# Table des matières

***Le flagelle bactérien est irréductiblement complexe*** ..... 3
Réponse ..... 3
Pages connexes ..... 5
Voir aussi ..... 5
Erreur de l'argument ..... 5
Références ..... 5

# Le flagelle bactérien est irréductiblement complexe



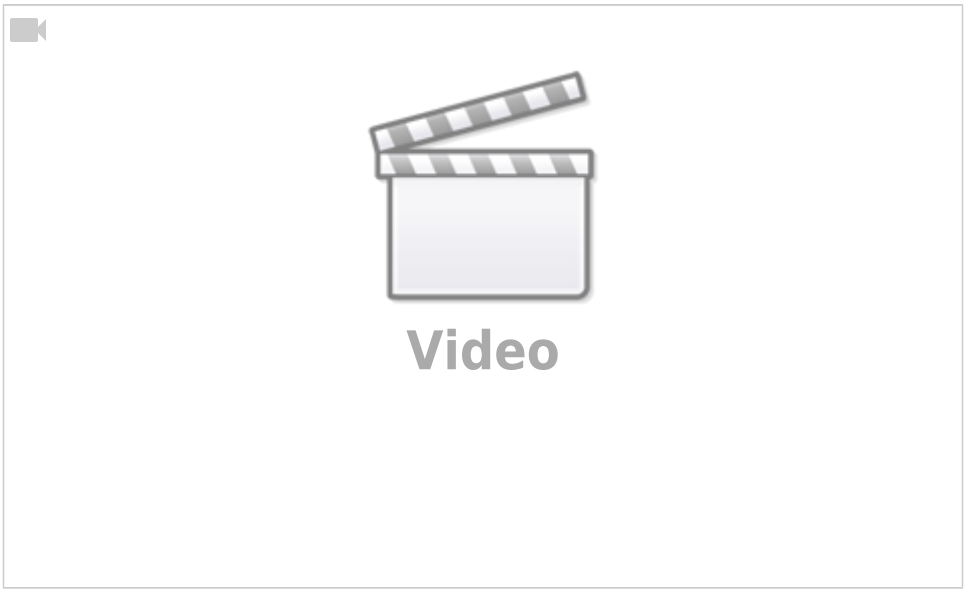
*Le flagelle bactérien et les cils des eucaryotes sont irréductiblement complexes. Comme aucun système intermédiaire non fonctionnel n'aurait été préservé par la sélection naturelle, ces systèmes peuvent seulement être expliqués par l'Intelligent Design*[1)]

## Réponse

1. Ceci est un exemple d'incrédulité, car il y a beaucoup de systèmes irréductiblement complexes qui peuvent évoluer naturellement. Beaucoup de protéines du flagelle bactérien ou du cil eucaryote sont similaires les unes aux autres ou à des protéines remplissant d'autres fonctions. Leurs origines peuvent facilement être expliquées par une série d'événements de duplication de gènes suivis de modifications et / ou de cooptations, passant progressivement par des systèmes intermédiaires différents et plus simples que le flagellum final.

Un chemin plausible pour l'évolution des flagelles passe par les étapes fondamentales suivantes (il faut garder à l'esprit qu'il s'agit d'un résumé et que chaque événement de cooptation majeur serait suivi de longues périodes d'optimisation progressive de la fonction) :

