

Jeudi 03 Mai '07

Eric BAPTESTE (IHPST)

*Pourquoi l'évolutionnisme devrait se préparer à se passer de l'Arbre du Vivant?*

Mon intervention présentera les principaux points de ma thèse, dont voici un résumé.

L'objectif de notre thèse était de réunir les éléments nécessaires à l'analyse du phénomène phylogénétique majeur de notre siècle: la chute probable de l'Arbre du vivant et ses conséquences sur la recherche de la classification naturelle. Nous avons utilisé différents auteurs (par exemple Mayr et Panchen pour dire l'histoire, Hull et Ereshefsky pour comprendre le problème de l'espèce, Whitehead, Deleuze et Collier pour réfléchir aux processus, Doolittle, Fraser et Woese pour élaborer une "nouvelle biologie", Popper et Rieppel pour dénoncer les limites des méthodes phylogénétiques classiques, Feyerabend, Lyotard et Kuhn pour travailler hors d'un contexte épistémologique rigide), afin que notre travail puisse servir d'intercesseur entre les philosophes et les biologistes, qui y trouveront chacun différents points d'entrées. Ce travail est structuré selon trois grands schémas. Dans un premier temps, nous avons considéré que l'Arbre du vivant était une réalité tenue pour acquise et nous avons testé si les scientifiques avaient réussi à le découvrir. Ce type de questionnement (répondant à l'interrogation : « quel est l'Arbre du vivant? ») correspond en fait à un modèle classique de la recherche scientifique, où l'objet des travaux est de tester si les observations

satisfont à une théorie et à une hypothèse auxiliaire données. Pour la phylogénie traditionnelle, la théorie était celle de la descendance avec modification, l'hypothèse auxiliaire celle qu'un Arbre universel permettrait d'expliquer les observations de la biodiversité et de les réunir en une systématique cohérente. Nous avons suivi les grandes lignes du développement historique de cette recherche et nous avons pu ainsi évoquer les promesses, les questions majeures et les projets d'études importants dans cette perspective classique. Entre autres choses, nous avons identifié vingt-trois notions charnières pour résoudre le problème de l'Arbre du vivant et nous sommes arrivés à la conclusion que seule une phylogénie moléculaire pouvait espérer accomplir cette vaste tâche. Cependant, force a été de constater que l'Arbre du vivant, en dépit d'études répétées, n'a jamais été découvert. Nous avons même identifié un certain nombre d'objections historiques, biologiques et épistémologiques qui mettent en péril le projet phylogénétique traditionnel, la signification d'un Arbre du vivant et obligent à critiquer les notions essentielles sur lesquelles ce projet s'appuyait.

Dans un deuxième temps, nous avons donc interrogé la validité de l'hypothèse auxiliaire, classique mais indémontrée, de l'existence d'un Arbre universel. Nous nous sommes demandés s'il existait ou non un Arbre du vivant. Curieusement, cette interrogation fondamentale sort du cadre phylogénétique traditionnel, qui n'a pas réellement développé les moyens de tester l'existence de l'arbre hiérarchique unique, tenu pour paradigmatique. En effet, les

dimensions vérificationniste et cohérentiste de ses méthodes limitent l'étude et la description du processus évolutif, notamment par leur incapacité à intégrer les incongruences réelles dans l'histoire de la vie. L'analyse de la congruence entre de multiples phylogénies moléculaires conduit d'ailleurs à des tests phylogénétiques biaisés. Ignorant les alternatives réticulées et cherchant le meilleur arbre, ces analyses étendent l'*explanandum* traditionnel, alors que des interprétations contradictoires de leurs résultats empêchent inexorablement l'achèvement du projet phylogénétique classique. La phylogénétique et son approche moniste est en fait en crise. Il y a un désaccord substantiel entre les jeux de données moléculaires, à tous les niveaux. Pour beaucoup de taxons, à beaucoup de niveaux, des arbres (pas forcément identiques) semblent justement représenter les processus historiques de façon adéquate et justifier le recours à une classification hiérarchique inclusive au moins locale. Mais, pour d'autres taxons ou à d'autres niveaux, la réticulation peut être le processus historique pertinent, et les réseaux la façon la plus correcte de retracer la vraie complexité naturelle. Typiquement, chez les procaryotes, cette situation s'explique parce que les transferts latéraux de gènes et la recombinaison homologe convertissent les arbres en réseaux, mais à des échelles différentes.

