Table des matières

Les analyses phylogénétiques sont incohérentes 3
Réponse 3
Erreur de l'argument 4
Vidéos 4
Pages connexes 5
Voir aussi 5
Références 5

Les analyses phylogénétiques sont incohérentes

// Les versions modernes de “l'arbre de vie” phylogénétique sont basées sur l'ADN et d'autres analyses moléculaires. Des résultats incohérents et bizarres basés sur différentes analyses moléculaires “ont maintenant plongé la phylogénie moléculaire dans une crise” (“have now plunged molecular phylogeny into a crisis”)// [1)]

Réponse

1. Que la phylogénie moléculaire soit « en crise » est tout simplement faux. On est face à un cas typique de désinformation, où quelques résultats soit-disant « bizarres » (en vérité, juste pas ceux attendu initialement) sont présentés comme invalidant tout un domaine de la recherche en biologie. C’est juste un énorme mensonge. Si les expérimentations scientifiques ne faisaient que confirmer ce qu'on imaginait au début, elles n'auraient que peu d'intérêt. En suivant le raisonnement de l'argument, toutes les sciences sont “en crise” quasiment quotidiennement.

La phylogénie moléculaire est au contraire extrêmement efficace et cohérente. En particulier, les analyses sont cohérentes avec les autres découvertes en biologie et retracent le même arbre de vie, que ce soit en utilisant les preuves fossiles, ou l’anatomie des espèces actuelles. Les analyses phylogénétiques ont ainsi confortés dans la quasi totalité des cas, les relations supposées de filiations entre les différentes espèces et groupe d’espèces avant la découverte de l’ADN.

Les seuls résultats « bizarres », ce sont quand une espèce A est plus proche qu’une espèce C que l’espèce B, par exemple, alors que A et B semblaient plus proches extérieurement. Par exemple, les crocodiliens sont plus proches des oiseaux que des autres « reptiles » (terme à lire ici dans le sens du grand public). Ce n’est pas ce qu’on imaginait à première vue (illustré par la création d’un groupe d’animaux appelé « reptile », à la définition aujourd’hui ambiguë), mais ce résultat ne signifie pas que l’analyse moléculaire est fausse. Au contraire, ça renforce juste le dossier de l’ascendance des oiseaux à partir de « reptiles », à savoir les dinosaures.

Les analyses ADN ont montrées que se baser uniquement sur la morphologie est parfois trompeur, et que l’évolution se déroule davantage à un niveau génétique que morphologique (erreur que font très souvent les créationnistes : voir Certaines espèces n’ont jamais évolué). Les résultats incohérents ne sont pas de l’ordre d’un oiseau qui serait plus proche d’un humain que d’un autre oiseau ; ou que les humains seraient moins proches des singes que d’autres mammifères par exemple.

La phylogénie moléculaire est sans doute l’une des preuves de l’évolution les plus solides et les plus précises. Elle a révolutionné le classement hiérarchique des formes de vie, la systématique. En particulier, elle prouve de manière indiscutable l’ascendance commune du chimpanzé et de l’homme (qui, soit dit en passant, est reconnue par Wells dans le même livre).

L'analyse phylogénétique est un sujet très complexe ; On ne peut pas s’attendre à ce que tout le monde les comprennent parfaitement. Publier ses méthodes et ses résultats permet aux autres spécialises de rattraper les erreurs potentielles. Les créationnistes recherchent des incohérences dans cette littérature, tout en négligeant le vaste ensemble de résultats cohérents et les raisons de ces incohérences et les présentent de façon malhonnête comme mettant en doute, voire *en crise* un domaine scientifique entier . Ce qui permet de se voiler la face et de faire comme si l’ensemble de la recherche et des découvertes de ce domaine n’existaient pas.

---

2. Quelques incohérences sont à prévoir, car la biologie est compliquée :

- Les gènes n’évoluent pas toujours au même rythme, que ce soit entre eux et dans différentes lignées.

- Les mutations sont soumis à la sélection naturelle, qui va favoriser la transmission de certains gènes et en éliminer d'autres, et de façon distincte suivant les lignées.
- Les gènes ne sont pour la plupart pas indépendants les uns des autres. La transmission d'un gène peut être favorisé par sa proximité sur un chromosome avec un gène vital, ou par sa synergie avec un autre.
- Certaines molécules peuvent converger à la suite d'une sélection ou du hasard.
- Des aller-retour évolutifs se produisent parfois dans une lignée.
- Un transfert de gène horizontal se produit parfois.

De telles exceptions seront rares, mais il y en aura quelques-unes parmi le vaste ensemble de résultats cohérents. La plupart des incohérences peuvent être résolues en fondant une analyse sur plusieurs gènes [2)]. Les analyses phylogénétiques essayent, dans la mesure du possible, d'inclure le maximum de gènes dans leur études, pour maximiser la cohérence des résultats.

Comme toute expérimentation scientifique, d'autres incohérences résulteront d'erreurs méthodologiques et interprétatives [3)].

