

Table des matières

Partie 5: Changement et Mutation	3
Prédiction 5.1: changement génétique	3
Confirmation:	3
Réfutation potentielle:	4
Prédiction 5.2: Changement morphologique	4
Confirmation:	4
Prédiction 5.3: Changement fonctionnel	4
Confirmation:	4
Prévision 5.4: Le passé étrange de la Terre et le registre fossile	5
Confirmation:	5
Réfutation potentielle:	6
Prédiction 5.5: Étapes de la spéciation	6
Confirmation:	7
Réfutation potentielle:	7
Prédiction 5.6: Spéciations	7
Confirmation:	8
Prédiction 5.7: Taux de changement morphologiques	8
Confirmation:	8
Réfutation potentielle:	9
Prédiction 5.8: Taux de changement génétique	9
Confirmation:	9
Réfutation potentielle:	10
Références	10

Titre original : **29+ Evidences for Macroevolution - Part 5 : Change and Mutability**

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/section5.html>
Navigation :

- [Introduction](#)
 - [Preuve scientifique et méthode scientifique](#)
 - [Glossaire](#)
- [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](#)

Partie 5: Changement et Mutation



“What man that sees the ever-whirling wheel
Of Change, the which all mortal things doth sway,
But that thereby doth find, and plainly feel,
How Mutability in them doth play”

-Edmund Spenser
Folio 41v , c. AD 1200
The Faerie Queene, bk. VII, ch. VI, 1596

Prédiction 5.1: changement génétique

L'information génétique spécifie tout ce qui concerne un organisme et son potentiel. Le génotype spécifie les phénotypes possibles, par conséquent, le changement phénotypique suit le changement génétique. Cela devrait évidemment être l'un des domaines où le changement évolutif est perçu, et le changement génétique est vraiment le plus important pour comprendre les processus évolutifs.

Confirmation:

Des modifications génétiques extrêmement étendues ont été observées, à la fois en laboratoire et à l'état sauvage. Nous avons vu des génomes altérés de manière irréversible et héréditaire par de nombreux phénomènes, notamment le flux de gènes, la dérive génétique aléatoire, la sélection naturelle et la mutation. Les mutations observées sont dues à des introns mobiles, à des duplications de gènes, à des recombinaisons, à des transpositions, à des insertions rétrovirales (transfert de gène horizontal), à des substitutions de bases, à

des délétions de bases, à des insertions de bases et à des réarrangements chromosomiques. Les réarrangements chromosomiques incluent la duplication du génome (par exemple la polyploïdie), des croisements (crossing-over), des inversions, des translocations, des fissions, des fusions, des duplications de chromosomes et des délétions de chromosomes (Futuyma 1998, p. 267-271, 283-294).

Réfutation potentielle:

Une fois que le matériel génétique a été élucidé, il était évident que, pour que la macroévolution se poursuive, il était nécessaire de modifier considérablement le matériel génétique. Si l'observation générale des généticiens était celle de la stase génomique et de la réticence à un changement génétique important, ce serait une preuve de poids contre la probabilité de macro-évolution. Par exemple, il est possible que, chaque fois que nous introduisons des mutations dans le génome d'un organisme, l'ADN puisse muter de nouveau vers son état antérieur. Cependant, c'est le contraire : le génome est incroyablement plastique et les changements génétiques sont héréditaires et essentiellement irréversibles (Lewin, 1999).

Prédiction 5.2: Changement morphologique

La classification cladistique, et donc la reconstruction phylogénétique, est largement basée sur les différentes caractéristiques morphologiques distinctives des espèces. La macroévolution exige que les morphologies des organismes aient changé au cours de l'histoire de l'évolution; ainsi, nous devrions observer le changement morphologique et la variation dans les populations modernes.

Confirmation:

Il y a eu de nombreuses observations de changement morphologique dans les populations d'organismes (Endler, 1986). Des exemples sont le changement de couleur de certains organes, tels que le corps jaune ou les yeux bruns de *Drosophila*, la couleur du pelage chez la souris (Barsh, 1996), l'échelle de couleur chez des poissons (Houde, 1988) et le motif du plumage, chez les oiseaux (Morton, 1990). Presque toutes les variations héréditaires imaginables concernant la taille, la longueur, la largeur ou le nombre de certains aspects physiques des animaux ont été rapportées (Johnston et Selander, 1973; Futuyma, 1998, p. 247-262). Ce dernier fait est extrêmement important pour une ascendance commune, car les principales différences morphologiques entre de nombreuses espèces (par exemple, les espèces d'amphibiens, de reptiles, de mammifères et d'oiseaux) sont de simples modifications de la taille de certains aspects de leurs structures [parahomologiques](#) respectives.

