Table des matières

Partie 3: Opportunisme et Contrainte Évolutionnaire 3
Prédiction 3.1: Parahomologie anatomique 3
Confirmation: 4
Figure 3.1.1. Comparaison des membres antérieurs de divers parents d'oiseaux modernes. 4
Réfutation potentielle: 5
Prédiction 3.2: Parahomologie moléculaire 5
Confirmation: 6
Réfutation potentielle: 7
Prédiction 3.3: Analogie anatomique 7
Confirmation: 7
Réfutation potentielle: 7
Prédiction 3.4: Analogie moléculaire 7
Confirmation: 7
Falsification potentielle: 8
Prédiction 3.5: Sous-optimalité anatomique 8
Confirmation: 8
Réfutation potentielle: 9
Sous-optimalité et complexité irréductible 9
Prédiction 3.6: Sous-optimalité moléculaire 10
Confirmation : 10
Figure 3.6.1. //Paramecium aurelia// et //Paramecium caudatum//. 11
Réfutation potentielle : 11
Références 11

Titre original : 29+ Evidences for Macroevolution - Part 3: Opportunism and Evolutionary Constraint

Auteur : Douglas Theobald, Ph.D.

Copyright © 1999-2012 - Version 2.89

Permission is granted to copy and print these pages in total for non-profit personal, educational, research, or critical purposes.

La page originale est disponible à l'adresse : http://www.talkorigins.org/faqs/comdesc/section3.html
Navigation :

- Introduction
- Preuve scientifique et méthode scientifique
- Introduction à la phylogénétique
- Partie 1. Un arbre phylogénétique unique et historique
- Partie 2. Histoire passée
- Partie 3. Opportunisme évolutionniste
- Partie 4. Preuve moléculaire
- Partie 5. Changement
- Remarques finales
- Glossaire

Partie 3: Opportunisme et Contrainte Évolutionnaire

"Vous vous êtes encombré d'une difficulté inutile à adopter le *Natura non facit saltum* sans réserve."

- T. H. Huxley, à Darwin (Huxley 1900, 2:27)

Le principe de l'opportunisme évolutionniste est étroitement lié à l'histoire de l'évolution et aux effets de la contingence (certains auteurs qualifient le concept de l'opportunisme de "principe de continuité") (Crick, 1968). La descendance avec modification progressive signifie que les nouveaux organismes ne peuvent utiliser et modifier que ce qui leur a été donné au départ; ils sont esclaves de leur histoire. De nouvelles structures et fonctions doivent être recrutées à partir d'anciennes structures plus anciennes (Futuyma 1998, p. 110, 671-674). En effet, les structures, par opposition aux fonctions, sont strictement héritées. La vraie nouveauté structurelle sans précédent devrait être très rare. Cela crée des contraintes extrêmes sur les voies d'évolution possibles, comme Huxley l'a bien noté dans la citation ci-dessus.

Prédiction 3.1: Parahomologie anatomique

"Que les eaux produisent des reptiles animés, selon leur espèce, et des oiseaux qui volent sur la terre, dans le firmament du ciel, selon leur espèce. Pourquoi l'Ecriture fait-elle sortir des eaux les animaux volatiles comme les animaux nageurs? c'est qu'il y a entre tous les deux beaucoup de rapport. En effet, de même que les poissons fendent les eaux, qu'ils s'avancent par le mouvement de leurs nageoires, et que, par les diverses inflexions de leur queue, dont ils se servent comme d'un gouvernail, ils se dirigent en ligne droite et en ligne oblique ; ainsi l'on voit les oiseaux nager dans l'air avec leurs ailes de la même manière. Comme donc tous deux nagent également, on leur a donné la même origine et on les a fait sortir également des eaux"
- Saint Basile, évêque de Césarée, 329-379 av.

de L'Hexaemeron: HOMÉLIE HUITIÈME, DES OISEAUX.
faisant l'une des plus anciennes inférences connues à la descendance commune de la similitude biostructurale.