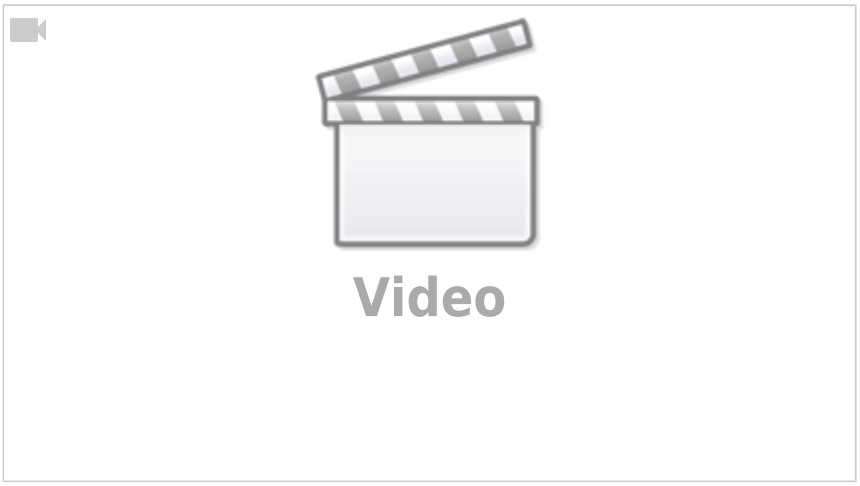
---

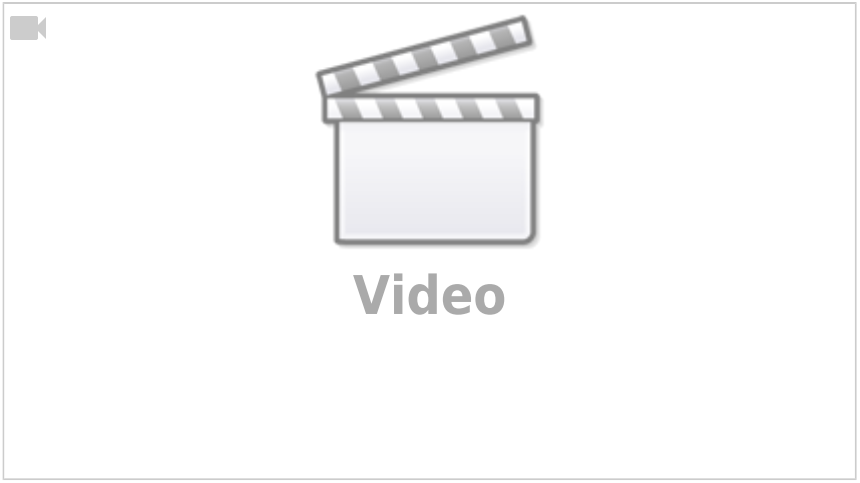
3. Preuve de la malhonnêteté de l'affirmation, certaines incohérences alléguées sont en fait cohérentes. Wells, par exemple, a cité une étude qui *"a classé les oursins parmi les cordés"* [4)], mais les oursins (et les échinodermes en général) forment un groupe sœur. Wells [5)] a également cité une autre étude «*qui rapproche les vaches des baleines plutôt que des chevaux*», ce qui est en fait tout à fait compatible avec les preuves génétiques, morphologiques et fossiles.

Erreur de l'argument

- Appel à l'ignorance
- Homme de paille

Vidéos





Pages connexes

- Les mutations n'ajoutent pas d'informations
- La probabilité de nombreuses mutations bénéfiques successives sont minuscules
- Les mutations ne produisent pas de nouvelles fonctionnalités
- Les mutations sont nuisibles
- La science a retrouvé Adam et Ève
- Des parties de l'ADN ne mutent pas
- Le code génétique est un langage
- L'ADN "poubelle" est utile
- Les génomes humain et chimpanzé diffèrent de plus de 1%
- Le nombre de chromosomes diffère entre les espèces

Voir aussi

- Claim CB821. Phylogenetic analyses are inconsistent. - Index to Creationnist Claims, par Mark Isaak
- Tamzek, Nic, 2002. Icon of obfuscation. - Traduction ici : Icônes de l'opacification
- Phylogenetics in the Genomic Era - A gentle Introduction to Probabilistic Evolutionary Models, Celine Scornavacca, Frédéric Delsuc, Nicolas Galtier - UMR ISEM - Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, 2020
- Large multiple sequence alignments with a root-to-leaf regressive method - Garriga, E., Di Tommaso, P., Magis, C. et al. Nat Biotechnol 37, 1466–1470 (2019). doi.org/10.1038/s41587-019-0333-6
- Apport de la génétique moléculaire à la connaissance de l'évolution humaine. Approche historique, Salame - Acces.ens-lyon.fr - 04/02/2018
- Phylogénie et évolution moléculaires : Bio-informatique - Lopez, Philippe ; Casane, Didier ; Philippe, Hervé ; - Med Sci (Paris), 2002, Vol. 18, N° 11; p. 1146-1154 ; DOI : 10.1051/medsci/200218111146
- A Case for Evolutionary Genomics and the Comprehensive Examination of Sequence Biodiversity, David D. Pollock, Jonathan A. Eisen, Norman A. Doggett, Michael P. Cummings - Molecular Biology and Evolution, Volume 17, Issue 12, December 2000, Pages 1776–1788, doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026278
- Global human genomes reveal rich genetic diversity shaped by complex evolutionary history, Wellcome Trust Sanger Institute sur Phys.org, 19/03/2020

Références

1)
Wells, Jonathan, 2000. Icons of Evolution, Washington DC: Regnery Publishing Inc., pp. 49-54.
2)
Rokas, A., B. L. Williams, N. King and S. B. Carroll, 2003. Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. Nature 425: 798-804.
3)
Sanderson, Michael J. and H. Bradley Shaffer, 2002. Troubleshooting molecular phylogenetic analyses. Annual

Review of Ecology and Systematics 33: 49-72.
[4] , [5]
Wells, Jonathan, 2000. Icons of Evolution, Washington DC: Regnery Publishing Inc., p. 51

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

Permanent link:
https://www.evowiki.fr/les_analyses_phylogenetiques_sont_incoherentes?rev=1616158624

Last update: **2021/03/19 13:57**