
SCIENCE & ORIGINES

Numéro 4

2^e semestre 2002

Une théorie interventionniste de la sélection naturelle et des changements biologiques limités* (2^e partie)

Dans cette deuxième partie, les auteurs expliquent comment des changements évolutifs rapides mais limités ont pu être facilités par une catastrophe de grande ampleur. La diversification des espèces en est le résultat. Par des mutations intervenant sur le développement embryonnaire, des modifications morphologiques et physiologiques relativement importantes peuvent être envisagées dans le cadre d'une théorie interventionniste, où le temps est réduit.

Les conditions d'un changement rapide

Selon la théorie interventionniste, la plus grande partie de la diversité taxonomique actuelle a été le résultat d'un changement évolutif limité consécutif à une catastrophe planétaire. Les groupes originels de végétaux et animaux se sont diversifiés en une multitude d'espèces à mesure qu'ils s'adaptaient à des niches spécifiques dans les conditions modifiées après la catastrophe. Si nous considérons ces conditions et les comparons aux facteurs connus pour favoriser un changement génétique rapide, elles nous paraissent idéalement favorables à un changement rapide. Passons les en revue.

1. *Une abondance de niches inoccupées auxquelles les organismes pourraient s'adapter.* Les animaux qui ont colonisé avec succès des îles ont souvent développé un grand nombre d'espèces. Les mouches du vinaigre et les oiseaux drépanidés d'Hawaï, les pinsons de Darwin des Galá-

pagos en sont des exemples. Apparemment cette spécialisation est facilitée par des niches ouvertes et l'absence de compétition qui en résulte.¹⁸

2. *Instabilité de la dynamique des populations avant le développement d'écosystèmes élaborés et équilibrés.* Cette situation donnerait une dynamique des populations de type « flush and crash » : les populations animales s'étendent et tous les génotypes y survivent, jusqu'à ce qu'elles épuisent leur nourriture ou qu'elles soient submergées par la montée des prédateurs. Les effondrements de populations qui s'ensuivent produisent des « goulots d'étranglement » (moment où les individus d'une population sont peu nombreux) favorables à la spéciation. Les individus les mieux adaptés à des niches particulières ont les meilleures chances de survivre à l'effondrement. Plusieurs espèces, parfois en grand nombre, pourraient se créer simultanément grâce à une série de cycles de ce type.¹⁹

3. *Séparation des organismes en populations isolées, facilitant la*

*spéciation, favorisée par de rapides changements géologiques et écologiques.*²⁰ Cela a pu être particulièrement important pour les organismes aquatiques, les végétaux et les invertébrés terrestres, qui auraient probablement survécu à la catastrophe universelle dans de nombreuses poches isolées et dispersées. Lorsque les animaux se sont répandus sur une surface vide après la catastrophe, des occasions presque illimitées se seraient présentées pour occuper les nouvelles niches disponibles et pour entraîner une spéciation. Dans cette situation, les écosystèmes auraient été initialement simples et relativement instables. Tant que les écosystèmes n'arrivaient pas à maturité, de nombreuses fluctuations de population pouvaient se produire. Celles-ci, accompagnées de rapides changements géologiques dans la période de restauration suivant la catastrophe, auraient séparé les animaux en populations plus réduites. Il en aurait résulté des vitesses potentiellement très rapides de changement biologique après la

catastrophe universelle (peut-être la situation la plus favorable pour la spéciation que nous pourrions imaginer). La vitesse de changement aurait ralenti à mesure que les milieux et la dynamique des populations se stabilisaient, que les niches disponibles se remplissaient et que les écosystèmes devenaient plus complexes et équilibrés.

Cette théorie implique globalement que l'évolution dans le cadre des possibilités du système génétique peut être très rapide quand les conditions sont favorables. La plupart des espèces animales modernes (Holocène) ont évolué pendant les premiers siècles ou millénaires suivant la catastrophe universelle. Bien qu'on suppose habituellement que la spéciation prenne des centaines de milliers ou des millions d'années, même pour les époques récentes, l'introduction des singes, des oiseaux, des copépodes et des papillons de nuit dans de nouvelles aires géographiques a produit des changements équivalents à l'apparition de nouvelles sous-espèces ou espèces sur des durées variant de 30 à 1 000 ans pour les singes vervets,²¹ les étourneaux,²² les copépodes,²³ les moineaux²⁴ et les papillons de nuit.²⁵ Des études expérimentales montrent que des changements rapides peuvent se produire chez les animaux introduits dans un nouvel environnement.²⁶

