

LES GÈNES ORPHELINS

PARTIE 1

DES RÉSULTATS INATTENDUS DANS LE SÉQUENÇAGE DE L'ADN

Par Tiffany Denham le 20 avril 2018

<http://thecreationclub.com/orphan-genes-part-1-unexpected-results-in-dna-sequencing/>

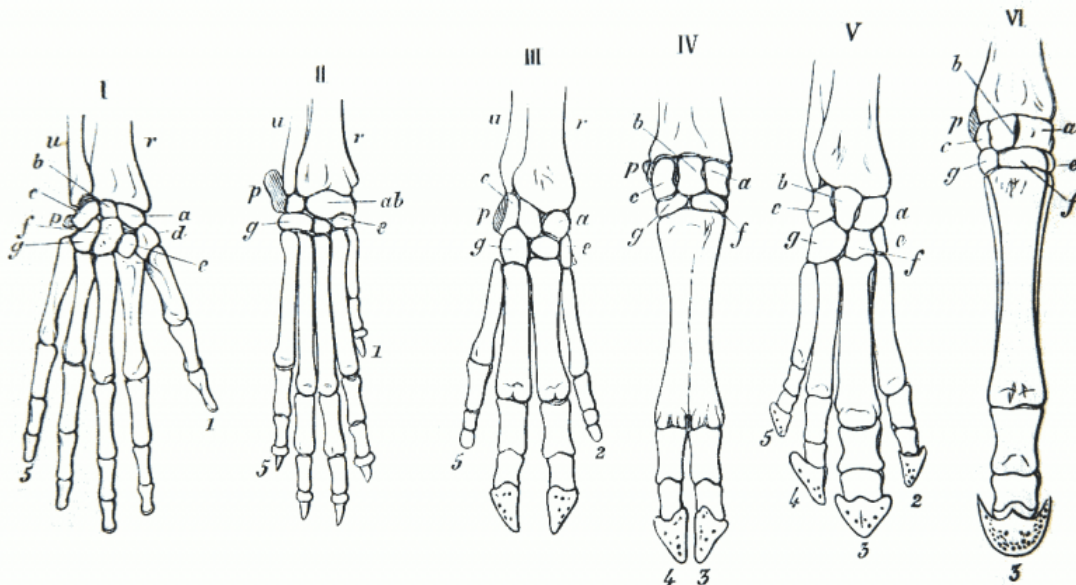
Traduit par la Plateforme Bible et Science.

Dans son livre, " *Why Evolution is True* " (*Pourquoi l'Évolution est Vraie*), le biologiste Jerry A. Coyne décrit la théorie évolutionniste moderne avec la déclaration suivante :

"La vie sur terre a évolué progressivement en commençant par une espèce primitive, peut-être une molécule auto-répliquante, qui vivait il y a plus de 3,5 milliards d'années ; elle s'est ensuite diversifiée au fil du temps, faisant apparaître de nombreuses espèces nouvelles et diverses."

En se fondant sur ce principe de base, diverses espèces devraient partager des structures similaires (ou homologues) en raison de leur ascendance commune. Le site "Berkeley's Evolution 101" écrit cette citation : " *La théorie de l'évolution prédit que les organismes apparentés partageront des similitudes dérivées d'ancêtres communs. Les caractéristiques similaires dues à des liens de parenté sont connues sous le nom d'homologies.*"

L'article [homologie](#) de Wikipédia mentionne l'exemple suivant: "...les membres antérieurs des vertébrés, comme les ailes des chauves-souris, les bras des primates, les nageoires antérieures des baleines et les pattes antérieures des chiens et des chevaux sont tous dérivés de la même structure tétrapode ancestrale."

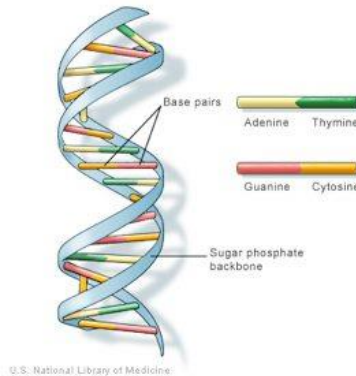


Gegenbaur: *Homologie de la main des membres antérieurs* (1870). I Homme. II Chien. III Porc. IV Vache. V Tapir. VI Cheval. (Wikimedia commons)

Cependant, l'avènement relativement récent du séquençage de l'ADN a produit des résultats très inattendus - étonnamment contraires aux prédictions de la théorie de l'évolution.