- Un pore passif non spécifique se transforme en pore passif plus spécifique par addition de protéine(s) pont (ou porine) Le transport passif se transforme en transport actif en ajoutant une ATPase qui associe l'hydrolyse de l'ATP à une capacité d'exportation améliorée. Ce complexe constitue un système d'exportation primitif de type III.
- Le système d'exportation de type III est converti en un système de sécrétion de type III (T3SS) par addition de protéines des pores de la membrane externe (sécrétine et chaperone) provenant du système de sécrétion de type II. Ceux-ci finissent par former les disques P et L, des flagelles modernes. Le système de sécrétion moderne de type III forme une structure remarquablement similaire à la structure en bâtonnets et en anneaux du flagelle [2) 3)].
- Le T3SS sécrète plusieurs protéines, dont l'une est une adhésine (une protéine qui colle la cellule à d'autres cellules ou à un substrat). La polymérisation de cette adhésine forme un pilus primitif, une extension qui donne à la cellule une capacité adhésive améliorée. Après l'évolution du pilus T3SS, le pilus se diversifie pour diverses tâches plus spécialisées par la duplication et la sous-fonctionnalisation des protéines du pilus (pilines).
- Un complexe de pompe à ions ayant une autre fonction dans la cellule devient fortuitement associé à la base de la structure du système de sécrétion, convertissant le pilus en un protoflagellum primitif. La fonction initiale du protoflagellum est une meilleure dispersion. Les homologues des protéines motrices MotA et MotB sont connus pour fonctionner chez divers procaryotes indépendamment du flagelle.
- La liaison d'une protéine de transduction du signal à la base du système de sécrétion régule la vitesse de rotation en fonction de la santé métabolique de la cellule. Cela impose une dérive vers les régions favorables et éloignée des régions pauvres en éléments nutritifs, telles que celles trouvées dans les habitats surpeuplés. C'est le début de la mobilité chimiotactique.
- De nombreuses améliorations suivent l'origine du flagellum fonctionnant grossièrement. Notamment, de nombreuses protéines axiales différentes (tige, crochet, lieurs, filaments, coiffes) proviennent de la duplication et de la sous-fonctionnalisation des pilines ou de la structure axiale flagellaire primitive. Ces protéines finissent par former la famille de protéines axiales.




Le cil eucaryote (aussi appelé flagellum eucaryote ou undulipodium) est fondamentalement différent du flagellum bactérien. Il s'agit probablement d'une excroissance du fuseau mitotique chez un eucaryote primitif (les deux structures utilisent des microtubules et des dynéines). Cavalier-Smith [4) 5)] a étudié de l'origine de ces systèmes à plusieurs reprises.

---

2. Le flagelle bactérien n'est même pas irréductible. Certains flagelles bactériens fonctionnent sans les disques en L et en P. Dans des expériences avec diverses bactéries, certains composants (par exemple, FliH, FliD (cap) et le domaine de la muramidase FlgJ) se sont révélés utiles mais non absolument essentiels [6)]. Un tiers des 497 acides aminés de la flagelline ont été retirés sans nuire à sa fonction [7)]. En outre, de nombreuses bactéries possèdent des protéines supplémentaires nécessaires à leur propre flagelle, mais non nécessaires dans le flagelle "standard" bien étudié que l'on trouve chez *E. coli*. Différentes bactéries ont des nombres différents de protéines flagellaires (dans *Helicobacter pylori*, par exemple, seules trente-trois protéines sont nécessaires pour produire un flagelle actif), de sorte que l'exemple d'irréductibilité préféré de Behe semble en réalité présenter une certaine variabilité en termes de nombre de pièces requises [8)].

Les cils eucaryotes sont fabriqués à partir de plus de 200 protéines distinctes, mais même dans ce cas, l'irréductibilité est illusoire. Behe [9)] et Denton [10)] ont affirmé que la structure commune 9+2 de la tubuline ne pouvait pas être simplifiée de manière substantielle. On sait pourtant qu'il existe des cils fonctionnels à 3 + 0, dépourvus de nombreux microtubules et de certaines dynéines [11) 12)].

---

3. Les flagelles eubactériens, les flagelles archéobactériens et les cils utilisent des motifs totalement différents pour la même fonction. Il fallait s'y attendre s'ils évoluaient séparément, mais cela n'aurait aucun sens s'ils étaient l'œuvre du même designer.

---

4. Les tenants de l'ID ont également affirmé que le flagelle bactérien était composé de nombreuses protéines non homologues, invalidant l'explication évolutionniste. Largement exagérée à l'époque (les anti-évolutionnistes parlaient de 30 protéines, quand 2 n'avaient pas d'homologie connue[13)] ), cette affirmation s'est, sans surprise, révélée fausse, quand des homologies ont été trouvés chez toutes les protéines de flagelle dans une comparaison de 41 espèces différentes[14)].