Les observations montrent que les goulets d'étranglement réduisent habituellement la variabilité génétique des populations (bien que généralement seuls de rares allèles soient perdus). Cela peut constituer un défi à la théorie de l'évolution post-catastrophique à cause de la perte de variabilité génétique attendue chez les espèces dont un petit nombre d'individus survivent à la catastrophe. D'où l'idée qu'il doit exister certains mécanismes qui augmentent rapidement la variabilité gé-

nétiq ue d'une population ayant subi l'effet d'un goulet d'étranglement. Des cas de variabilité génétique, beaucoup plus grande que prévue, constatés après un goulet d'étranglement expérimental ou naturel fournissent des indices de l'existence de ces mécanismes.²⁷ L'observation montre que le stress environnemental ou génétique produit une instabilité génétique avec une augmentation des taux de recombinaison et de mutation résultant d'éléments mobiles (gènes sauteurs—qui se déplacent d'un endroit à un autre sur les chromosomes).²⁸ Ces éléments mobiles semblent produire la plupart des mutations spontanées chez la drosophile²⁹ et d'autres eucaryotes.³⁰ Ils ont été impliqués aussi dans le transfert d'information génétique d'un type d'organisme à un autre, même d'un règne à un autre.³¹ Certains ont même suggéré que le stress environnemental peut induire des mutations qui seraient avantageuses pour l'organisme, bien que cela soit fortement controversé.³² Une extension de cette hypothèse suggère que les systèmes génétiques originels contenaient des options préprogrammées sensibles à l'induction environnementale. Les organismes ont été

peut-être originellement prévus avec un mécanisme augmentant la variabilité génétique pour faire face aux conditions changeantes. Ces mécanismes ont pu subir, par la suite, des dommages par mutation et ne plus être aussi efficaces et fiables. Les éléments mobiles ont pu originellement ne faire que des mouvements régulés entre des sites spécifiques sur les chromosomes. Certains de ces mouvements sont toujours très spécifiques, mais des mutations dans le système ont pu réduire cette spécificité.

Gènes de régulation et hétérochronie dans l'évolution

Evolutionnisme

Des progrès ont été accomplis par la théorie conventionnelle dans la compréhension des processus qui peuvent produire un changement significatif avec un minimum d'innovation génétique. Ces processus se concentrent sur les modifications dans les gènes de régulation et l'altération des processus de croissance au cours du développement embryonnaire.³³

Le matériel génétique contient des gènes de structure qui produi-

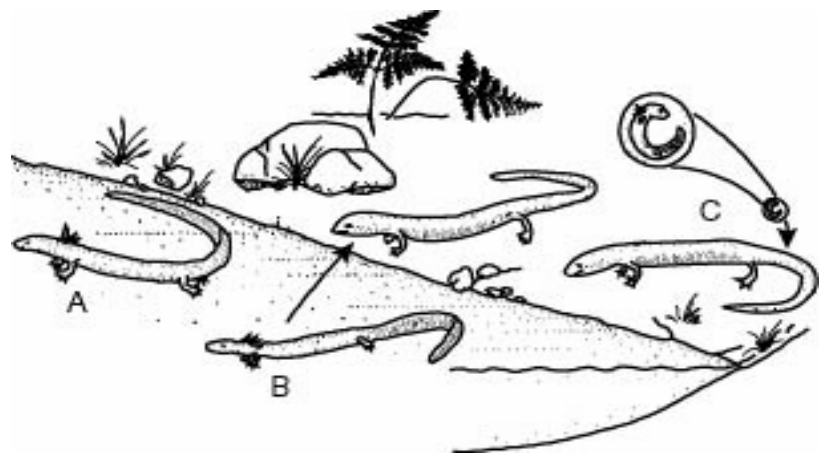


Fig. 4. Trois vies possibles de la salamandre : (A) adulte aquatique avec branchies et nageoire caudale larvaires ; (B) larve aquatique donnant un adulte terrestre sans branchies ni nageoire ; (C) salamandre complètement terrestre, dont la larve perd ses branchies et sa nageoire à l'éclosion (illustration de C. Buchheim).

sent des protéines spécifiques et des gènes de régulation qui contrôlent l'activation des gènes de structure et déterminent quand, dans quelles cellules et pour combien de temps chaque gène de structure produira sa protéine. On a reconnu que produire des changements évolutifs significatifs simplement par une succession de mutations dans les gènes de structure serait un processus terriblement lent et improbable. On s'est donc tourné vers un autre processus qui se fonde plus sur des changements dans les gènes de régulation. La première étape de ce processus serait l'évolution d'une grande variété de gènes de structure par duplication des gènes, mutation et sélection naturelle. Lorsque cette diversité est suffisamment importante, de nouveaux plans d'organisation peuvent découler de changements dans les systèmes de gènes de régulation altérant le schéma d'activation des gènes de structure. Les nouveaux plans d'organisation (les nouveaux phyla) ne seraient d'abord que des nouvelles combinaisons de caractères *déjà présents* et par conséquent ils pourraient se multiplier rapidement à l'échelle géologique (des milliers ou des millions d'années).