Prédiction 5.3: Changement fonctionnel

Une des différences majeures entre les organismes est leur capacité à remplir diverses fonctions. La capacité d'occuper un créneau plutôt qu'un autre est invariablement due à des fonctions différentes. Ainsi, le changement fonctionnel doit être extrêmement important pour le changement macroévolutif macroscopique.

Confirmation:

On a observé que de nombreux organismes acquéraient diverses nouvelles fonctions qu'ils n'avaient pas auparavant (Endler 1986). Les bactéries ont acquis une résistance aux virus (Luria et Delbruck 1943) et aux antibiotiques (Lederberg et Lederberg 1952). Les bactéries ont également développé la capacité de synthétiser de nouveaux acides aminés et bases d'ADN (Futuyma 1998, p. 274). Les organismes unicellulaires ont développé la capacité d'utiliser le nylon et le pentachlorophénol (deux produits chimiques non naturels

fabriqués par l'homme) comme seules sources de carbone (Okada et al., 1983; Orser et Lange, 1994). L'acquisition de cette dernière capacité a entraîné l'évolution d'une voie métabolique multienzyme entièrement nouvelle (Lee et al. 1998). Les bactéries ont évolué pour se développer à des températures auparavant non viables (Bennett et al. 1992). Chez *E. coli*, nous avons assisté à l'évolution (par sélection artificielle) d'un système métabolique entièrement nouveau, notamment la capacité de métaboliser une nouvelle source de carbone, la régulation de cette capacité par de nouveaux gènes régulateurs et l'évolution de la capacité de transporter cette nouvelle source de carbone à travers la membrane cellulaire (Hall 1982).

Cette acquisition évolutive de nouvelles fonctions est également courante chez les métazoaires. Nous avons observé des insectes devenant résistants aux insecticides (Ffrench-Constant et al. 2000), des animaux et des plantes acquérir une résistance aux maladies (Carpenter et O'Brien 1995; Richter et Ronald 2000), des crustacés développer de nouvelles défenses contre les prédateurs (Hairston 1990), des amphibiens augmenter leur tolérance à l'acidification de l'habitat (Andren et al. 1989), et des mammifères acquérir une immunité à des poisons (Bishop 1981). Des mutations bénéfiques récentes sont également connues chez l'homme, telles que la célèbre mutation de l'apolipoprotéine *AI Milano* qui confère un risque réduit de maladie cardiovasculaire chez ses porteurs.

Prévision 5.4: Le passé étrange de la Terre et le registre fossile

Une conclusion très générale tirée de la théorie de la descendance commune est que la vie, dans son ensemble, était différente dans le passé. Le modèle évolutif prédit que plus on regarde en arrière dans le passé, plus la vie devrait être différente de celle de la biosphère moderne. Les fossiles plus récents devraient être plus similaires aux formes de vie contemporaines que les fossiles plus anciens.

Ce point est lié, bien que légèrement différent, à la [prédiction 1.4](#) et à la [prédiction 1.5](#) concernant les ancêtres communs prédits. Comme nous l'avons vu, l'arbre phylogénétique standard prédit de nombreux ancêtres communs et leurs morphologies. Cependant, compte tenu de ce que nous savons de la dynamique des espèces modernes et des taux d'extinction récents, nous savons que la majorité des organismes disparaîtront (Diamond 1984a; Diamond 1984b; Wilson 1992, ch. 12; Futuyma 1998, p. 722-723). Par extrapolation, la majorité des organismes du passé ont également disparu. Ainsi, nous devrions raisonnablement nous attendre à ce que les ancêtres communs prédits aient de nombreux autres descendants et parents qui n'ont pas laissé de descendants qui vivent aujourd'hui. En bref, nous prédisons que la majorité des espèces de fossiles que nous découvrons ne devraient pas être les ancêtres communs des espèces modernes, mais plutôt des organismes apparentés ayant fini par disparaître.