## Pages connexes

- Certains systèmes sont irréductiblement complexes
- L'IC Démystifiée
- Réponse d'un biochimiste au défi biochimique à l'évolution

## Voir aussi

- CB200.1: Bacterial flagella and Irreducibly Complexity - Index to Creationnist Claims, par Mark Isaak
- Claim CB200.1.1 The flagellum has 30 or so unique (non-homologous) proteins. - Index to Creationnist Claims, par Mark Isaak
- Matzke, N. J. 2003. Evolution in (brownian) space: a model for the origin of the bacterial flagellum. ou http://www.talkreason.org/articles/flag.pdf (voir aussi 'Background to "Evolution in (Brownian) space"', ou http://www.talkreason.org/articles/flagback.cfm)
- Irreducible complexity demystified, Dunkelberg, Pete. 2003. - Traduction ici : L'IC démystifiée
- Musgrave, Ian. 2000. Evolution of the bacterial flagella.
- Ussery, David. 1999. A biochemist's response to “The biochemical challenge to evolution”. Bios 70: 40-45. http://www.cbs.dtu.dk/staff/dave/Behe.html - Traduction ici : Réponse d'un biochimiste au défi biochimique à l'évolution
- From The Origin of Species to the origin of bacterial flagella, Pallen, M., Matzke, N - Nat Rev Microbiol 4, 784–790 (2006).

## Erreur de l’argument

- Occultation des faits
- Argument d'incrédulité

## Références

1) , 9)
Behe, Michael J. 1996. Darwin's Black Box, New York: The Free Press, pp. 59-73.
2)
Hueck, C. J. 1998. Type III protein secretion systems in bacterial pathogens of animals and plants. Microbiology and Molecular Biology Reviews 62: 379-433.
3)
Blocker, Ariel, Kaoru Komoriya, and Shin-Ichi Aizawa. 2003. Type III secretion systems and bacterial flagella: Insights into their function from structural similarities. Proceedings of the National Academy of Science USA 100(6): 3027-3030. http://www.pnas.org/cgi/content/full/100/6/3027
4)
Cavalier-Smith, T. 1987. The origin of eukaryote and archaebacterial cells. Annals of the New York Academy of Sciences 503: 17-54.
5)
Cavalier-Smith, T. 2002. The phagotrophic origin of eukaryotes and phylogenetic classification of Protozoa. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 52: 297-354.
6)
Matzke, N. J. 2003. Evolution in (brownian) space: a model for the origin of the bacterial flagellum. http://www.talkdesign.org/faqs/flagellum.html or http://www.talkreason.org/articles/flag.pdf (see also 'Background to “Evolution in (Brownian) space”', http://www.talkdesign.org/faqs/flagellum_background.html or http://www.talkreason.org/articles/flagback.cfm
7)
Kuwajima, G. 1988. Construction of a minimum-size functional flagellin of Escherichia coli. Journal of Bacteriology 170: 3305-3309.
8)
Ussery, David. 1999. A biochemist's response to “The biochemical challenge to evolution”. Bios 70: 40-45. http://www.cbs.dtu.dk/staff/dave/Behe.html

10)

Denton, M. 1986. Evolution: A Theory in Crisis. Bethesda, MD: Adler & Adler. p 108

11)

Miller, K. 2003. Answering the biochemical argument from design. in: Manson, N. (Ed.), God and design: the teleological argument and modern science, Routledge, London, pp. 292-307. http://www.millerandlevine.com/km/evol/design1/article.html

12)

Miller, K. 2004. The flagellum unspun. In Debating Design: from Darwin to DNA, 81-97, eds. Dembski, W., and M. Ruse, New York: Cambridge University Press. http://www.millerandlevine.com/km/evol/design2/article.html

13)

Claim CB200.1.1 The flagellum has 30 or so unique (non-homologous) proteins. - Index to Creationnist Claims, par Mark Isaak

14)

Stepwise formation of the bacterial flagellar system, Renyi Liu and Howard Ochman, PNAS April 24, 2007 104 (17) 7116-7121; https://doi.org/10.1073/pnas.0700266104

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

Permanent link:
**https://www.evowiki.fr/le_flagelle_bacterien_est_irreductiblement_complexe?rev=1615966713**

Last update: **2021/03/17 08:38**