On prétend que les changements dans les gènes de régulation peuvent être particulièrement efficaces s'ils altèrent le schéma du développement embryonnaire. Un changement génétique minime dans la chronologie des événements du développement (hétérochronie) pourrait entraîner une évolution morphologique importante. L'accélération ou le retardement de la maturité sexuelle par rapport à la croissance peut provoquer des effets très différents dépendant de la direction du changement. Par exemple, l'accélération de la maturation sexuelle par rapport à la croissance peut aboutir

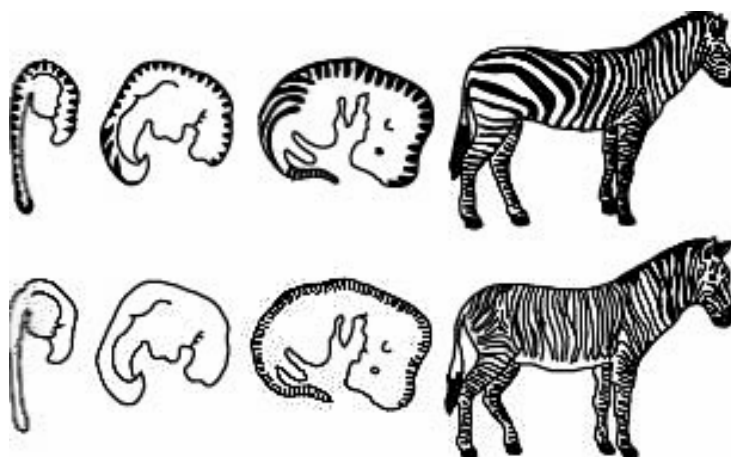


Fig. 5. Développement embryonnaire et zébrures des zèbres *Equus burchelli* (en haut) et *Equus grevyi* (en bas) (d'après ALBERCH 1985).

à une pédomorphose, qui est la persistance de caractères juvéniles chez l'adulte. Si cela donne une petite taille chez l'adulte, on a une progenèse ; si l'adulte est au moins aussi grand que la forme ancestrale mais conserve des caractéristiques juvéniles, c'est une néoténie. Certaines salamandres ont des branchies à l'état larvaire mais pas à l'état adulte. D'autres, néoténiques, conservent les branchies à l'âge adulte (fig. 4).

La chronologie des événements embryonnaires détermine le type de zébrure chez certains zèbres. Les zébrures de la croupe d'*Equus burchelli* sont largement et irrégulièrement espacées, en raison des taux de croissance différentielle de l'embryon après que les zébrures ont été établies. Les

zébrures chez *Equus grevyi* ne sont pas établies jusqu'à ce que la croissance différentielle soit complète, ce qui fait que les zébrures de l'adulte de cette espèce sont espacées plus régulièrement (fig. 5).

L'allométrie, ou croissance différentielle, a été proposée pour expliquer les différences entre plusieurs espèces de titanothères fossiles par exemple (fig. 6).³⁴ Le changement d'une espèce en une autre est simplement une augmentation de la taille générale et une croissance proportionnellement plus rapide de la corne et de certains traits faciaux. Ces exemples illustrent la théorie expliquant comment les petits changements génétiques peuvent produire, sur de longues périodes de temps,



Fig. 6. Quatre espèces fossiles de titanothères montrant une croissance allométrique. Les flèches montrent la croissance relative par rapport à l'espèce précédente (d'après FUTUYMA 1986).

une évolution morphologique importante.

Interventionnisme

Selon la théorie interventionniste, les processus de mutations des gènes de régulation et d'hétérochronie décrits plus haut ne produiraient pas de nouveaux plans d'organisation ou d'autres changements majeurs. Mais aux niveaux taxonomiques inférieurs (à l'intérieur de la famille, par exemple), ils pourraient peut-être aider à expliquer comment un important changement pourrait se produire rapidement. L'ensemble originel des gènes de structure et de régulation pour chaque plan d'organisation ne sont pas apparus par mutation et sélection naturelle ; ils ont été inventés selon un projet intelligent. Les mécanismes décrits plus haut sont une part du processus d'introduction des variations dans chaque plan d'organisation dans le but de permettre aux espèces de s'adapter aux changements dans leur environnement. Le modèle de la commutation des gènes d'Oster et Alberch³⁵ suggère aussi comment le changement morphologique pourrait se faire en passant d'un « programme » embryologique à un autre, chaque programme menant à une morphologie différente. D'autres mécanismes, qui vont au-delà du propos de cet article, ont été proposés.

La croissance des os des membres des reptiles³⁶ et des dents à émail³⁷ peut être induites expérimentalement chez les embryons de poulet et on a trouvé que le développement embryonnaire des yeux était dû à un gène homologue chez les insectes, les calmars et les vertébrés.³⁸ Ces données suggèrent que les gènes d'un animal contiennent l'information pour produire une grande variété de structures et que les gènes de régulation contrôlent leur utilisation. Si le concept est vrai, d'intéressantes possibilités s'ouvrent.

Par exemple, une espèce originelle d'écureuil aurait pu contenir dans ses gènes l'information nécessaire à la formation de différentes espèces ou mêmes différents genres d'écureuils, facilitant ainsi la microévolution et la spéciation.