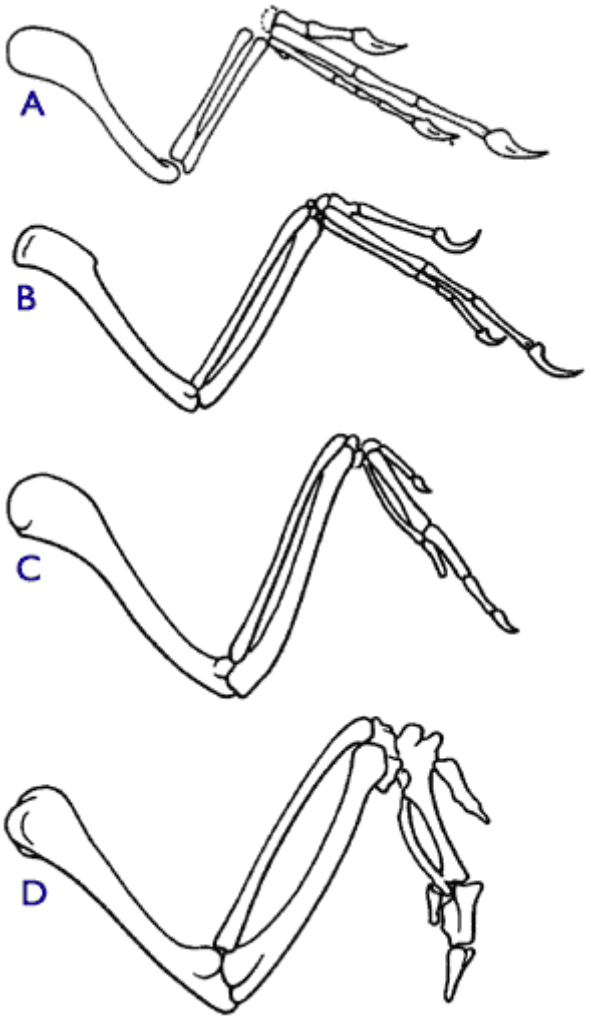
L'une des conséquences majeures de la contrainte du gradualisme est l'existence prédite de la parahomologie. Parahomologie, dans le sens où le terme est utilisé ici, est la similarité de structure malgré la différence de fonction. Quand une espèce se ramifie en deux espèces, l'une ou les deux espèces peuvent acquérir de nouvelles fonctions. Étant donné que les nouvelles espèces doivent s'appuyer sur et modifier des structures préexistantes pour remplir ces nouvelles fonctions, la même structure partagée par ces deux espèces remplira désormais une fonction différente dans chacune des deux espèces. C'est de la parahomologie. Les structures parahomologues ont donc une histoire qui devrait être explicable à partir d'autres sources de preuves évolutives, puisque les caractéristiques dérivées (qui sont désormais ces nouvelles fonctions et structures) ont évolué à partir de structures plus primitives (c'est-à-dire plus anciennes). Par conséquent, des prédictions détaillées et explicites peuvent être faites sur les morphologies possibles des intermédiaires fossiles.

Confirmation:

Il existe d'innombrables exemples de parahomologie chez des espèces vivantes et disparues - les mêmes os dans les mêmes positions relatives sont utilisés dans les mains des primates, les ailes de chauve-souris, les ailes d'oiseau, les ailes de ptérosaure, les nageoires de baleine et de manchot, les pattes de cheval, les pattes de fouille des taupes, les pattes palmées d'amphibiens. Tous ces caractères ont des structures similaires qui remplissent différentes fonctions. L'arbre phylogénétique standard montre pourquoi ces espèces ont ces mêmes structures, c'est-à-dire qu'elles ont des ancêtres communs possédant ces structures. C'est la conclusion à laquelle souscrit l'arbre phylogénétique, même lorsque ces caractères parahomologues n'ont pas été utilisés pour regrouper ces espèces. Considéré objectivement, il s'agit vraiment d'un résultat remarquable, car seuls les caractères dérivés partagés, ayant la même structure et la même fonction, déterminent quelles espèces sont regroupées dans une phylogénie (voir l'explication de la méthodologie cladistique pour plus de détails).

En outre, des preuves indépendantes du registre fossile ont confirmé que beaucoup de ces structures étaient dérivées d'autres. Le registre fossile montre une progression chronologique générale des formes intermédiaires entre les dinosaures théropodes et les oiseaux modernes, dans laquelle les structures théropodes ont été modifiées en structures d'oiseaux modernes (Carroll 1988; Carroll 1997; Sereno 1999). Cette série est illustrée par *Eoraptor* (~ 230 Ma), les Herrerasauridae (~ 230-210 Ma), les Ceratosauria (~ 220-65 Ma), les Allosauroidea (180-90 Ma), les Deinonychosauria (150-65 Ma), *Archaeopteryx* (~ 150 Ma), les Confuciusornithidae (145 Ma), les Enantiornithes (145 Mya-65 Ma) et les Euornithes (65 Ma-à nos jours) (Sereno 1999). La figure 3.1.1 montre les membres antérieurs de quatre intermédiaires représentatifs de la lignée aviaire (Carroll 1988, p. 340; Carroll 1997, p. 309).

Figure 3.1.1. Comparaison des membres antérieurs de divers parents d'oiseaux modernes.



Membres antérieurs de (A) *Ornitholestes*, un dinosaure théropode, (B) *Archaeopteryx*, (C) *Sinornis*, un oiseau archaïque du Crétacé inférieur et (D) l'aile d'un poulet moderne (modifié de Carroll 1988, p. 340; Carroll 1997, page 309).