Séquençage de l'ADN - Nous avons parcouru un long chemin

L'ADN est le plan, ou le manuel d'instructions contenant les instructions qui rendent chaque espèce unique. L'ADN (photo ci-dessous) est défini comme "... une chaîne de nucléotides filiforme qui porte les instructions génétiques utilisées pour la croissance, le développement, le fonctionnement et la reproduction de tous les organismes vivants connus et de nombreux virus."



Pixabay

Dans les années 1960, les scientifiques ont développé la capacité de "lire" ce manuel d'instructions de l'ADN dans un processus appelé séquençage de l'ADN. Ce fut une percée scientifique monumentale. Britannica définit le séquençage de l'ADN et note son importance avec l'article suivante :

"...technique utilisée pour déterminer la séquence nucléotidique de l'ADN... La séquence nucléotidique est le niveau de connaissance le plus fondamental d'un gène ou d'un génome. C'est le plan qui contient les instructions pour la construction d'un organisme, et aucune compréhension de la fonction ou de l'évolution génétique ne pourrait être complète sans l'obtention de cette information."

La dernière phrase est impérative. Bien que Darwin et ses prédécesseurs ont pu émettre l'hypothèse que l'ascendance commune est l'explication la plus raisonnable des similarités partagées entre diverses espèces par comparaison visuelle, l'ascendance commune ne peut être prouvée et le concept même d'évolution ne peut être compris sans la capacité de "lire" le manuel d'instruction d'un organisme (ADN). Cette capacité est *très* nouvelle pour la science.

Pendant plusieurs décennies, le séquençage de l'ADN a été un processus lent et coûteux. Cependant, le projet du génome humain, initié en 1990 et achevé en 2003, a eu un effet révolutionnaire. L'objectif de ce projet international, de cartographier l'ensemble du génome humain, a stimulé d'énormes progrès technologiques dans le séquençage des gènes, qui se sont poursuivis bien au-delà de l'achèvement du projet. James Heather conclut son " **Histoire du séquençage de l'ADN** " en déclarant : "Au fil des années, les innovations dans les protocoles de séquençage, la biologie moléculaire et l'automatisation ont augmenté les capacités technologiques du séquençage tout en diminuant le coût, permettant la lecture de centaines de paires de bases de longueur d'ADN, mises massivement en parallèle pour produire des gigabases de données en une seule fois."

C'est cette richesse florissante de l'information génétique qui a révélé le "mystère" des gènes orphelins.

Que sont les gènes orphelins et pourquoi sont-ils problématiques pour la théorie de l'évolution?

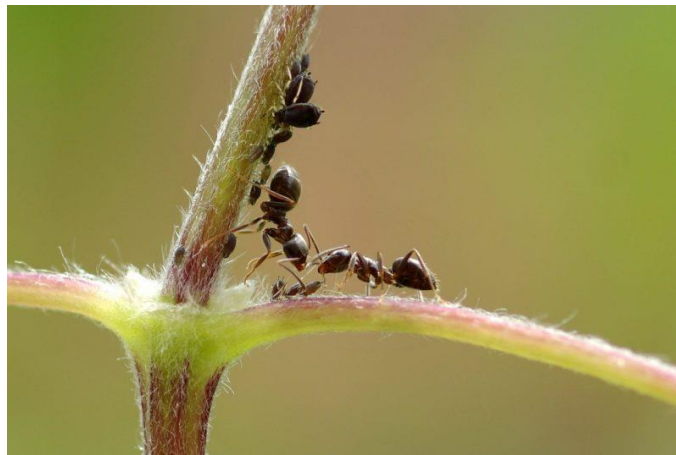
[Cornelius Hunter](#), écrivant pour "Evolution News", fournit la définition suivante : "Le terme orphelin se réfère à un cadre de lecture ouvert d'ADN, ou ORF (Open Reading Frame), sans aucune séquence similaire connue chez d'autres espèces ou lignées. D'où le terme ORFan, ou "orphan (orphelin)". L'[auteur de cet article](#) dans "Uncommon Descent"

("Descente peu commune") fournit cette définition, "Les gènes orphelins sont des gènes codant pour des protéines qui existent chez une seule espèce et qui n'ont aucune ressemblance avec quoi que ce soit chez d'autres espèces, ils sont appelés orphelins..."