Des mutations chez les insectes ont fait pousser des pattes sur la tête à la place des antennes.³⁹ Cela n'est pas produit par de nombreuses mutations changeant méthodiquement les antennes, étape par étape, en pattes. Les insectes ont apparemment un ensemble de gènes ayant des instructions pour faire des antennes, un autre pour faire des pattes et un gène de régulation « commutateur » indiquant si la structure en question devrait être une patte ou une antenne. Le gène de régulation peut muter et mettre les pattes sur la tête. Cet exemple suggère de nombreuses possibilités intéressantes pour la variabilité, qui pourraient se bâtir dans le système génétique, facilitant le changement rapide en réponse aux modifications du milieu. Par exemple, les chevaux pourraient-ils avoir un « commutateur » régulateur qui détermine si leurs pattes vont développer chacune un seul doigt avec son unique sabot ou si trois doigts vont se développer avec une taille approximativement égale ? Si c'est le cas et si d'autres gènes de régulation contrôlent la taille, la morphologie des dents, etc., alors l'évolution des chevaux a pu être un processus génétique assez simple. La figure 7 compare deux concepts de changement évolutif. Dans la théorie de l'évolution classique (fig. 7A), une série complexe de mutations, principalement dans les gènes de structure, modifie le potentiel génétique (l'information contenue dans le génome) de l'espèce. La figure 7B illustre une théorie de l'évolution dans laquelle un organisme a un large

potentiel génétique et le changement évolutif se produit par des modifications dans lesquelles des parties de ce potentiel s'expriment dans différentes populations. Dans une théorie interventionniste, ce large potentiel a été créé et fournit les moyens de changements ultérieurs. Il détermine aussi les limites du changement possible pour ce groupe d'organismes.

Cela pourrait aussi expliquer pourquoi des groupes d'organismes diffèrent tant dans leur variabilité génétique. Si des individus de chaque espèce de félins, des chats aux lions, étaient rasés et placés côte à côte, la plupart seraient très ressemblants. La différence serait principalement la taille. Par contre, la famille des canidés montre une étonnante diversité de types morphologiques. La famille des écureuils offre un autre exemple. Toutes les espèces de tamias rayés sont extrêmement proches morphologiquement et même génétiquement, tandis que les spermophiles diffèrent considérablement. Ces niveaux contrastés de variabilité ont pu être prévus depuis le commencement.

Un autre résultat de ce concept est que quand les généticiens en sauront assez sur le système génétique, y compris sur les gènes de régulation, il pourra être possible d'altérer un nombre relativement réduit de gènes de régulation chez un animal et d'obtenir un type d'animal très différent, peut-être même ressemblant à un hybride entre deux familles ou classes d'animaux. Cette éventualité pourrait créer des problèmes éthiques plus graves que nos problèmes actuels.

Conclusion

Cette théorie interventionniste a certaines implications pour le système génétique et apporte des suggestions pour de futures re-

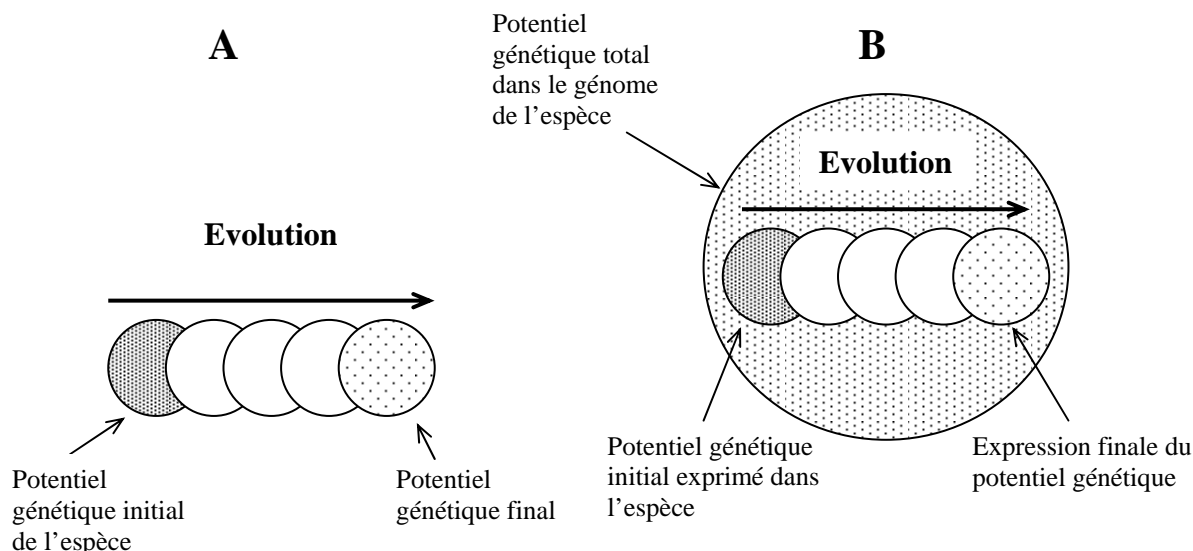


Fig. 7. Deux conceptions du changement évolutif.