Réfutation potentielle:

Le registre fossiles pourrait montrer une progression chronologique dans laquelle les ailes des oiseaux se transforment progressivement en bras reptiliens; Cependant, c'est le contraire. En outre, une forte réfutation serait possible s'il était clairement démontré que les structures primitives des ancêtres prédits d'un organisme ne pourraient pas être modifiées de manière raisonnable en structures de l'organisme moderne. Un exemple clair, bien que tout à fait sérieux, est l'impossibilité macro-évolutive de retrouver un animal tel que le pégase. Comme un pégase serait un mammifère étroitement apparenté au cheval, ses ailes seraient considérées comme un caractère dérivé. Cependant, les ailes de Pegase ne peuvent pas être des modifications des structures de ses ancêtres, car les ancêtres prédits immédiats de Pégase et des chevaux n'avaient aucune structure à modifier (Futuyma 1998, p. 110).

De manière analogue, nous prédisons que nous ne devrions jamais trouver d'oiseaux ayant à la fois des ailes et des bras, ni des mollusques hébergeant des chloroplastes, alors même que ces structures pourraient être très utiles pour ces organismes. De manière équivalente, ce serait une forte réfutation si l'arbre phylogénétique n'avait pas de continuité structurelle, mais avait plutôt une continuité fonctionnelle ou n'avait aucune continuité reconnaissable d'aucune sorte. Voir également la réfutation pour la prédiction 3.4.

Prédiction 3.2: Parahomologie moléculaire

Le concept de parahomologie s'applique également aux structures macroscopiques des organismes et aux structures au niveau moléculaire.

Confirmation:

Au niveau moléculaire, l'existence de la parahomologie est assez impressionnante. De nombreuses protéines de fonctions très différentes ont des séquences d'acides aminés et des structures tridimensionnelles remarquablement similaires. Un exemple fréquemment cité est le lysozyme et l'α-lactalbumine. Presque tous les animaux possèdent le lysozyme. C'est une protéine sécrétée, utilisée pour dégrader les parois des cellules bactériennes (Voet et Voet, 1995, p. 381). La structure de la α-lactalbumine est très similaire à celle du lysozyme, même si sa fonction est très différente (impliquée chez les mammifères dans la synthèse du lactose dans la glande mammaire) (Acharya et al. 1989; Voet et Voet 1995, p. 608). On peut souvent déduire des phylogénies moléculaires, comme dans ce cas ici, que la protéine ayant la fonction la plus fondamentale (par exemple le lysozyme) est également la protéine la plus ancienne (Prager et Wilson 1988; Qasba et Kumar 1997).

À plus grande échelle, une confirmation étonnante de ces prévisions évolutives est venue d'une analyse de *Saccharomyces cerevisiae* (levure de boulanger) et de *Caenorhabditis elegans* (un ver). Les génomes de ces deux organismes ont été séquencés très récemment (Barrell 1996; *Caenorhabditis elegans* Sequencing Consortium 1998). Les gènes utilisés par la levure, un organisme unicellulaire, sont généralement des gènes directement liés aux fonctions biochimiques essentielles que tous les organismes doivent exécuter. D'un point de vue évolutif, on pourrait s'attendre à ce que ces gènes soient anciens. Ainsi, il é était prévu et démontré que le ver contenait une grande majorité de ces gènes. En revanche, les gènes supplémentaires utilisés par le ver, qui traitent de la multicellularité, devraient être développés plus récemment. L'analyse phylogénétique a montré que c'était exactement le cas. La grande majorité des gènes supplémentaires dans le ver semblent être directement dérivés de gènes fournissant des fonctions cellulaires centrales, conformément à la prédiction évolutive (Chervitz et al. 1998).

Une étude encore plus vaste des génomes d'eucaryotes connus a également démontré que la parahomologie est partout dans la nature et que la véritable innovation structurelle est relativement rare (Rubin et al., 2000). Dans un numéro spécial de *Science*, une revue scientifique, plus de cinquante chercheurs ont analysé le contenu de l'ensemble des génomes séquencés de *Drosophila melanogaster*, de *Caenorhabditis elegans*, de *Saccharomyces cerevisiae* et d'êtres humains (un insecte, un ver, un champignon unicellulaire et un mammifère - un très large éventail de taxons disparates). *Caenorhabditis elegans* (un important organisme modèle de laboratoire) contient environ 18 000 gènes identifiables, dont la moitié sont des duplications d'autres gènes du même génome. De même, quarante pour cent du génome de l'insecte sont des gènes redondants. D'après les comparaisons de séquences, 70% en moyenne des gènes d'un organisme sont partagés avec les autres organismes, ce qui indique que la plupart des gènes ont été réutilisés au cours de l'évolution pour différentes fonctions dans ces différents organismes. Ce chiffre est certainement une sous-estimation, car de très nombreuses protéines ayant la même structure tridimensionnelle sont connues, mais cette similarité est indétectable avec des comparaisons de séquences seules (une conséquence attendue de la redondance structurelle et fonctionnelle massive des protéines et des acides nucléiques, discutée plus précisément dans les prévisions 4.1 et 4.2). Il est frappant de constater que certaines mouches des fruits presque impossibles à distinguer sur le plan morphologique (telles que *Drosophila melanogaster* et *Drosophila virilis*) présentent une similitude génomique apparente de seulement 70% (Schmid et Tautz, 1997). En dernière analyse, il y a eu très peu de véritables innovations structurelles ou génomiques au cours de l'évolution des eucaryotes, car la plupart des gènes ont simplement été dupliqués et / ou réutilisés, avec une modification mineure, dans le même organisme ou dans des organismes différents. En outre, le niveau de dissimilarité entre les organismes (environ 30%, reflétant probablement l'ampleur de l'évolution génétique qui les sépare) est apparemment imputable à des processus micro-évolutifs graduels, comme ceux qui ont conduit à la divergence de diverses espèces de mouches des fruits.