Confirmation:

Les roches les plus anciennes que nous trouvons sur la terre datent d'environ 4 Ga (milliards d'années) et sont dépourvues de toute vie. Les bactéries fossiles de l'Apex Chert d'Australie (3,46 Ga) constituent la plus ancienne preuve potentielle de la vie, bien que ces fossiles fassent actuellement l'objet d'une controverse et ne représentent pas nécessairement des traces de vie. Les autres fossiles bien acceptés les plus anciens sont des bactéries fossiles et des tapis bactériens (stromatolites) d'Afrique du Sud datant de 3,4 Ga. Ainsi, les plus anciens procaryotes fossiles datent de 3,4 à 3,5 Ga. Pendant près d'un milliard d'années, les roches de l'Archéen n'ont aucune vie multicellulaire, mais seulement des procaryotes. Les fossiles d'eucaryotes les plus anciens sont des acritarques datant d'environ 1,75 Ga. Pendant encore un milliard d'années, il n'y a toujours aucune preuve de vie multicellulaire.

Près de la transition précambrienne / cambrienne, à seulement 580 Ma, dans les faunes d'Ediacaran et de Burgess, nous trouvons enfin les premiers fossiles d'animaux multicellulaires. Cependant, ils sont très inhabituels, surtout des petits métazoaires au corps tendre, et la plupart ne ressemblent en apparence à rien de ce que l'on trouve aujourd'hui. Comme on peut s'y attendre de l'arbre phylogénétique standard, les plus anciens fossiles de la vie multicellulaire sont des éponges très simples et des organismes ressemblant à des anémones de mer (les anémones de mer et les méduses sont des cnidaires). Environ 20 millions d'années plus tard, nous

trouvons les premières preuves de mollusques, de vers et d'échinodermes simples (organismes similaires à l'étoile de mer et au concombre de mer). Environ 15 millions d'années plus tard, les tout premiers vertébrés apparaissent, bien que la plupart des gens aurait du mal à les reconnaître comme tels. Ce sont de petits organismes ressemblant à des petits vers et à des poissons primitifs, dépourvus d'os, de mâchoires ou de nageoires (à l'exception d'une seule nageoire dorsale).

À mesure que nous progressons dans le phanérozoïque, la vie est de plus en plus semblable au biote moderne. Au Cambrien (~ 540 à 500 Ma), on trouve principalement des organismes marins invertébrés, tels que des trilobites, des éponges et des échinodermes. Au cours des 100 millions d'années à venir, la vie marine est dominée par des invertébrés et d'étranges poissons sans mâchoires, qui sont les seuls vertébrés aux alentours. Des poissons à mâchoires plus familiers n'apparaissent qu'au cours du silurien tardif, à environ 410 Ma. Quatre-vingt-dix pour cent des sédiments de la terre, jusqu'au dévonien (~ 400 Ma), sont dépourvus d'animaux terrestres.

Au Dévonien, nous trouvons enfin les premières traces d'insectes. Pendant les 100 millions d'années à venir, du Carbonifère jusqu'au Permien (~ 300 Ma), il n'y a pas de reptiles terrestres, pas d'oiseaux, ni de mammifères, seulement des amphibiens et des insectes. La terre est couverte de fougères - pas de pins ni de chênes ou quoi que ce soit qui leur ressemble.

Pendant le mésozoïque (de 250 à 65 Ma), la vie est dominée par des reptiles monstrueux, les dinosaures. Les plantes prédominantes sont des gymnospermes inhabituels, comme les cycas. Rien ne ressemble même à un mammifère moderne jusqu'au Jurassique, environ 190 Ma. Même dans ce cas, ces "mammifères" sont petits et semblent mi-reptiles / mi-rongeurs - très éloignés de la grande mégafaune à venir. Quatre-vingt-dix pour cent des sédiments de la terre contenant des fossiles d'organismes vivants n'ont aucune trace de fleurs; ceux-ci apparaissent pour la première fois juste avant le Paléocène (~ 65 Ma). De même, le récit de vie de la Terre est dépourvu de forêts de feuillus jusqu'au début du Cénozoïque (~ 65 Ma à nos jours). Au cours du Cénozoïque, mammifères et oiseaux ont fini par occuper une place importante sur la terre, à peu près comme on le constate aujourd'hui. Au Pléistocène (2 Ma), le biote terrestre ressemble de près, mais imparfaitement, à ce que nous trouvons actuellement sur la Terre. Les exceptions notables sont la récente mégafaune qui a recouvert les continents d'organismes tels que les mammoths, les paresseux géants et les tigres à dents de sabre (Futuyma 1998, p. 130, 169-199)

Réfutation potentielle:

Cette réfutation serait simple et facile - les sédiments de la Terre pourraient contenir une composition d'espèces très similaire à la vie moderne aussi loin que nous pouvons le voir dans les couches séquentielles.

