesar *et al.* 2017). Que l'on se rappelle l'ordre de magnitude de ces cortèges et qu'il existe, par exemple, 40 000 espèces d'insectes dans la seule France métropolitaine (Gargominy *et al.* 2014).

Même si l'on se focalise sur quelques espèces pour des raisons d'intérêt immédiat, il est indispensable de connaître leurs proches parents. Connaître la signification, le caractère adaptatif et le régime de sélection des traits des organismes, fussent-ils modèles, génotypiques ou phénotypiques, impose de comprendre leur histoire (Jenner 2006). Faut-il, une fois de plus, citer Dobzhansky (1973) – « nothing in biology makes sense except in the light of evolution »¹ – pour s'en convaincre ? Reconstruire l'origine et l'évolution des traits d'un organisme d'intérêt impose de connaître non seulement des proches parents mais aussi une très large partie du vivant. De combien de traits

1. « Rien en biologie n'a de sens, si ce n'est à la lumière de l'évolution. »

fondamentaux l'espèce humaine a-t-elle hérité, dont la compréhension repose sur leur structure et leur fonction à l'échelle des Métazoaires (plus d'un million d'espèces !)? Cela suppose un échantillonnage taxonomique adéquat du vivant, qui n'est pas forcément limité aux espèces connues mais qui doit aller chercher sur le terrain des espèces inconnues dont les modes de vie se font parfois deviner longtemps.

L'ensemble de cet ouvrage est donc dédié à ces approches d'exploration de la diversité du vivant, chacune d'entre elles montrant le besoin crucial que nous avons d'approches exploratoires. « Exploratoire », c'est bien compréhensible à la lecture de ce volume, ne signifie pas une description kilométrique de caractéristiques spécifiques mais une organisation des connaissances et des tests d'hypothèses fondés sur un échantillonnage large du vivant. Ce vivant dont une grande partie nous est étrangement encore inconnue, alors que nous le côtoyons chaque jour. Sans plus attendre, nous devons ne pas subir ou détruire la biodiversité, mais l'étudier pour l'intégrer de manière durable dans nos sociétés.

Bibliographie

- Barré-Sinoussi, F., Chermann, J.C., Rey, F., Nugeyre, M.T., Chamaret, S., Gruest, J., Dauguet, C., Axler-Blin, C., Vezinet-Brun, F., Rouzioux, C., Rozenbaum, W., Montagnier, L. (1983). Isolation of a T-lymphotropic retrovirus from a patient at risk for acquired immune deficiency syndrome (AIDS). *Science*, 220, 868–871.
- Benyus, J.M. (1997). *Biomimicry: Innovation Inspired by Nature*. Harper Perennial, New York.
- Bouchet, P. (2006). The magnitude of marine biodiversity. Dans *The exploration of marine biodiversity: scientific and technological challenges*, Duarte, C.M. (dir.). Fundacion BBVA, Bilbao, 31–62.
- Caesar, M., Grandcolas, P., Pellens, R. (2017). Outstanding micro-endemism in New Caledonia: More than one out of ten animal species have a very restricted distribution range. *PLOS One*, 12(7), e0181437.
- De Vargas, C., Audic, S.P., Henry, N. *et al.* (2015). Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean. *Science*, 348, 1261605.
- Dobzhansky, T. (1973). Nothing in biology makes sense except in the light of evolution. *The American Biology Teacher*, 35, 125–129.
- Gargominy, O., Terceirie, S., Régnier, C., Ramage, T., Schoelinc, C., Dupont, P., Poncet, L. (2014). TAXREF v8.0, référentiel taxonomique pour la France : méthodologie, mise en œuvre et diffusion. Rapport SPN, 42.

- Grandcolas, P. (2017). Loosing the connection between the observation and the specimen: a by-product of the digital era or a trend inherited from general biology?. *Bionomina*, 12, 57–62.
- Grandcolas, P. (2018). Un regard de la systématique sur la biodiversité. Dans *Biodiversité et évolution*, Grandcolas, P., Maurel, M.-C. (dir.). ISTE Editions, Londres, 29–38.
- Hassanin, A., Grandcolas, P., Veron, G. (2020). Covid-19: natural or anthropic origin?. *Mammalia*, sous presse.
- Hawksworth, D.L., Lücking, R. (2017). Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. Dans *The fungal kingdom*, Heitman, J., Howlette, B.J., Crous, P.W. *et al.* (dir.). American society for microbiology, Washington, 79–95.
- Jenner, R.A. (2006). Unburdening evo-devo: ancestral attractions, model organisms, and basal baloney. *Dev. Genes Evol.*, 216, 385–394.
- Justine, J.L., Winsor, L., Gey, D., Gros, P., Thévenot, J. (2020). *Obama chez moi!* The invasion of metropolitan France by the land planarian *Obama nungara* (Platyhelminthes, Geoplanidae). *PeerJ*, 8, e8385.
- Konstantinidis, K.T., Rosselló-Móra, R., Amann, R. (2017). Uncultivated microbes in need of their own taxonomy. *The ISME Journal*, 11, 2399–2406.
- Le Guyader, H. (2018). *Classification et évolution*. Le Pommier, Paris.
- Linnaeus, C. (1758). *Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis* (10^e édition, tome 1). Laurentii Salvii, Holmiae.
- Mahner, M., Bunge, M. (1997). *Foundations of biophilosophy*. Springer, Berlin.
- Maurel, M.-C. (2018). À la frontière du vivant : les viroïdes [En ligne]. *The Conversation*. Disponible à l'adresse : <https://theconversation.com/a-la-frontiere-du-vivant-les-viro-des-90500>.
- May, R.M. (1988). How many species are there on earth?. *Science*, 241(4872), 1441–1449.
- Mayr, E. (1982). *The growth of biological thought: Diversity, evolution, and inheritance*. Harvard University Press, Cambridge.
- Montévil, M. (2019). Measurement in biology is methodized by theory. *Biology & philosophy*, 34(3), 35.
- Montévil, M., Mossio, M., Pocheville, A., Longo, G. (2016). Theoretical principles for biology: Variation. *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 122, 36–50.

- Mouillot, D., Bellwood, D.R., Baraloto, C., Chave, J., Galzin, R., Harmelin-Vivien, M., Kulbicki, M., Lavergne, S., Lavorel, S., Mouquet, N., Paine, C.E.T., Renaud, J., Thuiller, W. (2013). Rare Species Support Vulnerable Functions in High-Diversity Ecosystems. *PLOS Biology*, 11, e1001569.
- Nicolas, V., Martínez-Vargas, J., Hugot, J.P. (2017). *Talpa aquitania* sp. nov. (Talpidae, Soricomorpha), a new mole species from SW France and N Spain. *Mammalia*, 81(6), 641–642.
- Pellens, R., Grandcolas, P. (dir.) (2016). *Biodiversity Conservation and Phylogenetic Systematics: preserving our evolutionary heritage in an extinction crisis*. Springer International Publishing, New York.
- Troutet, J., Grandcolas, P., Blin, A., Vignes-Lebbe, R., Legendre, F. (2017). Taxonomic bias in biodiversity data and societal preferences. *Scientific Reports*, 7, 9132.
- Vieites, D.R., Wollenberg, K.C., Andreone, F., Kohler, J., Glaw, F., Vences, M. (2009). Vast underestimation of Madagascar's biodiversity evidenced by an integrative amphibian inventory. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 106, 8267–8272.
- Wilson, E.O. (dir.) (1988). *Biodiversity*. National Academies Press, Washington.