Réfutation potentielle:

Les protéines remplissant des fonctions évoluées plus récentes devraient présenter des similitudes statistiquement significatives avec les protéines remplissant des fonctions centrales. C'est problématique si ce n'est pas le cas. En outre, il serait contraire à la théorie de l'évolution si nous avions découvert que les gènes impliqués dans les fonctions multicellulaires étaient plus profondément enracinés dans leurs phylogénie (c'est-à-dire si ces gènes étaient plus anciens que les gènes de fonctions centrales) (Li 1997; Chervitz et al. 1998). .

Prédiction 3.3: Analogie anatomique

Le corollaire du principe de l'opportunisme évolutionniste est l'analogie. L'analogie est le cas où différentes structures remplissent les mêmes fonctions ou des fonctions similaires chez différentes espèces. Deux espèces distinctes ont des histoires et des structures différentes. si les deux espèces développent la même nouvelle fonction, elles peuvent s'appuyer sur différentes structures pour remplir cette nouvelle fonction. L'analogie doit également se conformer au principe de continuité structurelle; l'analogie doit être expliquée en termes de structures d'ancêtres prédits.

Confirmation:

Il existe de nombreux exemples d'anatomie d'analogie fonctionnelle. Un cas est l'œil de vertébré et l'œil de céphalopode. Un autre exemple, mentionné précédemment, concerne les plantes du désert américain et saharien, qui utilisent différentes structures pour les mêmes fonctions nécessaires pour vivre dans des régions sèches et arides. Certains mammifères (baleines, lamantins, dauphins), oiseaux (manchots) et poissons ont tous la capacité de vivre et de nager dans des environnements aquatiques et ils utilisent évidemment des structures globalement différentes pour ces fonctions aquatiques. Bien que maintenant modifiées, toutes les structures qui remplissent ces fonctions étaient également présentes dans leurs ancêtres prédits.

Réfutation potentielle:

Nous ne nous attendons pas à découvrir des espèces de dauphins, de baleines, de manchots ou de proches mammifères possédant des branchies (une analogie possible avec les poissons), leurs ancêtres immédiats manquant de branchies ou de structures analogues à des branchies desquelles ils pourraient dérivés. Ceci est la prédiction macro-évolutive, malgré le fait que les branchies seraient extrêmement avantageuses pour les mammifères et les oiseaux aquatiques. Voir également la réfutation ci-dessous pour l'analogie moléculaire, point 14.

Prédiction 3.4: Analogie moléculaire

Comme la parahomologie, l'analogie devrait être représentée aux niveaux macroscopique et moléculaire.

Confirmation:

Un exemple moléculaire bien connu est le cas des trois protéases subtilisine, carboxy peptidase II et chymotrypsine. Ces trois protéines sont toutes des protéases à sérine (c'est-à-dire qu'elles dégradent d'autres protéines lors de la digestion). Elles ont la même fonction, les mêmes résidus catalytiques dans leurs sites actifs

et le même mécanisme catalytique. Pourtant, elles n'ont pas de similitude de séquence ou de structure (Voet et Voet 1995, p. 394). Un autre exemple moléculaire est celui des ADN-polymérases. Les ADN polymérases sont les protéines qui catalysent la duplication d'un brin d'ADN; c'est-à-dire qu'elles catalysent des additions multiples de nucléotides sur un brin d'ADN. Toutes les structures déterminées pour les ADN-polymérases ont une similarité structurelle évidente à l'exception d'une polymérase β de rat (Davies et al. 1994; Voet et Voet 1995, p. 1040). À l'exception de la polymérase β de rat, toutes les ADN polymérases sont très probablement liées par une évolution divergente. La polymérase β de rat présente une similarité structurelle avec les nucléotidyl-transférases, qui catalysent l'addition d'un nucléotide sur un brin d'ADN. La polymérase β de rat a évidemment évolué à partir des nucléotidyl-transférases par mutation pour catalyser plusieurs additions de nucléotides au lieu d'une seule (ce qui illustre bien pourquoi l'analogie est finalement aussi une parahomologie) (Aravind et Koonin, 1999).