Prédiction 5.5: Étapes de la spéciation

La définition la plus utile des espèces (qui ne suppose pas d'évolution) pour les métazoaires sexuels est le Concept d'Espèce Biologique: les espèces sont des groupes de populations naturellement ou potentiellement interfécondes qui se reproduisent de manière isolés des autres groupes de ce type (Mayr, 1942).

Si les ramifications d'espèces existantes en de nouvelles espèces se sont produites graduellement dans le passé, nous devrions observer tous les degrés possibles de spéciation ou d'isolement génétique aujourd'hui, allant des populations parfaitement interfécondes à des populations partiellement interfécondes, des populations qui se croisent avec une fertilité réduite ou une infertilité totale, à des populations complètement génétiquement isolées.

Confirmation:

Il existe d'innombrables cas d'espèces distinctes qui peuvent, dans des circonstances inhabituelles ou limitées, former des hybrides. Citons à titre d'exemple la corneille noire de l'Europe occidentale (*Corvus corone*) et la corneille mantelée asiatique (*Corvus cornix*), dont les rangs se rejoignent dans une «zone hybride» étroite. Un autre exemple est donné par les poissons-meuniers du genre *Catostomus* de la rivière Platte, qui vivent ensemble et ne se croisent que rarement (Futuyma, 1998, p. 454).

L'un des exemples les plus frappants de spéciation partielle ou incomplète est constitué par les nombreuses "espèces en anneau" (pour une analyse, voir Irwin et al. 2001). Les espèces en anneaux, telles que la salamandre *Ensatina*, forment une chaîne de populations métissées qui se répartissent autour d'une caractéristique géographique; là où les populations se rencontrent de l'autre côté, elles se comportent comme des espèces complètement différentes. Dans le cas d'*Ensatina*, la sous-espèce forme un anneau autour de la vallée centrale de la Californie. Les sous-espèces se croisent et s'hybrident librement sur les côtés est, ouest et nord de la vallée, mais celles qui coexistent du côté sud de la vallée ne peuvent s'hybrider et agissent comme des espèces séparées (Moritz et al. 1982; Futuyma 1998, pp. 455-456).

Le genre *Larus* est un autre exemple d'anneau. *L. argentatus* et *L. fuscus* ont été à l'origine identifiés comme des espèces distinctes en Angleterre. Cependant, un anneau continu d'hybrides *Larus* s'étend à l'est et à l'ouest tout autour du pôle Nord. Seulement en Angleterre, ils sont incapables de se métisser.

De même, la grande mésange, *Parus major*, forme une espèce en anneau autour des montagnes d'Asie centrale, se métissant librement partout sauf dans le nord de la Chine (Smith 1993, p. 227-230).

De nombreuses espèces peuvent s'hybrider, mais leur progéniture a une fertilité réduite. Un exemple est la musaraigne anglaise (genre *Sorex*) dont les hybrides sont désavantagés sur le plan de la reproduction en raison de différences chromosomiques. Cela a également été observé dans des expériences de laboratoire associant des souches de *Drosophila pseudoobscura* de l'Utah et de la Californie. Les grenouilles *Bombina bombina* et *Bombina variegata*, dont les hybrides sont peu aptes (c'est-à-dire qu'elles ne se reproduisent pas très bien) (Barton et Gale, 1993).

De nombreuses autres espèces peuvent s'accoupler et produire des hybrides viables, mais les hybrides sont stériles. Cela a été observé chez des espèces d'amphibiens (comme certaines espèces de grenouilles du genre *Rana*) et chez des mammifères comme *Equus* (où les accouplements de chevaux et d'ânes donnent un mulet stérile). Un autre exemple est le triton *Triturus cristatus* et *T. marmoratus*, dans lesquels l'infertilité hybride est due à des chromosomes non appariés (Smith 1993, p. 253, 264).

D'autres espèces sont capables de s'accoupler avec une fécondation réussie, mais la mortalité survient lors de l'embryogenèse. C'est le cas des espèces de grenouilles *Rana pipiens* et *R. sylvatica* (Futuyma 1998, p. 460). Ce phénomène a également été observé chez *Drosophila*. Des exemples supplémentaires sont également trouvés dans des plantes telles que les espèces de coton *Gossypium hirsutum* et *G. barbadense* (Smith 1993; Futuyma 1998, ch. 15 et 16).

