

## Similitudes, homologues, canards et ornithorynques

Charles Coulier, Daniel Birnbaum, François Coulier

Les abus de langage sont des travers qui ne prêtent généralement pas à conséquence dans la vie quotidienne, mais peuvent être gênants lors de la manipulation de concepts. C'est là la raison de l'apparition de langages spécifiques à toutes sortes d'activités et souvent incompréhensibles aux profanes, mais permettant, en appelant un chat *Felis domesticus*, de se faire comprendre de ses collègues. Les biologistes moléculaires ont su développer leur langage propre, et ne doutons pas que certains de leurs discours apparaissent bien obscurs aux non-initiés.

Le flou persistant entre les notions de similitude et d'homologie a déjà été souligné [1], ainsi que les répercussions que ce flou entretenu peut avoir sur notre raisonnement. Il nous semble que les exemples suivants devraient permettre de clarifier encore dans nos esprits, puisqu'il semble qu'il en soit besoin, la différence entre ces deux notions.

Au sens des paléontologues, le mot homologue sert à désigner deux structures ayant une origine évolutive (ou embryologique) commune. La condition d'homologie est du type « vrai ou faux » : deux structures données sont homologues ou non (dérivent ou non d'une forme ancestrale commune), mais il n'est pas possible de définir de degrés d'homologie, ni surtout de pourcentages ! Le mot similitude a, quant à lui, une acception plus courante de ressem-

blance. Il existe bien évidemment des niveaux de ressemblance : des échelles de similitude, fondées par exemple sur la fraction d'acides aminés identiques, peuvent ainsi être définies.

La lecture récente d'un très bon ouvrage de Stephen Jay Gould [2] nous a inspiré les exemples suivants, qui permettent de mieux apprécier la différence de sens entre ces deux termes.

Le museau de l'ornithorynque (*Ornithorynchus anatinus*), comme chacun sait et comme l'illustre la *figure 1*, ressemble beaucoup au bec du canard (*Anas platyrhynchos*). Malgré ces similitudes évidentes, ces deux appendices ne peuvent pas être considérés comme homologues, puisqu'ils ne procèdent pas d'une origine évolutive commune. Le museau de l'ornithorynque étant une adaptation de mâchoire de mammifère, il n'est pas un simple « organe dur, inerte et corné » [2]. Il comporte par exemple des organes sensoriels extrêmement développés, parfaitement adaptés à la recherche de nourriture en milieu aquatique. En revanche, les poils de l'ornithorynque et les plumes de canard, ou encore la patte antérieure et l'aile, bien qu'ayant perdu toute ressemblance par évolution divergente, sont des structures qui ont dérivé d'ancêtres communs, et sont donc des organisations que l'on doit estimer comme étant homologues. Des ressemblances entre deux séquences (d'acides nucléiques ou

de protéines) mesurables (on peut définir un niveau de similitude et parler de pourcentage de résidus identiques) suggèrent une origine évolutive commune qu'il peut être intéressant de rechercher. En effet, selon la conception la plus répandue des mécanismes moléculaires de l'évolution, l'adaptation de nouveaux gènes s'effectue par duplication, mutation, réarrangement, etc. d'un très petit nombre de gènes ancestraux. Une telle hypothèse suppose que des séquences homologues retiennent pendant un temps assez long des ressemblances mesurables, et réciproquement suggère que des séquences similaires possèdent une origine évolutive commune.

La théorie de la création continue de nouveaux gènes (par la traduction de phases de lectures auparavant inutilisées) implique qu'à l'existence d'un nombre restreint de séquences ancestrales se surajoutent des gènes d'apparition récente, et a pour corollaire que des similitudes structurelles peuvent tout aussi bien refléter un phénomène d'évolution convergente [3] (les paléontologues parleraient alors de structures analogues). De fait, de tels phénomènes de convergence ont pu être mis en évidence dans le cas d'un petit nombre de gènes [4, 5].

Dans tous les cas, la démonstration formelle de l'existence d'une homologie entre deux séquences nécessiterait de pouvoir étudier, au niveau moléculaire, tout un arbre