Falsification potentielle:

La parahomologie et l'analogie sont des prédictions spécifiques de la macroévolution et du principe de l'opportunisme évolutionniste. Il est possible qu'un monde puisse exister sans cas de parahomologie ou d'analogie biologique. Par exemple, les organismes vivants pourraient être construits de manière modulaire, comme la plupart des créations anthropiques, où chaque structure spécifique remplit une fonction spécifique.

Prédiction 3.5: Sous-optimalité anatomique

L'opportunisme évolutif entraîne également des fonctions et des structures sous-optimales. Comme indiqué précédemment, en développant progressivement une nouvelle fonction, les organismes doivent se débrouiller avec ce qu'ils ont déjà. Ainsi, les fonctions sont susceptibles d'être exécutées par des structures qui auraient été agencées différemment (par exemple plus efficacement) si la fonction finale était connue dès le départ. La “sous-optimalité” ne signifie pas qu'une structure fonctionne mal. Cela signifie simplement qu'une structure de conception plus efficace (généralement avec une complexité moins superflue) pourrait également remplir la même fonction finale. Les structures et les fonctions sous-optimales doivent avoir une explication évolutive historique gradualiste, basée sur l’utilisation opportuniste de structures ancestrales, si cette histoire est connue à partir d'autres preuves (par exemple, si cette histoire est phylogénétiquement déterminée par des organismes étroitement liés ou par l'historique fossile).

Confirmation:

Le circuit gastro-intestinal des mammifères traverse le système respiratoire. Fonctionnellement, c'est sous-optimal. il serait bénéfique de pouvoir respirer et avaler simultanément. Malheureusement, nous ne pouvons pas, et c'est pourquoi nous sommes susceptibles de mourir en suffoquant. Cependant, il existe une bonne raison historique évolutive pour cet arrangement. Les *Ostéolépiformes* (poisson à poumon du Dévonien), à partir desquels les mammifères ont évolué, ont avalé de l'air pour respirer. Ce n'est que plus tard que les ancêtres des mammifères ont utilisé les narines olfactives des poissons pour leur fonction de respiration sur terre. Il se trouve que les narines (utilisées à l'origine uniquement pour sentir) se situent du côté opposé de l'œsophage aux poumons (Futuyma 1998, p. 5). Les humains ont hérité de cette conception originale, même si elle pose maintenant des problèmes.

Un autre exemple anatomique de sous-optimalité est la rétine inversée de mammifère, avec son point aveugle. Il est inversé car les vaisseaux sanguins et les nerfs de la rétine sont situés au-dessus de la rétine et que la lumière doit les traverser d'abord avant de frapper les cellules sensibles à la lumière en dessous. Le point aveugle est causé par le trou où les nerfs se rencontrent et traversent la rétine pour se rendre au cerveau. Afin de traiter les nombreux problèmes inhérents à une rétine inversée, l’œil vertébré utilise diverses structures et mécanismes compensatoires complexes (par exemple, des fovéas et des nerfs non myélinisés plus lents et plus

transparents).

Les céphalopodes (par exemple, les calmars et les poulpes) ont des yeux de forme similaire, basés sur les mêmes principes mécaniques que les yeux de mammifères. Cependant, contrairement aux yeux de mammifères, les yeux de céphalopodes ont des structures rétiniennes sous-jacentes très différentes (par exemple, ils sont verticaux et non inversés) et ils n'ont pas de points aveugle (Goldsmith 1990; Williams 1992, p. 72-74). Ceci suggère fortement que les mammifères pourraient également avoir des yeux sans points aveugles.

Il existe de nombreux autres exemples de fonctions sous-optimales dans la FAQ sur la conception improvisée.

Réfutation potentielle:

Une réfutation fortement positive serait la découverte d'un mammifère sans voies gastro-intestinales et respiratoires communes, ou d'un reptile ou d'un mammifère sans points aveugles dans les yeux, etc. Cela est dû au fait qu'une mauvaise conception ne peut pas être “corrigée” par des processus évolutifs, même si corriger le problème serait bénéfique pour l'organisme. La seule “réparation” autorisée dans l'évolution est une modification relativement mineure de ce qui existe déjà.