Le troisième temps de la thèse a consisté à rechercher comment sortir la phylogénétique de la crise en proposant des schémas de substitution à l'Arbre du vivant, qui tiennent compte des découvertes récentes de la microbiologie suggérant d'amender notre théorie de la

descendance avec modification. Plus précisément, nous avons développé un nouveau modèle du processus évolutif qui intègre la dimension d'hérédité latérale au devenir. Ceci nous a conduit à étendre la portée des conclusions du pluralisme éliminatif d'Ereshesfky à d'autres unités évolutives que l'espèce et à reconnaître la validité d'une pluralité de taxonomies du vivant incompatibles. En raison des multiples niveaux et causes de sélections, les relations entre les objets naturels ne sont pas nécessairement hiérarchiques : plusieurs objets naturels cohésifs peuvent appartenir à des groupes naturels chevauchants. Certaines notions classiques comme l'espèce sont d'ailleurs devenues trop débattues et douteuses pour qu'on leur accorde la priorité en phylogénétique; mais d'autres unités évolutives, comme les multiplicités infraspécifiques et les métacommunautés, sont en revanche injustement ignorées par cette discipline. Ces réflexions nous ont paru suffisamment importantes pour conclure que l'indispensable renouveau de l'entreprise phylogénétique passerait par l'étude des relations d'émergence et des mécanismes de cohésion de multiples unités évolutives plutôt que par l'étude des seules relations généalogiques verticales des "espèces". Evidemment, cette remise en cause de l'Arbre des espèces n'est pas une attaque de l'essence la plus profonde de la théorie darwinienne: les patrons de ressemblances et de différences que nous observons entre les êtres vivants (et les fossiles) sont réels (réfèrent à quelque chose indépendant des pratiques et des philosophies systématiques), et sont de nature historique, le produit des processus évolutifs qui se déroulent au cours du temps.

Enfin, dans le dernier temps de cette thèse, nous avons entrepris d'explorer les conséquences épistémologiques d'une telle phylogénétique renouvelée. En absence d'un arbre unique, nous avons donné prescription aux phylogénéticiens de s'ouvrir au pluralisme méthodologique et aux leçons des sciences du vague et de la philosophie des processus. Nous avons détaillé trois projets caractéristiques de la phylogénétique renouvelée: l'approche structurale, l'approche nomadologique et l'approche esth/éthique, qui permettent respectivement de réfléchir aux événements évolutifs fortement, modérément et jamais corrélés. En bref :

- nous affirmons que l'Arbre du vivant est un paradigme dépassé,
- nous affichons notre souci d'une méthodologie phylogénétique pluraliste et plus pragmatique, voire postmoderne. Nous rejetons notamment le cohérentisme *a priori*. Nous préférons être agnostique au sujet de l'histoire des marqueurs faibles plutôt que de la combiner. Nous faisons la promotion de la consilience plutôt que de la congruence (comprise comme de la simple compatibilité) pour identifier une histoire évolutive commune entre plusieurs marqueurs. Nous rappelons que le choix de l'échelle appropriée pour dire l'évolution d'un système biologique est toujours un problème essentiel en phylogénétique.
- nous soutenons que la vraie relation naturelle, c'est l'émergence, car il y a plus que la verticalité dans le processus évolutif.
- nous préconisons donc l'emploi d'une ontologie renouvelée en phylogénétique, qui remplace notamment la relation d'identité

phylogénétique par celle de relation d'unité, qui introduise le concept de "parents horizontaux", de Corps sans Organes et de plan de consistance dans la phylogénétique et qui fasse la promotion du concept "d'éco-marqueurs", et de "l'écologie de gènes".

- nous affirmons la nécessité de pluridisciplinarité autour de la phylogénétique et la fin de l'ère du Professeur.

- nous proposons de transformer la classification naturelle en bases de données d'air de familles en recherchant les formules des multiplicités plutôt que la position univoque des individus dans un arbre.

- nous préconisons une régionalisation de la rétrodiction et une régionalisation de la prédiction à grande échelle évolutive, car les seules lois biologiques sont contingentes et de portées intermédiaires.

- enfin, nous expliquons pourquoi, quand la question de l'Origine perd son importance apparente, celle des processus contemporains peut passer au premier plan de l'explication biologique et comment cela transforme le rapport des évolutionnistes à la biodiversité.

Aussi, ces réflexions en faveur d'une transition vers une phylogénétique pluraliste nous amènent à proposer des études théoriques allant bien au delà des questions de la phylogénétique traditionnelle. Heureusement, ces dernières nous semblent de nature à remettre à l'ouvrage toute la communauté évolutionniste et à sortir collectivement de la crise actuelle autour de l'Arbre du vivant.