(A) Changement du potentiel génétique d'une espèce résultant d'une évolution, telle qu'elle est comprise par la théorie classique de l'évolution. (B) Si on admet que le génome contient l'information pour une plus grande variation, l'évolution aboutit à l'expression d'une partie différente de l'information génétique (déjà présente dans le génome). Dans une théorie interventionniste, ce potentiel génétique a été créé et permet des changements ultérieurs.

cherches. Elle implique évidemment qu'avec une variabilité génétique adéquate et des milieux changeants, le changement morphologique et la spéciation peuvent se produire rapidement—même beaucoup plus rapidement que ce que l'on croit communément. Les populations animales qui sont bien adaptées à leur environnement ne seraient pas censées changer, mais une rapide évolution limitée est considérée comme normale sous certaines conditions de milieu.

Nous proposons que le changement évolutif ne s'est produit que dans des limites précises, mais ces limites vont au delà du niveau de l'espèce. A cause de la subjectivité impliquée dans la définition des catégories supérieures d'êtres vivants, il n'est pas possible de définir les limites des groupes originels d'animaux et de plantes en termes de niveau taxonomique précis comme le genre ou la famille. En première analyse, on peut penser que presque toutes les espèces ac-

tuelles, probablement la plupart des genres actuels et peut-être certaines familles sont le résultat de modifications subies par des espèces créées à l'origine.

Frank Marsh⁴⁰ a proposé de placer les groupes créés au rang de taxon sous le nom de « type fondamental » ou « baramin » qui inclurait tous les individus ou espèces qui sont capables de s'hybrider. Scherer⁴¹ a rassemblé les données disponibles sur les hybridations et en a dégagé 14 types fondamentaux se plaçant au niveau de la tribu, de la sous-famille ou de la famille, comme par exemple la famille des Equidés (chevaux), des Canidés (chiens, loups, renards, chacals), des Phasianidés (cailles, dindes, faisans), etc. Les données sur les hybridations ne sont disponibles que pour une faible partie des familles animales ou végétales et beaucoup d'autres recherches pourraient être faites.

Ces changements impliquent des mutations et la sélection naturelle, la perte ou l'inhibition d'in-

formation génétique et l'adaptation aux milieux changeants. Les changements dans les gènes de régulation ont été probablement un facteur important rendant possible un changement rapide, puisque de faibles changements génétiques produisent des effets relativement grands sur le phénotype. La série des titanothères et des chevaux pourraient-elles résulter de ces processus ?

La théorie évolutionniste propose que les gènes de structure existants se sont accumulés par action des mutations, des recombinaisons et de la sélection naturelle. Ce processus a été, croit-on, facilité par la duplication des gènes produisant un excès de matériel génétique qui pourrait alors être modifié par les mutations et devenir finalement de nouveaux gènes codés pour de nouvelles protéines. Une grande partie du matériel génétique des organismes consiste en de l'« ADN muet » sans fonction connue. Une partie de cet ADN contient des pseudogènes qui semblent être des copies de

gènes connus, mais avec des erreurs.⁴² Les pseudogènes et autre ADN muet sont habituellement interprétés comme des gènes dupliqués qui peuvent évoluer en nouveaux gènes.

On reconnaît maintenant que l'«ADN poubelle» («junk DNA») est plus fonctionnel qu'on ne le croyait.⁴³ Nous pensons que cette tendance continuera et qu'on découvrira dans l'avenir qu'une partie, plus importante encore, de l'ADN est impliquée dans la régulation. Un vaste complexe de gènes est clairement nécessaire à la régulation du moment et de l'endroit où chaque protéine sera faite, de leur quantité, du développement et de la croissance de chaque organe et de son intégration avec les autres organes, du fonctionnement des systèmes biochimiques terriblement complexes de chaque cellule et du contrôle de certains éléments comme la longueur des doigts. Il y a beaucoup plus de gènes de régulation que de gènes de structure et nous prédisons que, dans la plupart des organismes, la quantité d'ADN nécessaire à ces gènes est beaucoup plus importante que celle qui est admise actuellement.

Cependant, nous ne pouvons écarter la probabilité que dans certains cas les mutations aient pu produire des copies supplémentaires de gènes. Par exemple, il est intrigant de voir que la quantité d'ADN par organisme varie de 1 à 100 chez les poissons et les insectes et de 1 à 1 000 chez les algues et les angiospermes.⁴⁴

La plus importante différence entre la théorie interventionniste et la théorie de la mégaévolution est la source ultime du potentiel génétique présent dans les organismes (Fig. 7B). Est-il réellement possible que les complexes de gènes de structure et de régulation apparaissent par mutation, recombinaison et sélection

naturelle ? Ceci requiert que l'ADN dupliqué accumule progressivement des changements avantageux qui peuvent être sélectionnés et que ce processus puisse produire un nouveau gène avec une nouvelle fonction. Est-il possible que ceci se produise sans une intervention intelligente, fabricant non seulement un nouveau gène de structure mais aussi le complexe de gènes de régulation qui le reconnaît et le contrôle ? Nous prédisons que la réponse sera non.