Remarque: Les membres de cette classe d'arguments pourraient éventuellement être annulés si une structure présumée sous-optimale se révélait effectivement fonctionnellement efficace. Cependant, pour la plupart des exemples, trouver une fonction importante pour un arrangement structurel spécifique ne modifie pas la conclusion de base. Par exemple, peut-être le point aveugle de la rétine chez les vertébrés est nécessaire à une fonction importante, ou peut-être a-t-il une fonction actuellement inconnue, spécifique aux animaux terrestres. En fait, certains anti-évolutionnistes ont proposé que le complexe et inversé œil de vertébré, avec son point aveugle, soit requis pour la vie terrestre, tandis que le œil céphalopode plus efficace suffit pour une vision sous-marine trouble (Bergman, 2000). Mais alors la question se pose: pourquoi les poissons vertébrés ont-ils des yeux inversés? Pour les poissons, le plan des yeux des vertébrés, avec sa complexité supplémentaire et inutile, est sous-optimal, car les yeux de céphalopodes, plus élégants, plus efficaces et moins complexes, pourraient également remplir des fonctions sous-marines. L'argument de sous-optimalité n'a ainsi pas été réfuté; l'accent a simplement été déplacé d'un organisme à un autre. De plus, l'hypothèse macro-évolutive serait encore potentiellement réfutée par la découverte de poissons osseux vertébrés aux yeux non-inversés. Pour plus d'informations, voir l'encadré “Sous-optimalité et complexité irréductible”.

Sous-optimalité et complexité irréductible

L'apparition d'une fonction sous-optimale est intimement liée à la déduction de l’Intelligent Design. De toute évidence, il existe de nombreux moyens inefficaces d’exécuter une fonction donnée; Cependant, certaines fonctions sont exécutées très efficacement. Les structures qui remplissent des fonctions extrêmement efficaces sont souvent intelligemment conçues. De même, nous pensons souvent que le meilleur concepteur est celui qui conçoit une structure pour exécuter une fonction de la manière la plus élégante, la plus efficace et la moins complexe possible.

Selon les termes de Michael Behe, l'avocat de la conception intelligente, une mesure de l'efficacité de la conception (réelle ou apparente) est la complexité irréductible. Voici les propres mots de Behe: “Par complexe irréductible (IC), je veux dire un système unique composé de plusieurs parties bien appariées et en interaction qui contribuent à la fonction de base, dans laquelle la suppression d’une quelconque des parties provoque la cessation effective du système. ” (Behe 1996, p. 39, mes parenthèses).

Une façon équivalente d’énoncer la prédiction évolutive de la fonction sous-optimale est que de *nombreux systèmes biologiques ne doivent pas être irréductiblement complexes*. En outre, dans la plupart des cas biologiques, un système *complexe irréductible ne sera pas le système le plus simple et irréductiblement complexe, capable de remplir la même fonction*. Par exemple, la même fonction peut être remplie par deux

systèmes de complexité inégale dans deux organismes différents. La biologie moléculaire comparée a démontré que de nombreux systèmes génétiques non redondants (c-a-d, les systèmes IC) chez une espèce donnée sont effectivement réalisés par des systèmes plus simples chez d'autres organismes. De plus, dans d'innombrables cas, beaucoup, sinon la plupart, des systèmes biologiques sont en fait génétiquement redondants (c'est-à-dire qu'ils ne sont pas IC).

Remarque: le point ci-dessus n'est pas une réfutation de l'argument central de Behe selon lequel les systèmes IC très complexes sont difficiles à faire évoluer graduellement (Behe 1996, p. 40). Néanmoins, la thèse de Behe n'est pas une hypothèse scientifique rigoureuse, car il est très difficile, voire impossible, de rassembler des preuves positives à l'appui. On peut établir de manière positive qu'un système n'est pas IC en retirant une partie et en maintenant sa fonction. On peut affirmer de manière positive qu'un système donné n'est pas le système IC le plus simple en observant un système fonctionnellement équivalent comportant moins de parties dans un autre organisme. Cependant, on ne peut pas démontrer qu'il est impossible de développer graduellement un certain système IC. Ce problème est d'autant plus grave que Behe admet volontiers que les systèmes IC peuvent évoluer progressivement (par exemple, l'hémoglobine) (Behe 1996, p. 40, 206 à 207). En fait, compte tenu du nombre suffisant d'itérations de la sélection évolutive, il existe théoriquement un chemin fonctionnel vers toute structure IC (Behe 1996, p. 40; Thornhill et Ussery 2000). La thèse de Behe se résume donc à une question de temps et non de possibilité. Malgré cela, Behe ne tient jamais compte des contraintes de temps évolutives ni des taux d'évolution progressive. Pour prendre en compte le temps nécessaire aux changements évolutifs observés, voir les prévisions 5.7 et 5.8.

Prédiction 3.6: Sous-optimalité moléculaire

Le principe de conception imparfaite devrait également s'appliquer à l'organisation biomoléculaire.