Pourquoi est-ce troublant ? Si la théorie de l'évolution et (par défaut) l'ascendance commune sont vraies, un gène codant spécifique à l'espèce, sans contrepartie reconnaissable chez les autres espèces, devrait être d'une rareté extrême. Ann Gauger écrit dans "[Orphan Genes: A guide for the Perplexed](#)" (" Les Gènes orphelins : un guide pour les personnes perplexes ") : " L'hypothèse de travail était que, étant donné la descendance commune et le fait que la plupart des gènes sont partagés entre les êtres vivants et l'hypothèse que l'évolution se produit par des petits changements progressifs, les gènes orphelins...devraient être rares sinon inexistants."

Alors, à quel point sont-ils communs ? Cette [étude de 2009](#) publiée dans "*Trends in Genetics*" a révélé que, "Des analyses comparatives du génome indiquent que tous les groupes taxonomiques étudiés jusqu'à présent contiennent de 10 à 20 % de gènes dépourvus de similitudes reconnaissables chez d'autres espèces." [Selon Richard Buggs](#) (écrivant dans "*Ecology and Nature*"), à l'origine, les chercheurs croyaient que le mystère de ces gènes orphelins serait résolu avec le temps au fur et à mesure que plus de génomes seraient séquencés, trouvant des précurseurs pour les séquences qui sont maintenant classées comme orphelines. Cependant, le contraire s'est avéré vrai.

Par exemple, le [Dr Jeffrey Tompkins](#) parle ainsi des fourmis : "En comparant les gènes des fourmis à d'autres insectes, les chercheurs ont découvert 28.581 gènes propres aux fourmis et non trouvés chez d'autres insectes. Alors que les différentes espèces de fourmis partageaient de nombreux groupes de gènes, seuls 64 gènes étaient communs aux sept espèces de fourmis... Les chercheurs ont conclu qu'en moyenne, chaque espèce de fourmi contenait 1.715 gènes uniques - des gènes orphelins."



Pixabay

Dans l'[article de Bugg sur le génome des frênes publié en 2017 dans Nature](#), lui et ses collègues rapportent que sur plus de 38 000 gènes codant pour les protéines trouvés, "...un quart (9.604) étaient propres au frêne." Il poursuit ainsi : "Sur le fondement de notre recherche jusqu'à présent, je ne peux suggérer que ces gènes partagent une ascendance commune avec ceux de dix autres plantes que nous avons comparés aux frênes : café, raisin, pin à encens, mimule, peuplier, tomate, *Amborella*, *Arabidopsis*, luzerne tronquée, et utriculaire. Ceci en dépit du fait que la mimule et l'utriculaire sont dans le même ordre taxonomique (Lamiales) que le frêne."

Non seulement les gènes orphelins sont communs, mais ils semblent également fonctionnels. Le Dr Tompkins écrit, "Ces gènes orphelins sont également considérés comme particulièrement importants pour des adaptations biologiques spécifiques qui correspondent à des niches écologiques liée à l'interaction de la créature avec son environnement. Le problème pour le modèle évolutif des origines animales est le fait que ces séquences d'ADN apparaissent

soudainement et pleinement fonctionnelles sans aucune trace d'ascendance évolutionnaire (précurseurs de séquences d'ADN chez d'autres organismes apparentés)."

Conclusion

Les gènes orphelins sont certainement une ombre au tableau de la théorie évolutionniste, mais ils ne sont pas une surprise pour la science créationniste ou le dessein intelligent. Comme Gauger le fait remarquer, "*Il y a ainsi l'éléphant dans la pièce que les biologistes évolutionnistes ne veulent pas reconnaître. Peut-être que nous voyons tant d'espèces et de gènes orphelins spécifiques aux espèces parce qu'ils sont uniquement conçus pour elles et pour des fonctions spécifiques aux clades. Cela va assurément à l'encontre de l'attente d'une descendance commune.*"

Dans la deuxième partie de cette série, nous verrons comment la biologie évolutive répond aux gènes orphelins.