Réfutation potentielle:

Si toutes les espèces connues étaient complètement génétiquement isolées les unes des autres et qu'il n'y avait aucun exemple d'hybrides, il serait très difficile de justifier raisonnablement le postulat de millions et des millions d'événements de spéciation graduels dans le passé.

Prédiction 5.6: Spéciations

L'[arbre phylogénétique](#) standard illustre d'innombrables événements de spéciation; chaque ancêtre commun

représente également au moins un événement de spéciation. Nous devrions donc pouvoir observer la spéciation réelle, même très rarement. Les estimations actuelles à partir du registre fossile et des taux de mutation mesurés situent le temps requis pour un isolement reproductif complet dans la nature à environ 3 millions d'années en moyenne (Futuyma 1998, p. 510). Par conséquent, l'observation de la spéciation dans la nature devrait être un phénomène possible mais rare. Cependant, les taux d'évolution chez les organismes de laboratoire peuvent être beaucoup plus rapides que ceux déduits du registre fossile, il est donc toujours possible d'observer la spéciation dans des organismes courants de laboratoire (Gingerich, 1983).

Confirmation:

La spéciation de nombreuses plantes, à la fois angiospermes et fougères (telles que l'ortie, la primevère, le radis et le chou, ainsi que diverses espèces de fougères) a été observée par hybridation et polyploïdisation depuis le début du XXe siècle. Plusieurs événements de spéciation chez les plantes ont été observés sans impliquer d'hybridation ou de polyploïdisation (comme le maïs et *S. malheurensis*).

Certains des organismes les plus étudiés dans l'ensemble de la génétique sont les espèces de *Drosophila*, communément appelées mouches à fruits. De nombreux événements de spéciation de *Drosophila* ont été abondamment documentés depuis les années soixante-dix. La spéciation chez *Drosophila* s'est produite par séparation spatiale, par spécialisation de l'habitat dans le même endroit, par modification du comportement de parade nuptiale, par sélection naturelle perturbatrice et par isolement de populations réduites (Effet fondateur), entre autres mécanismes.

Plusieurs événements de spéciation ont également été observés chez des populations de laboratoire de mouches domestiques, de mouches *Eurosta*, de mouches de la pomme (*Rhagoletis*, NdT), de coléoptères de la farine (Ténébrion meunier, NdT), de *Nereis acuminata* (un ver), de moustiques et de divers autres insectes. Les algues vertes et les bactéries ont été classées comme de nouvelle espèce en raison du passage de l'unicellularité à la multicellularité et des modifications morphologiques, en passant de bâtonnets courts à des bâtonnets longs, qui résultaient toutes de pressions de sélection.

La spéciation a également été observée chez les mammifères. Six cas de spéciation chez des souris domestiques à Madère au cours des 500 dernières années ont été la conséquence d'isolements géographiques, d'une dérive génétique et de fusions chromosomiques. Une seule fusion chromosomique constitue [l'unique différence génomique majeure entre l'homme et le chimpanzé](#) et certaines de ces souris de Madère ont survécu à neuf de ces fusions au cours des 500 dernières années (Britton-Davidian et al., 2000).

Vous trouverez plus de détails et de nombreuses références dans la [FAQ sur les instances de spéciation observées](#).

Prédiction 5.7: Taux de changement morphologiques

Les taux de changement évolutif observés dans les populations modernes doivent être supérieurs ou égaux aux taux observés dans les archives fossiles.

Confirmation:

Ici, je ne peux pas faire mieux que de citer George C. Williams à ce sujet:

“La question du taux d'évolution est en effet un défi théorique sérieux, mais la raison en est tout à fait opposée à celle que la plupart des gens ont intuitivement. Les organismes en général n'ont pas évolué autant que nous

ne le pensions raisonnablement. Des taux de changement à long terme, même dans les lignées d'évolution inhabituellement rapide, ils sont presque toujours beaucoup plus lents qu'ils ne le pourraient en théorie. " (Williams 1992, p. 128)

En 1983, Phillip Gingerich a publié une étude célèbre analysant 512 différents taux d'évolution observés (Gingerich, 1983). L'étude s'est centrée sur les taux observés à partir de trois classes de données: (1) des expériences de laboratoire, (2) des événements de colonisation historiques et (3) des archives fossiles. Le darwin est une mesure utile du taux d'évolution, défini comme un changement du caractère d'un organisme par un facteur de e par million d'années (où e est la base des logarithmes naturels). Le taux moyen observé dans les archives fossiles était de 0,6 darwins; le taux le plus rapide était de 32 darwins. Ce dernier est le nombre le plus important pour la comparaison; les taux d'évolution observés dans les populations modernes devraient être égaux ou supérieurs à ce taux.