Confirmation :

Avec le récent séquençage du génome humain, nous avons constaté que moins de 2% de l'ADN du génome humain est utilisé pour la fabrication de protéines (International Human Genome Sequencing Consortium 2001, p. 900). 45% de notre génome est composé de transposons, qui ne remplissent aucune fonction connue pour l'individu (sauf causer une fraction importante de maladies et de cancers génétiques) (Deininger et Batzer 1999; Ostertag et Kazazian 2001). Un rétrotransposon, LINE1, représente 17% du génome humain (Ostertag et Kazazian 2001; Smit 1996, IHGSC 2001, p. 879-882). Tous les transposons individuels Alu testés à ce jour se sont révélés non fonctionnels (Deininger et Batzer, 1999). Ainsi, même si ces éléments génétiques remplissent en réalité une fonction *bona fide*, ils resteraient parmi les gènes les plus inefficaces de toute la biologie en raison de leur nombre excessif et de leur propension connue à causer des maladies.

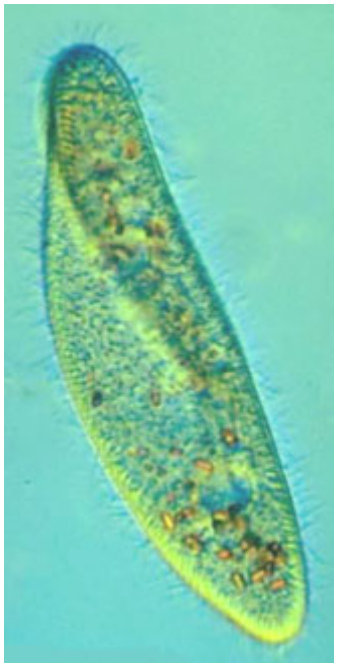
Environ 20% du génome humain est composé de pseudogènes, dont la majorité n'a aucune fonction pour l'individu. Un exemple remarquable est le gène de la glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase (GDPH). Chez l'homme, il existe un gène GDPH fonctionnel, mais au moins vingt pseudogènes à GDPH. Chez la souris, il existe environ 200 pseudogènes GDPH. Outre une ou deux copies fonctionnelles, il existe entre 20 et 30 pseudogènes du cytochrome c chez l'homme et le rat (Li 1997, p. 349).

La majorité des gènes eucaryotes codant pour les protéines fonctionnelles sont interrompus par des séquences non codantes appelées introns. Les introns doivent être coupés avant que les informations contenues dans le gène puissent être utilisées pour fabriquer des protéines. Les introns représentent 80% du gène moyen des vertébrés (Voet et Voet 1995, p. 1144). Comme pour les transposons, la plupart des introns ne servent à rien (dans de rares cas, ils sont impliqués dans la régulation des gènes ou codent pour un ARN fonctionnel).

Le reste de l'ADN dans un génome eucaryote est principalement constitué de séquences répétitives courtes telles que AAAAAA, CACACA ou CGGCGGCGG (IHGSC 2001, p. 879). Il semble qu'il n'existe aucun mécanisme efficace pour débarrasser la plupart des génomes de métazoaires (animaux) d'ADN étranger; Une fois que de l'ADN supplémentaire est introduit dans le génome d'un animal, il est là pour rester.

Même les protistes, organismes unicellulaires, sont soumis à une telle improvisation évolutive. Deux ciliés, *Paramecium aurelia* et *Paramecium caudatum*, ne peuvent pratiquement pas être distingués par analyses morphologiques et phénotypiques (voir Figure 3.6.1). Cependant, le premier a moins de 200 000 kb d'ADN dans son génome, alors que le génome du second contient près de 9 000 000 kb d'ADN, ce qui est évidemment au moins 45 fois plus important que nécessaire (Li 1997, p. 383). Notons également que *Paramecium caudatum*, un organisme unicellulaire, possède environ trois fois l'ADN de l'être humain.

Figure 3.6.1. //Paramecium aurelia// et //Paramecium caudatum//.



Paramecium caudatum (à droite) a 45 fois la quantité d'ADN dans son génome de celle de *Paramecium aurelia* (à gauche). Le génome de *Paramecium caudatum* est également trois fois plus volumineux que le vôtre (à supposer que vous soyez un être humain).

Beaucoup d'énergie est dépensée pour traiter cet excès d'ADN; Cependant, tous ces exemples moléculaires ont aussi des explications convaincantes basées sur des histoires évolutives. Voir les preuves moléculaires dans les prévisions 4.3 à 4.5 pour plus d'informations (Li 1997).

Réfutation potentielle :

Étant donné que l'évolution n'a aucune prévoyance et qu'elle ne peut planifier ses futures fonctions, il serait extrêmement suspect si des systèmes moléculaires biologiques étaient efficacement conçu. Encore une fois, cela n'exclut pas la complexité - simplement l'efficience du mécanisme.