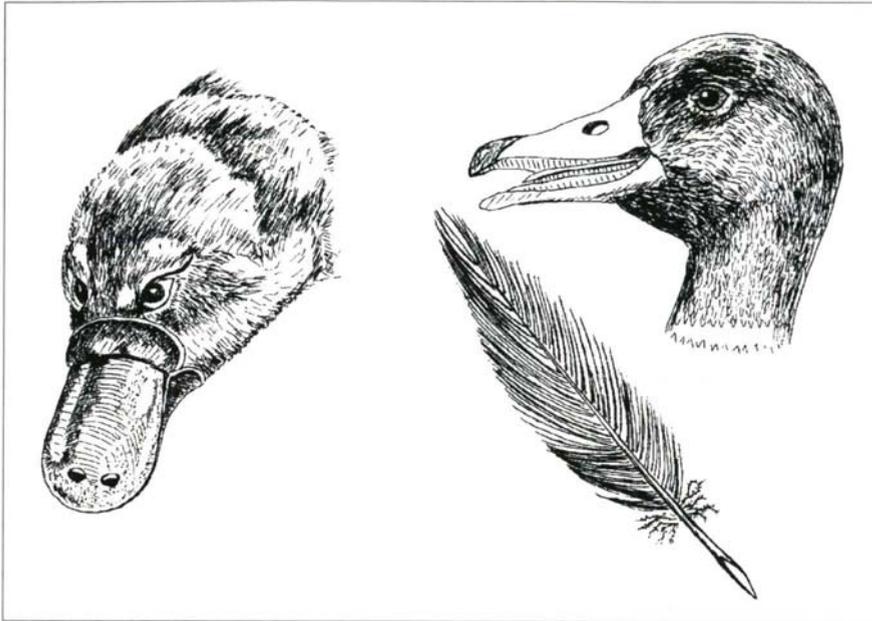


Figure 1.

phylogénétique. Malheureusement, même si les techniques permettent maintenant de cloner et d'analyser des fragments d'acides nucléiques provenant d'animaux fossiles datant de plus de cent millions d'années [6-8], et même si certains auteurs envisagent dans un futur indéterminé (mais tout de même assez proche !) le clonage de génomes entiers d'animaux disparus [9], la notion d'homologie entre deux séquences reste dans la plupart des cas une hypothèse, intéressante certes, mais bien difficile à démontrer. En l'absence d'une telle démonstration, force est de rester prudent quant à la terminologie employée.

Enfermés dans notre *Genomic Park*, nous avons pris la fâcheuse habitude de confondre similitude et homologie, et par là de prendre une simple hypothèse pour un fait avéré. Comme l'ont souligné d'autres auteurs [1, 10], une terminologie, quelle qu'elle soit, ne sert pas uniquement à ranger dans des cases appropriées les faits et phénomènes naturels, mais est un outil puissant pour la manipulation de concepts. La confusion existant

entre les notions de ressemblance (similitude) et de descendance (homologie) conduit à des raisonnements potentiellement erronés. Les exemples présentés ici devraient permettre de clarifier les différences fondamentales existant entre similitude et homologie ■

#### Remerciements

Un grand merci à L. « Mamette » Coulier pour ses illustrations.

#### \* DÉFINITIONS [11] \*

**Canard** : oiseau aquatique palmipède.  
**Homologue** : se dit des organes d'espèces et de groupes différents qui ont la même origine embryologique.  
**Ornithorynque** : mammifère ovipare (monotrème) d'Australie.  
**Similitude** : rapport qui unit des choses semblables.

#### TIRÉS A PART

F. Coulier.

#### RÉFÉRENCES

1. Reeck GR, de Haën C, Teller DC, *et al.* « Homology » in proteins and nucleic acids: a terminology muddle and a way out of it. *Cell* 1987; 50: 667.
2. Gould SJ. *La foire aux dinosaures. Réflexions sur l'histoire naturelle.* Paris: Seuil, 1993.
3. Keese PK, Gibbs A. Origins of genes: « big bang » or continuous creation? *Proc Natl Acad Sci USA* 1992; 89: 9489-93.
4. Bork P, Sander C, Valencia A. Convergent evolution of similar enzymatic function on different protein folds: the hexokinase, ribokinase, and galactokinase families of sugar kinases. *Protein Sci* 1993; 2: 31-40.
5. Goodson HV, Spudich JA. Molecular evolution of the myosin family: relationships derived from comparisons of amino acid sequences. *Proc Natl Acad Sci USA* 1993; 90: 659-63.
6. Cano RJ, Poinar HN, Pieniazek NJ, Acra A, Poinar GO Jr. Amplification and sequencing of DNA from a 120-135 million-year-old weevil. *Nature* 1993; 363: 536-8.
7. Reid REH. Dinosaur blood cells rediscovered. *Nature* 1993; 366: 24.
8. Morell V. Dino DNA: the hunt and the hype. *Science* 1993; 261: 160-2.
9. Crichton M. *Jurassic park.* New York: Ballantine Books, 1991.
10. Brosius J, Gould SJ. On « nomenclature »: a comprehensive (and respectful) taxonomy for pseudogenes and other « junk DNA ». *Proc Natl Acad Sci USA* 1992; 89: 10706-10.
11. *Le dictionnaire de notre temps.* Paris: Hachette, 1991.

#### Charles Coulier

Docteur de 3<sup>e</sup> cycle, membre de la section scientifique du spéléo club aubagno-toulousain. Lotissement du Cannel, 19, avenue Frédéric-Mistral, 13360 Roquevaire, France.

#### Daniel Birnbaum

Directeur de recherche à l'Inserm.

#### François Coulier

Chargé de recherche à l'Inserm, membre de la section scientifique du spéléo club aubagno-toulousain. Inserm U.119, Laboratoire d'oncologie moléculaire, 27, boulevard Leï Roure, 13009 Marseille, France.