Le taux d'évolution moyen observé lors d'événements historiques de colonisation dans la nature était de 370 darwins, soit 10 fois plus que le taux minimal requis. En fait, le taux le plus rapide constaté dans les événements de colonisation était de 80 000 darwins, soit 2500 fois le taux requis. Les taux d'évolution observés dans les expériences de laboratoire sont encore plus impressionnants, atteignant en moyenne 60 000 darwins et 200 000 darwins (ou plus de 6 000 fois le taux requis).

Un article plus récent évaluant le taux d'évolution chez les guppys dans la nature a révélé des taux allant de 4 000 à 45 000 darwins (Reznick, 1997). Notez qu'un taux soutenu de «seulement» 400 darwins est suffisant pour transformer une souris en éléphant en seulement 10 000 ans (Gingerich, 1983). L'un des exemples les plus extrêmes d'évolution rapide est celui où le cervelet d'hominidés a doublé en environ 100 000 ans au cours du Pléistocène (Rightmire, 1985). Cette accélération "unique et stupéfiante" du taux d'évolution n'était que de 7 darwins (Williams 1992, p. 132). Ce taux se traduit par une augmentation minime de 0,02% par génération au maximum. À titre de comparaison, le taux le plus rapide observé dans le registre fossile de l'étude de Gingerich était de 37 darwins sur un millier d'années, ce qui correspond tout au plus à un changement de 0,06% par génération.

Réfutation potentielle:

Si les taux d'évolution observés de nos jours n'étaient pas en mesure de rendre compte des taux trouvés dans le registre fossile, la théorie de la descendance commune serait extrêmement difficile à justifier, pour le dire gentiment. Par exemple, les taux d'évolution d'*Equus* au Cénozoïque tardif pourraient être systématiquement supérieurs à 80 000 darwins. Compte tenu des taux observés dans les populations modernes, un taux aussi élevé serait impossible à expliquer. Étant donné que le taux moyen d'évolution des événements de colonisation est d'environ 400 darwins, même un taux moyen de 4000 darwins dans les archives fossiles constituerait une réfutation robuste.

Prédiction 5.8: Taux de changement génétique

Les taux de changement génétique, tels que mesurés par les substitutions de nucléotides, doivent également correspondre au taux requis à partir des durées présentées par les archives fossiles et aux différences de séquence observées entre les espèces.

Confirmation:

Ce que nous devons comparer, ce sont les données provenant de trois sources indépendantes: (1) estimations depuis le registre fossile du temps de divergence des espèces, (2) différences de nucléotide entre espèces, et (3) les taux de mutation observés chez les espèces modernes. La conclusion générale est que ces trois sont

entièrement compatibles les uns avec les autres.

Par exemple, considérons la divergence homme / chimpanzé, l'une des relations évolutives les plus étudiées. On pense que les chimpanzés et les humains ont divergé ou ont partagé un ancêtre commun, il y a environ 6 Ma, basé sur les archives fossiles (Stewart et Disotell, 1998). Les génomes des chimpanzés et des humains sont très similaires; leurs séquences d'ADN sont globalement identiques à 98% (King et Wilson, 1975; Sverdlov, 2000). Les plus grandes différences entre ces génomes se trouvent dans les pseudogènes, les séquences non traduites et les troisièmes positions de codons dégénérées. Tous ces éléments sont très dépourvus de contraintes de sélection, car leurs modifications n'ont pratiquement aucun effet fonctionnel ou phénotypique, de sorte que la plupart des modifications mutationnelles sont incorporées et conservées dans leurs séquences. Pour ces raisons, ils devraient représenter le taux de base de mutation spontanée dans le génome. Ce sont les régions qui présentent la plus grande dissimilarité de séquence qui doivent être comparées entre les espèces, car elles fourniront une limite supérieure au taux de changement évolutif.

Étant donné une date de divergence de 6 Ma, le taux inféré maximum de substitution de nucléotide dans les régions les plus divergentes de l'ADN chez l'homme et les chimpanzés est d'environ $1,3 \times 10^{-9}$ substitutions de bases par site et par an. Compte tenu d'un temps de génération de 15 à 20 ans, cela équivaut à un taux de substitution d'environ 2×10^{-8} par site et par génération (Crowe, 1993; Futuyma, 1998, p. 273).