Certains ont proposé que l'évolution de la résistance aux insecticides et les nouvelles enzymes apparaissant dans les cultures de bactéries des laboratoires sont des exemples de ce processus. A mesure que notre compréhension des détails du matériel génétique s'améliore, avec des techniques plus efficaces pour les analyser, il devrait être possible de tester la théorie selon laquelle mutation et sélection naturelle peuvent produire de nouveaux gènes. Et les enzymes qui apparaissent dans les cultures de bactéries sont-elles bien nouvelles ou simplement ne s'agit-il que de l'activation du potentiel génétique existant déjà mais non utilisé (ou très peu utilisé) avant que le milieu n'ait changé ?⁴⁵

La recherche devrait se focaliser sur la détermination exacte de l'information génétique chez les organismes utilisés dans l'investigation décrite plus haut afin de vérifier si de nouveaux gènes apparaissent effectivement par le processus supposé. Peut-être serait-il aussi possible d'induire des taux de mutations suffisamment accélérés pour tenter de dupliquer le processus de l'évolution des gènes en laboratoire. Des efforts sont aussi faits pour développer des simulations informatiques des systèmes génétiques.⁴⁶ A mesure que notre compréhension des mécanismes s'a-

méliore, la sophistication de tels modèles pourrait peut-être devenir adéquate pour tester des théories réalistes de l'évolution des gènes.

Nous proposons que tout processus de changement génétique, qui dépend des mutations comme source ultime de nouvelle information, tend à produire du désordre et ne construira jamais de nouveaux complexes de gènes. Tant que cette prédiction ne peut être réfutée, la théorie de la mégaévolution naturaliste des catégories supérieures à partir d'un ancêtre commun repose sur un fondement faible et chancelant. L'observation suggère qu'il y a bien eu spéciation et des changements morphologiques. La réinterprétation de la génétique évolutive présentée ici est proposée comme une étape vers une compréhension du processus qui a fait passer la vie de son état originel, au moment de sa création, à son état actuel, adapté aux conditions présentes. Nous proposons que ces mécanismes génétiques ne sont adéquats que pour diversifier et adapter la vie à partir des taxons créés. Ils ne peuvent produire une augmentation de la complexité de la vie. Les indices d'un mécanisme génétique adéquat pour produire une complexité accrue

Pour toute correspondance
veuillez vous adresser à :

SCIENCE & ORIGINES
Campus Adventiste du
Salève, BP 74, 74165
Collonges-sous-Salève
Cedex, France

ou par e-mail à :

JSauvagnat@compuserve.com

GEOSCIENCE RESEARCH
INSTITUTE, 11060 Campus
Street, Loma Linda, CA.
92350, USA

Site Web : www.grisda.org

et de nouveaux plans d'organisation sont loin d'être absolument convaincants.

Leonard R. BRAND
& L. James GIBSON

Leonard Brand est professeur de biologie à l'université de Loma Linda (Californie).

James Gibson est le directeur du Geoscience Research Institute.

*Cet article a été publié en 1993 dans *Origins*, 20 (2) : 60-82, puis repris et révisé en 1997 par Brand dans *Faith, Reason and Earth History : A Paradigm of Earth and Biological Origins by Intelligent Design*. Andrews University Press, Berrien Springs, MI, p. 191-207.