Partie 2. Histoire passée
Partie 4. Preuve moléculaire

Références

- Acharya, K. R., D. I. Stuart, et al. (1989) "Refined structure of baboon alpha-lactalbumin at 1.7 Å

resolution - comparison with c-type lysozyme." Journal of Molecular Biology 208: 99-127. PubMed
- Aravind, L., and Koonin, E. V. (1999) "DNA polymerase beta-like nucleotidyl transferase superfamily: identification of three new families, classification, and evolutionary history." Nucleic Acids Research 27: 1609. http://nar.oupjournals.org/cgi/content/full/27/7/1609
- Barrell, B. G., et al. (1996) "Life with 6000 genes." Science 274: 546-567. PubMed
- Behe, M. (1996) Darwin's Black Box. New York, Touchstone.
- Bergman, J. (2000) "Is the inverted human eye a poor design?" Perspectives on Science and Christian Faith 52: 18-30. http://www.asa3.org/ASA/PSCF/2000/PSCF3-00Bergman.html
- Carroll, R. L. (1988) Vertebrate Paleontology and Evolution. New York, W. H. Freeman and Co.
- Carroll, R. L. (1997) Patterns and Processes of Vertebrate Evolution. Cambridge: Cambridge University Press.
- Chervitz, S. A., et al. (1998) "Comparison of the complete protein sets of worm and yeast: Orthology and divergence." Science 282: 2022-2028. PubMed
- Caenorhabditis elegans Sequencing Consortium (1998) "Genome sequence of the nematode C. elegans: A platform for investigating biology." Science 282: 2012-2018. PubMed
- Crick, F. H. C. (1968) "The origin of the genetic code." Journal of Molecular Biology 38: 367-379.
- Davies, J. C. I., R. J. Almassey, et al. (1994) "2.3 Å crystal structure of the catalytic domain of DNA polymerase beta." Cell 76: 1123-1133. PubMed
- Deininger, P. L., and Batzer, M. A. (1999) "Alu repeats and human disease." Mol Genet Metab. 67: 183-193. PubMed
- Futuyma, D. (1998) Evolutionary Biology. Third edition. Sunderland, MA, Sinauer Associates.
- Goldsmith, T. H. (1990) "Optimization, constraint, and history in the evolution of eyes." Quarterly Review of Biology 65: 281-322. PubMed
- Huxley, T. H. (1900) Life and letters of Thomas Henry Huxley. London, MacMillan.
- International Human Genome Sequencing Consortium (2001) "Initial sequencing and analysis of the human genome." Nature 409: 860-921. http://www.nature.com/cgi-taf/DynaPage.taf?file=/nature/journal/v409/n6822/full/409860a0_fs.html
- Li, W.-H. (1997) Molecular Evolution. Sunderland, MA, Sinauer Associates.
- Ostertag, E.M., and Kazazian, H. H. (2001) "Biology of mammalian L1 retrotransposons." Annu Rev Genet 35: 501-538. PubMed
- Novick, G. E., Gonzalez, T., Garrison, J., Novick, C. C., Batzer, M. A., Deininger, P. L., Herrera, R. J. (1993) "The use of polymorphic Alu insertions in human DNA fingerprinting." EXS. 67: 283-291. PubMed
- Novick, G. E., Novick, C. C., Yunis, J., Yunis, E., Martinez, K., Duncan, G. G., Troup, G. M., Deininger, P. L., Stoneking, M., Batzer, M. A., et al. (1995) "Polymorphic human specific Alu insertions as markers for human identification." Electrophoresis 16: 1596-1601. PubMed
- Prager, E. M., and Wilson, A. C. (1988) "Ancient origin of lactalbumin from lysozyme: analysis of DNA and amino acid sequences." Journal of Molecular Evolution 27: 326-335. PubMed
- Qasba, P. K., and Kumar, S. (1997) "Molecular divergence of lysozymes and alpha lactalbumin." Critical Review of Biochemistry and Molecular Biology 32: 255-306. PubMed
- Rubin, G. M. et al. (2000) "Comparative Genomics of the Eukaryotes." Science 287: 2204-2218. PubMed
- Schmid, K. J., and Tautz, D. (1997) "A screen for fast evolving genes from *Drosophila*." Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 94: 9746-9750. http://www.pnas.org/cgi/content/full/94/18/9746
- Sereno, P. C. (1999) "The Evolution of Dinosaurs." Science 284: 2137-2147. PubMed
- Smit, A. F. A. (1996) "The origin of interspersed repeats in the human genome." Current Opinion in Genetics and Development 6: 743-748. PubMed
- Thornhill, R. H., and Ussery, D. W. (2000) "A classification of possible routes of Darwinian evolution." Journal of Theoretical Biology 203: 111-116. PubMed
- Voet, D., and Voet, J. (1995) Biochemistry. New York, John Wiley and Sons.
- Williams, G. C. (1992) Natural Selection: Domains, Levels, and Challenges. New York, Oxford University Press.

From:
https://www.evowiki.fr/ - **EvoWiki**

Permanent link:
https://www.evowiki.fr/comdesc-3?rev=1575524269

Last update: **2019/12/05 06:37**