Les taux de mutation spontanée de fond sont extrêmement importants pour la recherche sur le cancer et ont été étudiés de manière approfondie chez l'homme. Un examen du taux de mutation spontanée observé dans plusieurs gènes chez l'homme a révélé un taux de mutation en arrière-plan moyen de $1 \text{ à } 5 \times 10^{-8}$ substitutions de bases par site et par génération. Ce taux est très minime, car sa valeur n'inclut pas les insertions, les délétions ni les autres mutations par substitution de bases pouvant détruire la fonction de ces gènes (Giannelli et al. 1999; Mohrenweiser 1994, p. 128-129). La correspondance entre ces trois sources de données indépendantes est donc extrêmement impressionnante.

Des résultats similaires ont été trouvés pour de nombreuses autres espèces (Kumar et Subramanian 2002; Li 1997, p. 180-181, 191). En bref, les taux de mutation génétiques observés correspondent étroitement aux taux inférés qui sont basés sur les temps de divergence paléontologiques et les différences génomiques. Par conséquent, les taux de mutation observés peuvent facilement expliquer les différences génétiques observées entre des espèces aussi différentes que les souris, les chimpanzés et les humains.

Réfutation potentielle:

Il est tout à fait plausible que les taux de mutation génétique mesurés à partir d'observations d'organismes modernes puissent être de plusieurs ordres de grandeur inférieurs à ceux requis par les taux déduits des archives fossiles et de la divergence des séquences.

Partie 4. Preuve moléculaire

Remarques finales

Références

- Andren, C., M. Marden, et al. (1989) "Tolerance to low pH in a population of moor frogs, *Rana arvalis* from an acid and a neutral environment : a possible test case of rapid evolutionary response to acidification." *Oikos* 56: 215-223.
- Barsh, G. S. (1996) "The genetics of pigmentation: from fancy genes to complex traits." *Trends in Genetics* 12: 299-305. [PubMed](#)
- Barton, N. H., and Gale, R. S. (1993) "Genetic analysis of hybrid zones." In *Hybrid Zones and the Evolutionary Process*. New York, Oxford University Press: 12-45.
- Bennett, A. F., R. E. Lenski, et al. (1992) "Evolutionary adaptation to temperature. I. Fitness responses of