Références

18. FORD E. B. 1964. *Ecological genetics*. John Wiley, New York, ch. 2.
19. CARSON H. L. 1975. The genetics of speciation at the diploid level. *American Naturalist*, 109 : 83-92; METTLER L. E., GREGG T. G. & SCHAEFFER H. E. 1988. *Population Genetics and Evolution*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, p. 295.
20. MAYR, E. 1970. *Populations, Species, and Evolution*. Belknap Press, Cambridge, Massachusetts.
21. ASHTON E. H., FLINN R. M. & GRIFFITHS R. K. 1979. The results of geographic isolation on the teeth and skull of the green monkey (*Cercopithecus aethiops sabaues*) in St. Kitts—a multivariate retrospect. *Journal of Zoology*, 188 : 533-555.
22. BAKER A. J. 1987. Rapid genetic differentiation and founder effect in colonizing populations of common mynas (*Acridotheres tristis*). *Evolution*, 41 : 525-538.
23. JOHNSON M. W. 1953. The copepod *Cyclops dimorphus* KIEFER from the Salton Sea. *American Midland Naturalist*, 49 : 188-192.
24. JOHNSTON R. F. & SELANDER R. K. 1964. House sparrows : rapid evolution of races in North America. *Science*, 144 : 548-550.
25. ZIMMERMAN E. C. 1960. Possible evidence of rapid evolution in Hawaiian moths. *Evolution*, 14 : 137, 138.
26. MORELL V. 1997. Predator-free guppies take an evolutionary leap forward. *Science*, 275 : 1880; REZNICK D. N., SHAW F. H. RODD F. H. & SHAW R. G. 1997. Evaluation of the rate of evolution in natural populations of guppies (*Poecilia reticulata*). *Science*, 275 : 1934-1937.
27. CARSON H. L. & WISOTZKEY R. G. 1989. Increase in genetic variance following a population bottleneck. *American Naturalist*, 134 : 668-673; DESSAUER H. C., GEE G. F. & ROGERS J. S. 1992. Allozyme evidence for crane systematics and polymorphisms within populations of sandhill, sarus, Siberian and whooping cranes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1 : 279-288; METTLER L. E., GREGG T. G. & SCHAEFFER H. E. 1988. *Population Genetics and Evolution*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, p. 296; TERZIAN C. & BIEMONT C. 1988. The founder effect theory : quantitative variation and mdg-1 mobile element polymorphism in experimental populations of *Drosophila melanogaster*. *Genetica*, 76 : 53-63.
28. FONTDEVILA A. 1992. Genetic instability and rapid speciation : are they coupled ? *Genetica*, 86 : 247-258; PARSONS P. A. 1987. Evolutionary rates under evolutionary stress. *Evolutionary Biology*, 21 : 311-347; PARSONS P. A. 1988. Evolutionary rates : effects of stress upon recombination. *Biological Journal of the Linnean Society*, 35 : 49-68.
29. LANGRIDGE J. 1987. Old and new theories of evolution, in K. S. W. CAMPBELL & M. F. DAY (eds.), *Rates of Evolution*, Allen and Unwin, London, p. 248-262.
30. REANNA D. C. 1985. The origin, nature and significance of genetic variation in prokaryotes and eukaryotes, in K. S. W. CAMPBELL & M. F. DAY (eds.), *Rates of Evolution*, Allen and Unwin, Boston, p. 235-247.
31. AMABILE-CUEVAS C. F. & CHICUREL M. E. 1993. Horizontal gene transfer. *American Scientist*, 81 : 332-341.
32. CAIRNS J., OVERBAUGH J. & MILLER S. 1988. The origin of mutants. *Nature*, 335 : 142-145; LENSKI R. E. & MITTLER J. E. 1993. The directed mutation controversy and neo-Darwinism. *Science*, 259 : 188-194; MOFFAT A. S. 1989. A challenge to evolutionary biology. *American Scientist*, 77 : 224-226; REVKIN A. C. 1989. March of the fire ants. *Discover*, 10 (3) : 71-76.
33. ALBERCH P. 1985. Problems with the interpretation of developmental sequences. *Systematic Zoology*, 34 : 46-58; AVERS C. J. 1989. *Process and Pattern in evolution*. Oxford University Press, New York; FUTUYMA D. J. 1986. *Evolutionary Biology*. 2nd ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts; GOULD S. J. 1977. *Ontogeny and Phylogeny*. Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts; MCKINNEY M. L. & MCNAMARA K. J. 1991. *Heterochrony : the Evolution of Ontogeny*. Plenum Press, New York; VALENTINE J. W. 1992. The macroevolution of the phyla, in J. H. LIPPS and P. W. SIGNOR (eds.), *Origin and Early Evolution of the Metazoa*. Plenum Press, New York, p. 525-553; VALENTINE J. W. & CAMPBELL C. A. 1975. Genetic regulation and the fossil record. *American Scientist*, 63 : 673-680; VALENTINE J. W. & ERWIN D. H. 1987. Interpreting great developmental experiments : the fossil record, in R. A. RAFF & E. C. RAFF (eds.), *Development as an Evolutionary Process*, Liss, New York, p. 71-107.
34. FUTUYMA D. J. 1986. *Evolutionary Biology*. 2nd ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts, p. 368.
35. OSTER G. & ALBERCH P. 1982. Evolution and bifurcation of developmental programs. *Evolution*, 36 : 444-459.
36. HAMPE A. 1960. La compétition entre les éléments osseux du zeugopode de Poulet. *Journal of Embryology and Experimental Morphology*, 8 : 241-245.
37. KOLLAR E. J. & FISHER C. 1980. Tooth induction in chick epithelium : Expression of quiescent genes for enamel synthesis. *Science*, 207 : 993-995.
38. GOULD S. J. 1994. Common pathways of illumination. *Natural History*, 103 (12) : 10-20.
39. LODISH H., BALTIMORE D., BERK A., ZIPURSKY S. L., MATSUDAIRA P. & DARNELL J. 1995. *Molecular Cell Biology*. 3rd ed. W. Freeman, New York.
40. MARSH F. L. 1941. *Fundamental Biology*. Lincoln, Nebraska.; MARSH F. L. 1976. *Variation and Fixity in Nature*. Pacific Press, Mountain View, California.
41. SCHERER S. 1993. *Types des Lebens*. Pascal-Verlag, Berlin.
42. GIBSON L. J. 1994. Pseudogenes and origins. *Origins*, 21 : 91-108.
43. NOWAK R. 1994. Mining treasures from "junk DNA". *Science*, 263 : 608-610; REYNAUD C., DAHAN A., ANQUEZ V. & WEILL J. 1989. Somatic hyperconversion diversifies the single V_H gene of the chicken with a high incidence in the D region. *Cell*, 59 : 171-183.
44. JOHN B. & MIKLOS G. L. G. 1988. *The Eukaryote Genome in Development and Evolution*. Allen and Unwin, Boston, p. 150.
45. OPADIA-KADIMA G. Z. 1987. How the slot machine led biologists astray. *Journal of Theoretical Biology*, 124 : 127-135.
46. MAYNARD SMITH J. 1992. Byte-sized evolution. *Nature*, 355 : 772, 773.

Nouvelles du GRI

Conférence internationale Foi et Science (23-29 août 2002)

La quasi-totalité de l'équipe du Geoscience Research Institute a été invitée à participer à cette rencontre organisée par la Conférence générale de l'Église adventiste. Cette rencontre a réuni à Ogden (Utah) 84 participants venus du monde entier, dont 37 scientifiques, 23 théologiens et 24 administrateurs.

Les buts de ce colloque étaient :

- d'entamer un dialogue interdisciplinaire permettant d'exposer les contributions et les limitations que la Bible et la science apportent à notre compréhension collective de la vie, de l'univers, de notre destinée ;
- de revoir ce que notre croyance en Genèse 1-11 implique et comment elle pourrait être mieux exprimée et communiquée ;
- de constater les divergences de vue significatives au sein de l'Église ou le fait que l'on puisse avoir des vues identiques avec des degrés de conviction divers.

Était exclue des attributions de ce colloque la charge de définir ou de redéfinir les croyances doctrinales de l'Église adventiste.

Les différentes opinions, tant sur le plan scientifique que sur le plan théologique, ont pu s'exprimer librement et dans un esprit d'ouverture remarquable.

Les exposés et les débats qui ont suivi ont permis à chacun de prendre conscience de la complexité du problème des origines, des difficultés à harmoniser les Écritures et la science et à posséder la « Vérité », qu'on soit expert en théologie ou en science. L'humilité et la tolérance sont

donc de rigueur et la discussion reste ouverte. C'est pourquoi cette rencontre sera suivie d'autres dans les deux prochaines années.

Actualité scientifique

PALÉONTOLOGIE

Le plus grand reptile volant

Des ossements de très grande taille, découverts en 1978 dans le Crétacé terminal de Roumanie, ont été réinterprétés récemment comme ceux d'un ptérosaure. *Hatzegopteryx thambena* aurait une envergure d'au moins 12 m et un crâne rigide de près de 3 m de long. Des os creux et un crâne à structure spongieuse semblent être suffisamment légers pour permettre à cet animal énorme de prendre son envol.

BUFFETAUD E., GRIGORESCU D. & CSIKI Z. 2002. *Pour la Science*, 296 : 10.

PALÉO-ANTHROPOLOGIE

L'origine problématique de l'homme (suite) : Toumaï

De nouveau, les médias se sont fait l'écho de la découverte du « plus ancien hominidé ». Il aurait cette fois environ 7 millions d'années, bien que sa datation radiométrique soit impossible.

Trouvé en juillet au Tchad, ce crâne, accompagné de 3 dents, est rapidement devenu l'objet d'une controverse. Pour M. Brunet, son découvreur, Toumaï (*Sahelanthropus tchadensis*) est un mâle et se rattache aux hominidés, alors que, selon B. Senut et M. Pickford, il s'agirait d'une femelle de paléo-gorille !

De plus, sa découverte bien plus à l'ouest que les autres remet en question l'hypothèse de la naissance de l'homme à la suite de changements climatiques dans l'Est africain.

Le Monde, 12 juillet 2002, p. 24 ; *Le Point*, 12 juillet 2002, p. 62, 63 ; *Le Nouvel Observateur*, 18 juillet 2002, p. 68, 69 ; *Pour la Science*, 298 : 13 ; *Sciences et Avenir*, août 2002, p. 7-12 ; *Science & Vie*, sept. 2002, p. 90-96 ; *Le Monde*, 11 oct. 2002, p. 26.

Livres

Anne DAMBRICOURT, 2000. *La légende maudite du vingtième siècle. L'erreur darwinienne*. La Nuée Bleue, Strasbourg, 208 pages.

Anne Dambricourt, paléo-anthropologue au Muséum national d'histoire naturelle, s'oppose à l'idée darwinienne d'une origine accidentelle fortuite de l'espèce humaine. Selon elle, l'homínisation se serait faite au contraire, au cours de l'embryogenèse, par un processus déterministe de contraction cranio-faciale, encore en cours, qui a évolué avec le temps d'une façon logique et ordonnée.

Objet de toutes les critiques de la part des darwinistes pour avoir touché à un véritable dogme, l'auteur, qui dans sa quête de sens passe de l'athéisme à la foi, dénonce l'intolérance du scientisme et la main mise de l'athéisme sur la science moderne.

Ce livre, d'un style peu commun sous la plume d'un scientifique, est « un témoignage, en même temps qu'une profession de foi, témoignage impossible si l'auteur n'était pas librement scientifique en même temps que témoin de la foi dans le Dieu d'Abraham et de Ieshua. »

SCIENCE & ORIGINES

Publication semestrielle de la section européenne du Geoscience Research Institute.

Directeur de la publication :

Roberto Badenas

Rédacteur :

Jacques Sauvagnat

Comité de rédaction :

Roberto Badenas, René Collin, James Gibson, Marcel Ladislas, Marc-André Thiébaud, Jean-Claude Verrecchia.

Les articles parus dans *Science & Origines* n'engagent que leurs auteurs.

ISSN : 1628-8262

Impression : AZ Repro, Cran-Gevrier.