- Escherichia coli to changes in its thermal environment." *Evolution* 46: 16-30.
- Bishop, J. A. (1981) "A neo-Darwinian approach to resistance: Examples from mammals." In *Genetic Consequences of Man Made Change*. J. A. Bishop and L. M. Cook. London, Academic Press.
 - Britton-Davidian, J., J. Catalan, et al. (2000) "Rapid chromosomal evolution in island mice." *Nature* 403: 158. [PubMed](#)
 - Carpenter, M. A. and O'Brien, S. J. (1995) "Coadaptation and immunodeficiency virus: lessons from the Felidae." *Current Opinion in Genetics and Development* 5: 739-745. [PubMed](#)
 - Crowe, J. F. (1993) "Mutation, fitness, and genetic load." *Oxford Survey of Evolutionary Biology* 9: 3-42.
 - Diamond, J. M. (1984a) "Historic extinctions: A Rosetta Stone for understanding pre-historic extinctions." In *Quaternary Extinctions: A Prehistoric Revolution*. Eds. P. S. Martin and R. G. Klein. Tucson, University of Arizona Press: 824-862.
 - Diamond, J. M. (1984b) "Normal" extinctions of isolated populations. *Extinctions*. M. Nitecki. Chicago, University of Chicago Press: 191-246.
 - Endler, J. A. (1986) *Natural Selection in the Wild*. Princeton, NJ, Princeton University Press.
 - Ffrench-Constant, R. H., N. Anthony, et al. (2000) "Cyclodiene insecticide resistance: from molecular to population genetics." *Annual Review of Entomology* 45: 449-466. [PubMed](#)
 - Futuyma, D. (1998) *Evolutionary Biology*. Third edition. Sunderland, MA, Sinauer Associates.
 - Giannelli, F., Anagnostopoulos, T., and Green, P. M. (1999) "Mutation rates in humans. II. Sporadic mutation-specific rates and rate of detrimental human mutations inferred from hemophilia B." *Am J Hum Genet* 65: 1580-1587. [PubMed](#)
 - Gingerich, P. D. (1983) "Rates of evolution: Effects of time and temporal scaling." *Science* 222: 159-161.
 - Hairston, N. G. (1990) "Fluctuating selection and response in a population of freshwater copepods." *Evolution* 44: 1796-1805.
 - Hall, B. G. (1982) "Evolution on a petri dish: The evolved β -galactosidase system as a model for studying acquisitive evolution in the laboratory." *Evolutionary Biology* 15: 85-150.
 - Houde, A. E. (1988) "Genetic differences in female choice between two guppy populations." *Animal Behavior* 36: 510-516.
 - Irwin, D.E., Irwin, J.H., and Price, T.D. (2001) "Ring species as bridges between microevolution and speciation." *Genetica*. 112-113: 223-243. [PubMed](#)
 - Johnston, R. F., and Selander, R. K. (1973) "Evolution in the house sparrow. III. Variation in size and sexual dimorphism in Europe and North and South America." *American Naturalist* 107: 373-390.
 - King, M. C., and Wilson, A. C. (1975) "Evolution at two levels in humans and chimpanzees." *Science* 188: 107-116.
 - Kumar, S., and Subramanian, S. (2002) "Mutation rates in mammalian genomes." *Proc Natl Acad Sci* 99: 803-808. <http://www.pnas.org/cgi/content/full/99/2/803>
 - Lederberg, J., and Lederberg, E. M. (1952) "Replica plating and indirect selection of bacterial mutants." *Journal of Bacteriology* 63: 399-406.
 - Lee, S. G., B. D. Yoon, et al. (1998) "Isolation of a novel pentachlorophenol-degrading bacterium, *Pseudomonas* sp. Bu34." *Journal of Applied Microbiology* 85: 1-8. [PubMed](#)
 - Lewin, B. (1999) *Genes VII*. New York, Oxford University Press.
 - Li, W.-H. (1997) *Molecular Evolution*. Sunderland, MA, Sinauer Associates.
 - Luria, S., and Delbruck, M. (1943) "Mutations of bacteria from virus sensitivity to virus resistance." *Genetics* 28: 491-511.
 - Mayr, E. (1942) *Systematics and the Origin of Species*. New York, Columbia University Press.
 - Mohnenweiser, H. (1994) "Impact of the molecular spectrum of mutational lesions on estimates of germinal gene-mutation rates." *Mutation Research* 304: 119-137. [PubMed](#)
 - Moritz, C., C. J. Schneider, et al. (1982) "Evolutionary relationships within the *Ensatina eschscholtzii* complex confirm the ring species interpretation." *Systematic Biology* 41: 273-291.
 - Morton, E. S. (1990) "Habitat segregation by sex in the hooded warbler: Experiments on proximate causation and discussion of its evolution." *American Naturalist* 135: 319-333.
 - Okada, H., S. Negoro, et al. (1983) "Evolutionary adaptation of plasmid-encoded enzymes for degrading nylon oligomers." *Nature* 306: 203-206. [PubMed](#)
 - Orser, C. S., and Lange, C. C. (1994) "Molecular analysis of pentachlorophenol degradation." *Biodegradation* 5: 277-288. [PubMed](#)
 - Reznick, D. N. (1997) "Evaluation of the rate of evolution in natural populations of guppies (*Poecilia reticulata*)." *Science* 275: 1934-1937. [PubMed](#)

- Richter, T. E., and Ronald, P. C. (2000) "The evolution of disease resistance genes." *Plant Molecular Biology* 42: 195-204. [PubMed](#)
- Rightmire, G. P. (1985) "The tempo of change in the evolution of mid- Pleistocene Homo." In *Ancestors: the Hard Evidence*. E. Delson. New York, Alan R. Liss: pp. 255-264.
- Smith, J. M. (1993) *The Theory of Evolution*. Cambridge, Cambridge University Press.
- Stewart, C. B., and Disotell, T. R. (1998) "Primate evolution—in and out of Africa." *Current Biology* 8: R582-588. [PubMed](#)
- Sverdlov, E. D. (2000) "Retroviruses and primate evolution." *BioEssays* 22: 161-171. [PubMed](#)
- Williams, G. C. (1992) *Natural Selection: Domains, Levels, and Challenges*. New York, Oxford University Press.
- Wilson, E. O. (1992) *The Diversity of Life*. Cambridge, MA, Harvard University Press.

From:

<https://evowiki.fr/> - **EvoWiki**

Permanent link:

<https://evowiki.fr/comdesc-5>

Last update: **2019/12/06 18:39**

